(19) Евразийское патентное ведомство

(11) 030619 (13) B1

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОМУ ПАТЕНТУ

(45) Дата публикации и выдачи патента
2018.09.28

(21) Номер заявки
201190326

(22) Дата подачи заявки
2010.06.08

(51) Int.Cl. ***A61K 38/48*** (2006.01) ***A61P 9/10*** (2006.01)
C07K 14/46 (2006.01) ***A61P 5/06*** (2006.01)
C12N 9/64 (2006.01) ***A61P 1/04*** (2006.01)
C07K 14/61 (2006.01) ***A61P 19/02*** (2006.01)
C07H 21/04 (2006.01) ***A61K 38/27*** (2006.01)
C12N 15/63 (2006.01) ***A61K 38/16*** (2006.01)
C12N 1/21 (2006.01) ***A61K 38/26*** (2006.01)
C12N 5/10 (2006.01) ***A61K 38/23*** (2006.01)
A61P 3/10 (2006.01) ***A61K 38/31*** (2006.01)
A61P 3/04 (2006.01) ***A61P 5/22*** (2006.01)
A61P 3/08 (2006.01) ***A61K 38/22*** (2006.01)
A61P 3/06 (2006.01) ***A61K 38/18*** (2006.01)
A61P 7/04 (2006.01) ***A61K 38/36*** (2006.01)
A61P 9/12 (2006.01)

(54) ГИБРИДНЫЙ БЕЛОК, ВКЛЮЧАЮЩИЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ГОРМОНА РОСТА И XTEN, СПОСОБ ЕГО ПОЛУЧЕНИЯ И ПРИМЕНЕНИЯ

(31) **61/185,112; 61/236,836; 61/280,955; 12/699,761; PCT/US2010/023106**
(32) **2009.06.08; 2009.08.25; 2009.11.10; 2010.02.03; 2010.02.03**
(33) **US**
(43) **2012.06.29**
(86) **PCT/US2010/037849**
(87) **WO 2010/144502 2010.12.16**

(71)(73) Заявитель и патентовладелец:
АМУНИКС ОПЕРЕЙТИНГ ИНК. (US)

(72) Изобретатель:
Шелленбергер Фолькер, Сильверман Джошуа, Стеммер Вилльям П., Ванг Чиа-Вей, Гитинг Натан, Клилэнд Джеффри Л., Спинк Бенджамин (US)

(74) Представитель:
Поликарпов А.В. (RU)

(56) US-A1-20090092582
US-A1-20040259775
WO-A2-2007103455
RU-A-2005122665

(57) Изобретение относится к гибридным белкам, включающим одну или более последовательностей гормона роста (ГР), связанных с одним или более удлиненными рекомбинантными полипептидами (XTEN), причем гибридный белок стимулирует продукцию IGF-1 у субъекта, имеет больший период полувыведения и меньшее сродство связывания с рецептором гормона роста. Также изобретение относится к выделенным нуклеиновым кислотам, кодирующим заявленные гибридные белки; векторам и клеткам-хозяевам, содержащим указанные нуклеиновые кислоты; способу получения заявленных гибридных белков, а также фармацевтической композиции, содержащей заявленные гибридные белки, и их применению в производстве лекарственного средства для лечения дефицита гормона роста, синдрома Тернера, синдрома Прадера-Вилли, хронической почечной недостаточности, задержки внутриутробного развития, идиопатической низкорослости, истощения, связанного со СПИД, ожирения, рассеянного склероза, фибромиалгии, болезни Крона, неспецифического язвенного колита, мышечной дистрофии, низкой мышечной массы и остеопороза, миокардиальной ишемии и низкой плотности костей.

030619 B1

030619 B1

Декларация относительно исследования, поддержанного государством

Данное изобретение было осуществлено при правительственной поддержке по гранту SBIR 2R44GM079873-02, присужденному Национальным институтом Здоровья. Правительство имеет определенные права на изобретение.

Перекрестные ссылки на родственные заявки

Заявка на данный патент испрашивает приоритет на основании предварительных заявок на патент США Сер. № 61/185112, поданной 8 июня 2009 г.; 61/236836, поданной 25 августа 2009 г.; и 61/280955, поданной 10 ноября 2009 г., заявки на патент США Сер. № 12/699761 и международной заявки на патент Сер. № PCT/US10/23106, обе поданы 3 февраля 2010 г., находящиеся на рассмотрении и включенные в данный документ в полном объеме путем ссылок.

Предшествующий уровень техники

Человеческий гормон роста (чГР) - это гормон, который принимает участие в регуляции человеческого роста и развития. Гормон роста (далее в настоящем документе ГР), также известный как соматотропин, относится к классу белковых гормонов, производимых и выделяемых соматотропными клетками переднего гипофиза. Секреция ГР стимулируется гормоном, высвобождающим гормон роста (ГВГР), продуцируемым гипоталамусом, и подавляется соматостатином. Этот гипофизарный гормон проявляет ряд биологических эффектов, включая среди прочих соматогенез, лактацию, активацию макрофагов, инсулиноподобный и диабетогенный эффекты (Chawla, R.K. (1983), Ann. Rev. Med. 34, 519; Edwards, C.K. et al. (1988), Science 239, 769; Thorner, M.O., et al. (1988), J. Clin. Invest. 81, 745). Человеческий гормон роста является членом семейства гомологичных гормонов, которое включает плацентарные лактогены, пролактины и другие генетические и видовые варианты ГР. ГР регулирует секрецию инсулиноподобного фактора роста (IGF-1, прежде известного как соматоденин С), среди других пептидных гормонов, известных в целом как соматоденины, которые ответственны за большую часть его биологической активности.

Ряд заболеваний и расстройств связаны с дефицитом ГР. Дефицит может быть врожденным, приобретенным в детстве или во взрослой жизни, и может быть частичным или полным. В некоторых случаях дефицит является преходящим, но обычно он носит постоянный характер, и может наблюдаться в сочетании с дефицитом других гипофизарных гормонов. Дефицит гормона роста у ребенка приводит к карликовости, недостатку роста или низкорослости. Дефицит у взрослых редок, а симптомы могут включать пониженную массу тела и низкую плотность костей, и ряд психологических симптомов. Другие гормональные или эндокринные расстройства часто совпадают с дефицитом гормона роста.

Стимуляция увеличения роста в детстве является наиболее широко известным эффектом ГР и проявляется благодаря функционированию по меньшей мере двух механизмов: ГР непосредственно стимулирует деление и размножение хондроцитов хряща, а также ГР стимулирует продукцию IGF-1. IGF-1 оказывает стимулирующий рост эффект на широкий спектр тканей. Дополнительный IGF-1 образуется внутри целевых тканей, по-видимому, и как эндокринный, так и аутокринный/паракринный гормон. IGF-1 также оказывает стимулирующий эффект на активность остеобластов и хондроцитов, способствуя росту костей.

Человеческий гормон роста (чГР) играет ключевую роль в соматическом росте благодаря его влиянию на метаболизм белков, углеводов и липидов. В дополнение к его влиянию на соматический рост чГР, как было показано, стимулирует кровяные клетки in vitro (Derfalvi et al., 1998; Merchav et al; 1988), увеличивает количество эритроцитов и гемоглобина (Valerio et al., 1997; Vihervuori et al., 1996), увеличивает как пролиферацию, так и продукцию Ig в плазме клеточных линий (Kimata and Yoshida, 1994) и стимулирует число $CD8^+$ клеток и, в меньшей степени, $CD4^+$ клеток (Geffher, 1997).

Пригодные для инъекций формы ГР введены в рыночный оборот для применения при дефиците ГР у детей и взрослых, синдроме Тернера, синдроме Прадера-Вилли и у детей, маленьких для гестационного возраста. Дополнительно, очевидна возможность его использования в борьбе со старением или за контроль над весом, так же как и для мобилизации клеток, способных к регенерации гематопоэза в периферической крови.

Молекулярный вес чГР, составляющий 22 кДа, заметно ниже пороговой величины примерно 70 кДа для почечной фильтрации (Caliceti (2003) Adv Drug Deliv Rev 55:1261-1277), что способствует тому, что у людей период полувыведения нативного чГР из сыворотки составляет менее 20 мин. Таким образом, коммерческие препараты чГР должны вводиться ежедневно, чтобы достичь клинического эффекта. Позволяющая сократить частоту инъекций (каждые 2 или 4 недели вместо ежедневных) форма с непрерывным высвобождением ГР, Нутропин Депо (Genentech и Alkermes), была одобрена FDA в 1999, однако в 2004 году выпуск этого продукта был прекращен.

Химические модификации терапевтического белка могут модифицировать уровень его клиренса in vivo и последующий период полувыведения из сыворотки. Одним из примеров распространенной модификации является добавление доли полиэтиленгликоля (ПЭГ), обычно присоединяемого к белку через альдегидную или N-гидроксисукцинимидную (NHS) группу ПЭГ, реагирующую с аминогруппой (т.е. лизиновой боковой цепи или N-концом). Однако этап конъюгации может привести к формированию гетерогенных смесей продуктов, требующих разделения, что ведет к значительной потере продукта и

сложности производства, и не обеспечивает получения химически-однородного продукта. Также если аминокислотные цепи поблизости от участка их соединения оказываются модифицированы процессом полиэтиленгликолизирования, то это может мешать фармакологической функции ГР. Другие подходы включают генетическое присоединение домена Fc к терапевтическому белку ГР. Конъюгация домена Fc увеличивает размер терапевтического белка, следовательно, сокращается уровень клиренса через почки. Дополнительно, домен Fc придает белку способность связываться с FcRn рецептором и рециркулировать из лизосом с его помощью, что приводит к увеличению фармакокинетического периода полувыведения. К сожалению, домен Fc не сворачивается эффективно во время рекомбинантной экспрессии и склонен к образованию нерастворимых осажденных форм, известных как тельца включения. Эта тельца включения должны быть солюбилизованы, и функциональный белок необходимо ренатурировать из неправильно свернутых агрегатов, что представляет собой отнимающий много времени, неэффективный и дорогой процесс. Следовательно, остается необходимость в соединениях гормона роста, которые могут увеличить период полувыведения и могут вводиться менее часто, но при этом более безопасны и менее сложны и дороги в производстве.

Краткое изложение сущности изобретения

В настоящем изобретении предложен гибридный белок, включающий одну или более последовательностей гормона роста (ГР), независимо выбранных из последовательности SEQ ID NO: 1 или последовательности, которая по меньшей мере на 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% идентична последовательности SEQ ID NO: 1, где указанная последовательность ГР присоединена к одной или более последовательностям удлиненного рекомбинантного полипептида (XTEN) из по меньшей мере 200 аминокислотных остатков, где XTEN отличается тем, что:

(а) одна или более последовательностей XTEN включают по меньшей мере 200 смежных аминокислот, которые идентичны по меньшей мере на 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% аминокислотной последовательности сопоставимой длины, выбранной из SEQ ID NO: 63-79;

(б) одна или более последовательностей XTEN лишены предсказанного Т-клеточного эпитопа по данным анализа с применением алгоритма TEPITOPE, где предсказание алгоритма TEPITOPE относительно эпитопов внутри последовательности XTEN основано на величине балла -6 или более;

(в) имеет балл субпоследовательности, как определено в описании, менее чем 10; и

(г) сумма остатков глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутамата (E) и пролина (P) составляет более чем 90% от общего числа аминокислотных остатков XTEN;

где гибридный белок стимулирует продукцию IGF-1 у субъекта, имеет более продолжительный конечный период полувыведения при введении субъекту по сравнению с соответствующим ГР, не имеющим XTEN, при введении субъекту в сопоставимой молярной дозе, и

сродство связывания гибридного белка с рецептором гормона роста уменьшено по сравнению со сродством связывания соответствующего ГР, не имеющего XTEN.

В одном воплощении гибридный белок включает несколько последовательностей XTEN, и где гибридный белок принимает множественные конфигурации XTEN, представляющие собой XTEN-ГР-XTEN, ГР-XTEN-XTEN, XTEN-XTEN-ГР, XTEN-ГР-XTEN-XTEN, XTEN-XTEN-ГР-XTEN, ГР-XTEN-ГР-XTEN, XTEN-ГР-XTEN-ГР, XTEN-XTEN-ГР-XTEN-ГР, XTEN-XTEN-ГР-ГР, ГР-XTEN-XTEN-ГР, ГР-ГР-XTEN-XTEN, ГР-ГР-XTEN-XTEN-ГР или ГР-XTEN-ГР-XTEN-ГР.

В другом воплощении последовательность ГР и XTEN связаны через спейсерную последовательность, содержащую от 1 до 50 аминокислотных остатков.

В одном воплощении спейсерная последовательность включает расщепляемую последовательность.

В другом воплощении XTEN слит с гормоном роста по С- или N-концу гормона роста.

В другом воплощении гибридный белок включает XTEN, выбранный из группы, состоящей из SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 63 и SEQ ID NO: 71.

В еще одном воплощении гибридный белок включает аминокислотную последовательность, идентичную по меньшей мере на 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% аминокислотной последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 689, SEQ ID NO: 695, SEQ ID NO: 697, SEQ ID NO: 757 и SEQ ID NO: 791.

В другом воплощении гибридный белок включает аминокислотную последовательность, выбранную из SEQ ID NO: 689, SEQ ID NO: 695, SEQ ID NO: 697, SEQ ID NO: 757 и SEQ ID NO: 791.

В другом воплощении гибридный белок включает аминокислотную последовательность, идентичную по меньшей мере на 90% аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 757.

В другом воплощении гибридный белок включает аминокислотную последовательность, идентичную по меньшей мере на 99% аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 757.

В еще одном воплощении гибридный белок включает аминокислотную последовательность SEQ ID NO: 757.

В другом воплощении гибридный белок включает аминокислотную последовательность, кодируемую нуклеиновой кислотой, идентичной по меньшей мере на 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% последовательности нуклеиновой кислоты, выбранной из SEQ ID NO: 670, 672, 674, 676, 678, 680, 682, 684, 686, 688, 690, 692, 694, 696, 698, 700, 702, 704, 706, 708, 710, 712, 714, 716, 718, 720, 722, 724, 726,

728, 730, 732, 734, 736, 738, 740, 742, 744, 746, 748, 750, 752, 754, 756, 758, 760, 762, 764, 766, 768, 770, 772, 774, 776, 778, 780, 782, 784, 786, 788, 790, 792, 794 и 796.

В другом воплощении нуклеиновая кислота выбрана из SEQ ID NO: 690, SEQ ID NO: 696, SEQ ID NO: 698, SEQ ID NO: 758 и SEQ ID NO: 792.

В другом воплощении нуклеиновая кислота представляет собой SEQ ID NO: 758.

Изобретение также включает гибридный белок, включающий аминокислотную последовательность, идентичную по меньшей мере на 90% последовательности SEQ ID NO: 1 гормона роста человека, присоединенную к последовательности удлиненного рекомбинантного полипептида XTEN, идентичной по меньшей мере на 90% последовательности SEQ ID NO: 75, где гибридный белок стимулирует продукцию IGF-1 у субъекта, имеет более продолжительный конечный период полувыведения при введении субъекту по сравнению с соответствующим ГР, не имеющим XTEN, при введении субъекту в сопоставимой молярной дозе, и сродство связывания гибридного белка с рецептором гормона роста уменьшено по сравнению со сродством связывания соответствующего ГР, не имеющего XTEN.

В одном воплощении указанная последовательность XTEN идентична по меньшей мере на 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% последовательности SEQ ID NO: 75.

В другом воплощении указанная последовательность XTEN идентична по меньшей мере на 99% последовательности SEQ ID NO: 75.

В другом воплощении указанная последовательность XTEN включает аминокислотную последовательность SEQ ID NO: 75.

В одном воплощении изобретение относится к гибридному белку, где сродство связывания уменьшено по меньшей мере в 10 раз.

В другом воплощении гибридный белок отличается тем, что:

(1) когда меньшее молярное количество гибридного белка вводят субъекту по сравнению с соответствующим ГР, не имеющим XTEN, гибридный белок достигает сопоставимого терапевтического эффекта, что и соответствующий ГР, не имеющий XTEN; и

(2) когда гибридный белок вводят субъекту менее часто по сравнению с соответствующим ГР, не имеющим XTEN, который введен субъекту в ином эквивалентном молярном количестве, гибридный белок достигает сопоставимого терапевтического эффекта, что и соответствующий ГР, не имеющий XTEN.

В изобретении также предложена нуклеиновая кислота, кодирующая заявленный гибридный белок, где нуклеиновая кислота по меньшей мере на 90% идентична последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 670, 672, 674, 676, 678, 680, 682, 684, 686, 688, 690, 692, 694, 696, 698, 700, 702, 704, 706, 708, 710, 712, 714, 716, 718, 720, 722, 724, 726, 728, 730, 732, 734, 736, 738, 740, 742, 744, 746, 748, 750, 752, 754, 756, 758, 760, 762, 764, 766, 768, 770, 772, 774, 776, 778, 780, 782, 784, 786, 788, 790, 792, 794 и 796, или комплементарна ей.

В одном воплощении нуклеиновая кислота идентична по меньшей мере на 90% последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 690, SEQ ID NO: 696, SEQ ID NO: 698, SEQ ID NO: 758 и SEQ ID NO: 792.

В другом воплощении нуклеиновая кислота идентична по меньшей мере на 90% последовательности SEQ ID NO: 758.

В другом воплощении нуклеиновая кислота включает последовательность SEQ ID NO: 758.

В изобретении далее предложен способ получения заявленного гибридного белка, включающего ГР, слитый с одним или более удлиненным рекомбинантным полипептидом XTEN, включающий:

(а) предоставление клетки-хозяина, включающей нуклеиновую кислоту по любому из пп.21-24;

(б) культивирование указанной клетки-хозяина при условиях, обеспечивающих экспрессию гибридного белка; и

(в) выделение гибридного белка.

В одном воплощении способа один или более XTEN экспрессируемого гибридного белка идентичны по меньшей мере на 90% последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 63-79.

В другом воплощении способа нуклеиновая кислота, кодирующая гибридный белок, идентична по меньшей мере на 90% последовательности нуклеиновой кислоты, выбранной из SEQ ID NO: 670, 672, 674, 676, 678, 680, 682, 684, 686, 688, 690, 692, 694, 696, 698, 700, 702, 704, 706, 708, 710, 712, 714, 716, 718, 720, 722, 724, 726, 728, 730, 732, 734, 736, 738, 740, 742, 744, 746, 748, 750, 752, 754, 756, 758, 760, 762, 764, 766, 768, 770, 772, 774, 776, 778, 780, 782, 784, 786, 788, 790, 792, 794, 796, 798, 800, 802, 804, 806, 808, 810, 812, 814, 816, 818, 820, 822, 824, 826, 828, 830, 832, 834, 836, 838, 840, 842 и 844.

В другом воплощении способа нуклеиновая кислота представляет собой SEQ ID NO: 758.

В еще одном воплощении способа клетка-хозяин представляет собой прокариотическую клетку.

В другом воплощении способа гибридный белок получают из цитоплазмы клетки-хозяина в растворимой форме.

Изобретение также относится к гибридному белку, полученному описанным выше способом, где нуклеиновая кислота включает (1) последовательность нуклеиновой кислоты, идентичную по меньшей мере на 90% последовательности SEQ ID NO: 758; (2) последовательность нуклеиновой кислоты, идентичную по меньшей мере на 95% последовательности SEQ ID NO: 758; или (3) SEQ ID NO: 758.

Далее изобретение относится к нуклеиновой кислоте, включающей нуклеотидную последовательность, кодирующую заявленный гибридный белок, или комплементарную ей.

Изобретение также включает экспрессионный вектор, включающий любую из заявленных нуклеиновых кислот.

Изобретение также относится к выделенной клетке-хозяину, включающей любую из заявленных нуклеиновых кислот.

Изобретение далее относится к применению заявленного гибридного белка, в производстве лекарственного средства для лечения дефицита гормона роста, синдрома Тернера, синдрома Прадера-Вилли, хронической почечной недостаточности, задержки внутриутробного развития, идиопатической низкорослости, истощения, связанного со СПИД, ожирения, рассеянного склероза, фибромиалгии, болезни Крона, неспецифического язвенного колита, мышечной дистрофии, низкой мышечной массы и остеопороза, миокардиальной ишемии, низкой плотности костей.

Кроме того, изобретение относится к фармацевтической композиции, содержащей терапевтически эффективное количество заявленного гибридного белка, и фармацевтически приемлемый носитель, для лечения дефицита гормона роста, синдрома Тернера, синдрома Прадера-Вилли, хронической почечной недостаточности, задержки внутриутробного развития, идиопатической низкорослости, истощения, связанного со СПИД, ожирения, рассеянного склероза, фибромиалгии, болезни Крона, неспецифического язвенного колита, мышечной дистрофии, низкой мышечной массы и остеопороза, миокардиальной ишемии, низкой плотности костей.

Включение путем ссылки

Все публикации, патенты и заявки на патенты, упомянутые в этом описании, включены в настоящий документ путем ссылок на них. Все публикации, патенты и заявки на патенты, упоминаемые в этом описании, включены в настоящий документ путем ссылок в том объеме, в каком это указано для каждой отдельной публикации, патента или заявки на патент.

Краткое описание графических материалов

Признаки и преимущества изобретения могут быть далее разъяснены путем ссылки на дальнейшее подробное описание и сопровождающие графические материалы, которые далее представляют иллюстративные воплощения.

На фиг. 1 показаны схематические изображения примеров гибридного белка ГР-XTEN (фиг. 1A-H), все изображены в ориентации от N- к С-концу. На фиг. 1A показаны две различных конфигурации гибридного белка ГР-XTEN (100), каждый включает одиночный гормон роста (ГР) и XTEN, в первом из которых молекула XTEN (102) присоединена к С-концу ГР (103), и второй, в котором молекула XTEN присоединена к N-концу ГР (103). На фиг. 1B показаны две различных конфигурации гибридного белка ГР-XTEN (100), каждая включает одиночный ГР, спейсерную последовательность и XTEN, в первой из которых молекула XTEN (102) присоединена к С-концу спейсерной последовательности (104), и спейсерная последовательность присоединена к С-концу ГР (103), и вторая, в которой молекула XTEN присоединена к N-концу спейсерной последовательности (104), и спейсерная последовательность присоединена к N-концу ГР (103). На фиг. 1C показаны две различные конфигурации гибридных белков ГР-XTEN (101), каждый включает две молекулы одиночного ГР и одну молекулу XTEN, в первой конфигурации XTEN присоединен к С-концу первого ГР, и этот ГР присоединен к С-концу второго ГР, и вторая конфигурация находится в обратной ориентации, в которой XTEN связан с N-концом первого ГР, и этот ГР связан с N-концом второго ГР. На фиг. 1D показаны две различные конфигурации гибридного белка ГР-XTEN (101), каждая включает две молекулы одиночного ГР, спейсерную последовательность и одну молекулу XTEN, в первой из которых XTEN присоединен к С-концу спейсерной последовательности, и спейсерная последовательность присоединена к С-концу первого ГР, который связан с С-концом второго ГР, и вторая из которых имеет обратную ориентацию, в которой XTEN присоединен к N-концу спейсерной последовательности, и спейсерная последовательность присоединена к N-концу первого ГР, этот ГР связан с N-концом второго ГР. На фиг. 1E показаны две различные конфигурации гибридных белков ГР-XTEN (101), каждая включает две молекулы одиночного ГР, спейсерную последовательность и одну молекулу XTEN, в первой из которых XTEN присоединен к С-концу первого ГР, и первый ГР присоединен к С-концу спейсерной последовательности, которая связана с С-концом второй молекулы ГР, и вторая из которых имеет обратную конфигурацию, где XTEN присоединен к N-концу первого ГР, который присоединен к N-концу спейсерной последовательности, которая, в свою очередь, присоединена к N-концу второй молекулы ГР. На фиг. 1F показана конфигурация гибридного белка ГР-XTEN (105), которая включает одну молекулу ГР и две молекулы XTEN, присоединенные к N-концу и С-концу ГР. На фиг. 1G показана конфигурация (106) одиночного ГР, присоединенного к двум XTEN, в которой второй XTEN отделен от ГР спейсерной последовательностью. На фиг. 1H показана конфигурация (106) двух ГР, присоединенных к двум XTEN, где второй XTEN присоединен к С-концу первого ГР, и N-концу второго ГР, который является С-концом ГР-XTEN.

На фиг. 2 представлена схематическая иллюстрация примерной конструкции полинуклеотида (фиг. 2A-H) генов ГР-XTEN, кодирующих соответствующий полипептид ГР-XTEN фиг. 1; все изображено в ориентации от 5' к 3'. В этих иллюстративных примерах гены кодируют гибридные белки ГР-XTEN с

одним ГР и XTEN (200); или одним ГР, одной спейсерной последовательностью и одним XTEN (200); двумя ГР и одним XTEN (201); или двумя ГР, спейсерной последовательностью и одним XTEN (201); одним ГР и двумя XTEN (205); или двумя ГР и двумя XTEN (206). На этих изображениях полинуклеотиды кодируют следующие компоненты: XTEN (202), ГР (203) и спейсерные аминокислоты, которые могут быть включены в расщепляемую последовательность(204), все последовательности соединены во фрейм.

Фиг. 3 является схематической иллюстрацией двух примеров мономерных ГР-XTEN и способности мономерных гибридных белков связываться с целевым рецептором на клеточной поверхности, с последующим клеточным сигналом. На фиг. 3A показан гибридный белок ГР-XTEN (100), состоящий из ГР (103) и XTEN (102), и второй гибридный белок ГР-XTEN (105), состоящий из ГР, присоединенного к двум XTEN (105). На фиг. 3B показано взаимодействие ГР-XTEN с ГР на С-конце (100) и ГР-XTEN с XTEN на С-конце (105) с целевыми рецепторами (108) к ГР на поверхности клетки (107). В этом случае связывание с рецептором с высоким сродством проявляется, когда ГР имеет свободный С-конец, в то время как ГР-XTEN с С-концевым XTEN не образует тесной связи с рецептором, и высвобождается, как показано на фиг. 3C. Фиг. 3D показывает, что связанный ГР-XTEN (100) с высоким сродством к рецептору остается с ним связанным (106) и интернализуется в эндосому (110) в клетке, иллюстрируя рецептор-опосредованный клиренс связанного ГР и переключение клеточного сигнала (109), что показано штриховкой цитоплазмы.

На фиг. 4 представлена блок-схема типичных этапов сборки, продукции и оценки XTEN.

На фиг. 5 представлена блок-схема типичных этапов сборки полинуклеотидной конструкции ГР-XTEN, кодирующей гибридный белок. Индивидуальные олигонуклеотиды 501 соединены в мотивы последовательности 502, такие как мотив из 12 аминокислот ("12-мер"), который последовательно лигирован с олигонуклеотидом, содержащим сайты рестрикции BbsI и KpnI 503. Дополнительные мотивы последовательности из библиотеки присоединяются к 12-меру, пока не будет достигнута желательная длина гена XTEN 504. Ген XTEN клонируется в спейсерном векторе. Вектор кодирует флаговую последовательность 506, за которой идет стоп-последовательность, фланкированная сайтами BsaI, BbsI, and KpnI 507 и эксендин-4 геном 508, результатом чего является ген 500, кодирующий гибридный белок XTEN-ГР.

На фиг. 6 представлена блок-схема типичных этапов сборки гена, кодирующего гибридный белок, включающий гормон роста (ГР) и XTEN, его экспрессии и получения в виде гибридного белка, и его оценки в качестве возможного ГР-XTEN продукта.

На фиг. 7 представлено схематическое изображение образцов экспрессионных векторов ГР-XTEN с различными стратегиями процессинга. На фиг. 7A показан пример экспрессионного вектора, кодирующего XTEN, присоединенного к 3'-концу последовательности, кодирующей ГР. Внимание обращается на то, что в этом векторе не требуется добавочная лидерная последовательность. На фиг. 7B показан экспрессионный вектор, кодирующий XTEN, присоединенный к 5-концу последовательности, кодирующей ГР, с лидерной последовательностью CBD и протеазным сайтом TEV. На фиг. 7 C изображен экспрессионный вектор, как на фиг. 7B, где CBD и процессинговый сайт TEV замещены оптимизированной N-концевой лидерной последовательностью (NTS). На фиг. 7D изображен экспрессионный вектор, кодирующий последовательность NTS, XTEN, последовательность, кодирующую ГР, и затем вторую последовательность, кодирующую XTEN.

На фиг. 8 представлено схематическое изображение пошаговой конструкции генов ГР-XTEN, которые содержат кодирующие последовательности N-концевого XTEN, присоединенные к чГР, и последующего соединения с последовательностями, кодирующими 144 или 288 XTEN, присоединенными к С-концу XTEN, как описано в примере 22.

На фиг. 9 показаны результаты экспрессионных проб для индикации конструкций, включающих последовательности GFP и XTEN. Экспрессионные культуры тестируют, используя флуоресцентный ридер (возбуждение 395 нм эмиссия 510 нм), чтобы определить присутствующее количество репортера GFP. Результаты, представленные в виде прямоугольников с линиями, указывают на то, что пока медианный уровень экспрессии составлял примерно половину от уровня экспрессии относительно "benchmark" CBD N-концевого хелперного домена, лучшие клоны из библиотеки были гораздо ближе к меткам, что указывает на то, что дальнейшая оптимизация вокруг этих последовательностей была обеспечена. Результаты также показывают, что библиотеки, начинающиеся с аминокислот MA, имеют лучшие уровни экспрессии, чем начинающиеся с ME (см. пример 14).

На фиг. 10 показаны три рандомизированные библиотеки, используемые для третьего и четвертого кодонов в N-концевой последовательности клонов из LCW546, LCW547 и LCW552. Библиотеки созданы с третьим и четвертым остатками, модифицированными таким образом, чтобы все комбинации допустимых кодонов XTEN были представлены в тех позициях, как это показано. Чтобы включить все допустимые кодоны XTEN в каждую библиотеку, были созданы девять пар олигонуклеотидов, кодирующих 12 аминокислот, с разнообразием кодонов третьего и четвертого остатков, соединены и лигированы в расщепленный рестрикционным ферментом NdeI/BsaI вставочный вектор pCW0551 (Stuffer-XTEN_AM875-GFP), и трансформированы в E.coli BL21Gold(DE3), компетентные клетки для получения колоний трех библиотек LCW0569, LCW0570 и LCW0571.

На фиг. 11 показана гистограмма повторного анализа первых 75 клонов после этапа оптимизации, как описано в примере 15, для флуоресцентного сигнала GFP относительно метки конструкции CBD_AM875. Результаты указывают на то, что некоторые клоны превосходят клоны метки.

На фиг. 12 представлено схематическое изображение комбинаторного подхода, принятого для объединения предпочтений по оптимизации кодонов для двух регионов N-концевых 48 аминокислот. Этот подход создает новые 48-меры на N-конце белка XTEN для достижения оптимизации экспрессии, что приводит к лидерным последовательностям, которые могут быть решением для экспрессии белка XTEN, где XTEN является N-концевым относительно ГР.

На фиг. 13 показаны данные электрофореза в полиакриламидном геле в присутствии додецилсульфата натрия (SDS-PAGE) предпочтительных клонов, полученных при экспериментах по оптимизации N-концевого кодона XTEN, по сравнению с клонами benchmark XTEN, включающими лидерную последовательность CBD на N-конце сконструированных последовательностей, как описано в примере 17.

На фиг. 14 показаны результаты SDS-PAGE образцов изучения стабильности гибридного белка XTEN_AE864, присоединенного к N-концу GFP (см. пример 39). GFP-XTEN был инкубирован в плазме макак и лизате почек крыс вплоть до 7 дней при 37°C. В дополнение, был также исследован GFP-XTEN, введенный макакам. Образцы отбирали в 1 и 7 дни и анализировали путем SDS-PAGE с последующим Вестерн-блоттингом и детекцией с антителами к GFP.

На фиг. 15 показаны результаты теста по связыванию с рецептором для чГР, в котором активность связывания чГР, слитого с полипептидом K288, сравнивается с активностью свободного чГР, как описано в примере 25.

На фиг. 16 показаны результаты определения in vitro степени сродства чГР-AM864 (кружки) и AM864-чГР (перевернутые треугольники) к чГР-Fc, как описано в примере 25. Немодифицированный рекомбинантный чГР (квадраты) показан для сравнения.

На фиг. 17 показано влияние тепловой обработки на стабильность чГР и AM864-чГР, как описано в примере 26. На фиг. 17A представлены два препарата на геле SDS-PAGE, обработанные при температурах 25 и 80°C в течение 15 мин, в то время как на фиг. 17B показан соответствующий процент активности связывания с рецептором образца, выдержанного при 80°C относительно обработанного при 25°C, указывающий на то, что XTEN придает стойкость к нагреванию и сохранение активности чГР и гибридному белку ГР-XTEN.

На фиг. 18 показаны результаты иммуноферментного анализа ELISA по определению способности добавления C-концевого XTEN уменьшать сродство ГР-XTEN к связыванию с рецептором ГР, как описано в примере 25.

На фиг. 19 показаны результаты SDS-PAGE анализа чГР, слитого с K288, с образцами, прошедшими процесс очистки, как показано в примере 19.

На фиг. 20 показаны результаты SDS-PAGE анализа 5 мкг белка чГР, слитого с Y576 в конфигурациях чГР-Y576 и Y576-чГР, прошедшего финальную очистку, подвергнутого как несокращенной, так и сокращенной процедуре SDS-PAGE, как описано в примере 24, используя NuPAGE 4-12% бис-трис гель, производство Invitrogen, согласно указаниям производителя.

На фиг. 21 показаны профили эксклюзионной хроматографии двух конструкций ГР-XTEN Y576-ГР и чГР-Y576 (от N- к C-концу), показанные в виде наложения, как описано в примере 24.

На фиг. 22 показан фармакокинетический профиль двух конструкций ГР-XTEN Y576-ГР и чГР-Y576 (от N- к C-концу), после внутривенного введения макакам, как описано в примере 30. Результаты показывают, что ориентация (N- против C-концевой) чГР относительно XTEN не оказывает влияния на клиренс гибридного белка.

На фиг. 23 показан фармакокинетический профиль после единичной дозы 5 мг/кг AM864-чГР, введенной подкожно макакам, с показом жирной линией возникающей эквивалентной концентрации чГР, как описано в примере 30. Период полувыведения был рассчитан с помощью WinNonLin, используя одиночную подходящую ячейку, и составил 33 ч.

На фиг. 24 показаны результаты секреции IGF-1 макаками в ответ на введение чГР или ГР-XTEN AM864-чГР в указанных дозах, как описано в примере 27.

На фиг. 25 показан эффект введения чГР или AM864-чГР в указанных дозах на вес тела гипоксированных крыс, как описано в примере 28. Результаты показывают сохранение биологической активности конструкций ГР-XTEN, которые эквивалентны по эффективности чГР, только с меньшей частотой дозирования.

На фиг. 26 показаны в сравнении эффекты введения плацебо, чГР и AM864-чГР на рост хряща эпифизарных пластин большеберцовой кости гипоксированных крыс, показанные в гистологических срезах большеберцовой кости спустя 9 дней после применения, как описано примере 29.

На фиг. 27 показаны фармакокинетические результаты четырех гибридных белков чГР ГР-XTEN, введенных крысам подкожным путем, в сопоставлении с немодифицированным рекомбинантным чГР, как описано в примере 31.

На фиг. 28 показаны профили концентрации трех конструкций чГР XTEN после подкожного введения макакам, как описано в примере 32.

На фиг. 29 показаны результаты фармакокинетического исследования трех уровней дозирования ГР-XTEN AE912-чГР-AE144, введенного самцу и самке макак SC в дозах 0,3 (открытые кружки), 1,5 (квадраты) и 7,5 мг/кг (треугольники), как описано в примере 33.

На фиг. 30 показаны результаты уровней IGF-1, возникших в ответ на введение ГРАЕ 144, как описано в примере 33 (некоторые группы на фиг. 29).

На фиг. 31 показаны результаты эксперимента по сравнению биодоступности ГР-XTEN AE912-чГР-AE144, введенного тремя различными путями, как описано в примере 34. AE912-чГР-AE144 был введен самцу и самке макак SC в дозе 1,5 мг/кг внутривенным (треугольники), подкожным (открытые кружки) и внутримышечным (квадраты) путями, концентрации ГР-XTEN в плазме показаны на фигуре.

На фиг. 32 показаны эффекты введения носителя (открытые кружки), рекомбинантного чГР в дозе 5 нмоль/кг/день (закрытые кружки), ГР-XTEN AE912-чГР-AE144 в различных дозах и частоту дозирования (закрытые треугольники = 0,5 нмоль/кг/день; открытые треугольники = 1,5 нмоль/день; квадраты = 3 нмоль/кг/Q2D) на вес тела гипоксированных крыс, как описано в примере 35.

На фиг. 33 показаны результаты модельной проекции способности чГР или ГР-XTEN поддерживать уровни в крови гипоксированных крыс в пределах терапевтического окна, основываясь на результатах, полученных из данных, отображенных на фиг. 32, с использованием одинаковых групп дозирования.

На фиг. 34 показаны результаты эксклюзионной хроматографии конструкции глюкагон-XTEN, измерение образцов осуществлялось по отношению к белковому стандарту известного молекулярного веса, с выходом на график, где абсорбция противопоставляется объему удержания, как описано в примере 37. Конструкции глюкагон-XTEN представляют собой: 1) глюкагон-Y288; 2) глюкагон Y-144; 3) глюкагон-Y72; и 14) глюкагон-Y36. Результаты указывают на увеличение кажущегося молекулярного веса с увеличением длины, приходящейся на долю XTEN.

На фиг. 35 показан фармакокинетический профиль (концентрации в плазме) в организме макак после одиночных доз различных композиций GFP, связанных с лишенными структуры полипептидами различной длины, вводимых подкожно или внутривенно, как описано в примере 38. Композиции были представлены GFP-L288, GFP-L576, GFP-XTEN_AF576, GFP-Y576 и XTEN_AD836-GFP. Образцы крови анализировали через разные промежутки времени после инъекции и определяли концентрацию GFP в плазме методом иммуноферментного анализа ELISA, используя поликлональное антитело против GFP для захвата и подготовки аналогичного поликлонального антитела для детекции. Результаты представлены в виде концентрации в плазме относительно времени(h) после дозирования и показывают, в частности, существенное увеличение периода полувыведения XTEN_AD836-GFP, композиции с наибольшей длиной последовательности XTEN. Конструкция с наиболее короткой длиной последовательности, GFP-L288 имеет наиболее краткий период полувыведения.

На фиг. 36 показано аллометрическое масштабирование результатов предсказания отклика человеческого организма на Ex4-XTEN_AE864, основанное на измеренных результатах для четырех видов животных, т.е. мышей, крыс, обезьян макак и собак. На фиг. 36A показан измеренный период полувыведения в зависимости от массы тела, с предсказанным T1/2 в человеческом организме, составляющим 139 ч. На фиг. 36B показан измеренный клиренс лекарственные средства против массы тела, с предсказанным уровнем клиренса для человека 30 мл/ч. На фиг. 36C показан измеренный объем распределения против массы тела, с предсказанной величиной для человека 5970 мл.

На фиг. 37 показан близкий к УФ-спектр кругового дихроизма Ex4-XTEN_AE864, полученный, как описано в примере 42.

Подробное описание изобретения

Перед описанием воплощений изобретения необходимо понять, что такие воплощения предусмотрены только как пример, и различные альтернативы к воплощениям изобретения, описанным в настоящем документе, могут быть использованы в процессе практического применения изобретения. Различные вариации, изменения и замены не будут теперь для специалистов отклонением от изобретения.

Если не определено иначе, все технические и научные термины, используемые в настоящем документе, имеют то же значение, в каком их обычно понимают обычные специалисты в области, к которой относится данное изобретение. Хотя способы и материалы, сходные или эквивалентные тем, которые описаны в настоящем документе, могут быть использованы при реализации или тестировании настоящего изобретения, подходящие способы и материалы описаны ниже. В случае конфликта, описание изобретения, включая определения, будет являться контролем. Дополнительно, материалы, способы, и примеры носят исключительно иллюстративный характер, без намерения ограничения. Многочисленные вариации, изменения и замены не будут теперь для специалистов отклонением от изобретения.

Определения

Используемые в настоящем документе следующие термины имеют значение, приписываемо им, в случае, если специально не оговорено иное.

Используемые в описании и формуле, формы единственного числа "один", "одна", "одно" включают ссылки на множественное число, в том случае, если контекст ясно не диктует иное. Например, термин "клетка" включает множество клеток, включая их смесь.

Термины "полипептид", "пептид" и "белок" используются в настоящем документе взаимозаменяе-

мым образом, применительно к полимерам аминокислот любой длины. Полимер может быть линейным или разветвленным, может включать модифицированные аминокислоты и может прерываться отличными от аминокислот соединениями. Термины также охватывают полимеры аминокислот, модифицированные путем, например, гликозилирования, липидизации, ацетилирования, фосфорилирования или любых других манипуляций, таких как конъюгация с маркирующим компонентом.

Используемый в настоящем документе, термин "аминокислота" относится к природным и/или неприродным или синтетическим аминокислотам, включая, но не ограничиваясь ими, глицин, и оба D или L оптических изомера, и аналоги аминокислот, и пептидомиметики. Стандартные одно- или трехбуквенные коды используются для обозначения аминокислот.

Термин "природная L-аминокислота" означает левовращающий (L) оптический изомер глицина (G), пролина (P), аланина (A), валина (V), лейцина (L), изолейцина (I), метионина (M), цистеина (C), фенилаланина (F), тирозина (Y), триптофана (W), гистидина (H), лизина (K), аргинина (R), глутамина (Q), аспарагина (N), глутаминовой кислоты (E), аспарагиновой кислоты (D), серина (S), треонина (T).

Термин "не встречающийся в природе", применяемый к последовательностям и используемый в настоящем документе, означает полипептидную или полинуклеотидную последовательность, которая не имеет аналогов, и не является комплементарной, и не обладает высокой степенью гомологии с диким типом или встречающейся в природе последовательностью, найденной у млекопитающих. Например, не встречающийся в природе полипептид или фрагмент могут разделять не более чем 99, 98, 95, 90, 80, 70, 60, 50% или даже меньше идентичности аминокислотной последовательности по сравнению с природной последовательностью соответствующей длины.

Термины "гидрофильный" и "гидрофобный" относятся к степени сродства вещества к воде. Гидрофильное вещество имеет сильное сродство к воде, стремится к растворению в ней, смешиванию с ней, или увлажнению водой, в то время как гидрофобное вещество устойчиво лишено сродства к воде, стремится отталкивать воду и не абсорбировать ее, и не проявляет тенденции растворяться в воде, смешиваться с ней или увлажняться водой. Аминокислоты могут быть охарактеризованы на основе их гидрофобности. Может быть представлен ряд шкал. Например, шкала, созданная Levitt, M, et al., J. Mol. Biol. (1976), 104:59, которая перечислена в работе Hopp, T.P., et al., Proc Natl Acad Sci USA (1981), 78:3824. Примерами "гидрофильных аминокислот" являются аргинин, лизин, треонин, аланин, аспарагин и глутамин. Особый интерес представляют гидрофильные аминокислоты аспарагиновая кислота, глутаминовая кислота, и серин, и глицин. Примерами "гидрофобных аминокислот" являются триптофан, тирозин, фенилаланин, метионин, лейцин, изолейцин и валин.

"Фрагмент" означает усеченную форму нативного биологически активного белка, которая сохраняет по меньшей мере часть терапевтической или биологической активности. "Вариант" представляет собой белок с последовательностью, гомологичной последовательности нативного биологически активного белка, который сохраняет по меньшей мере часть терапевтической или биологической активности природного белка. Например, вариант белка может иметь аминокислотную последовательность по меньшей мере на 70, 75, 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98 или 99% идентичную последовательности соответствующего биологически активного белка. Используемый в настоящем документе, термин "доля биологически активного белка" включает белки, модифицированные преднамеренно, например, посредством направленного мутагенеза, вставок или в результате случайных мутаций.

"Клетка-хозяин" включает индивидуальную клетку или клеточную культуру, которая может быть или является реципиентом для целевых векторов. Клетки-хозяева включают потомство единичной клетки-хозяина. Потомство необязательно может быть совершенно идентичным (в морфологии или в строении полного комплемента ДНК) исходной родительской клетке, вследствие природной, случайной или направленной мутации. Клетка-хозяин включает клетки, трансфицированные in vivo вектором по данному изобретению.

Термин "выделенный", когда используется для описания различных полипептидов, раскрываемых в настоящем документе, означает полипептид, который идентифицирован и отделен от и/или извлечен из компонентов его природного окружения. Загрязняющие компоненты его природного окружения представляют собой материалы, которые обычно будут мешать диагностическому или терапевтическому использованию полипептида, и могут включать ферменты, гормоны и другие растворы белковой и небелковой природы. Как очевидно специалистам, не встречающийся в природе полинуклеотид, пептид, полипептид, белок, антитело или их фрагменты не требуют "выделения", чтобы отличить его от встречающегося в природе аналога. Дополнительно, "концентрированный", "отделенный" или "разбавленный" полинуклеотид, пептид, полипептид, белок, антитело или их фрагмент отличаются от своего встречающегося в природе двойника тем, что их концентрация или число молекул в объеме в целом выше, чем у последнего. Вообще, полипептид, созданный рекомбинантным путем, или путем экспрессии в клетке-хозяине, рассматривается как тот, который должен быть "выделен".

"Выделенный" полинуклеотид или кодирующая тот или иной полипептид нуклеиновая кислота представляет собой молекулу нуклеиновой кислоты, которую идентифицируют и отделяют по меньшей мере от еще одной загрязняющей молекулы нуклеиновой кислоты, с которой она обычно ассоциирована в природном источнике аминокислот, кодирующих полипептиды. Выделенная молекула нуклеиновой

кислоты, кодирующей полипептид, является иной по форме или окружению, чем те, в которых она находится в природе. Выделенные молекулы нуклеиновой кислоты, кодирующей полипептид, следовательно, отличаются от специфической нуклеиновой кислоты, кодирующей полипептиды, как она существует в природных клетках. Однако выделенная молекула нуклеиновой кислоты, кодирующей полипептид, включает молекулы нуклеиновой кислоты, кодирующей полипептид, содержащиеся в клетках, которые обычно осуществляют экспрессию полипептида, где, например, молекула нуклеиновой кислоты находится в хромосомном или экстра-хромосомном местонахождении, отличном от такового у природных клеток.

"Химерный" белок содержит по меньшей мере один гибридный полипептид, включающий участки, находящиеся в ином положении в последовательности, чем это наблюдается в природе. Эти участки могут нормально существовать в обособленных белках и собираются вместе в гибридный полипептид; или они могут нормально существовать в одном и том же белке, но быть перемещены в новое окружение в гибридный полипептид. Химерный белок может быть создан, например, путем химического синтеза, путем создания и трансляции полинуклеотида, в котором участки пептида закодированы в желаемом соотношении.

"Конъюгированный", "связанный", "слитый" и "гибридный" используются в данном документе взаимозаменяемым образом. Эти термины относятся к соединению вместе двух или более химических элементов или компонентов, путем химической конъюгации или рекомбинантным путем. Например, промотор или энхансер функционально связываются с кодирующей последовательностью, если это влияет на транскрипцию последовательности. Вообще, "функционально связанный" означает, что последовательности ДНК связаны, прилегая друг к другу, в читаемую фразу или во фрейм. "Слияние в рамку считывания (фрейм)" относится к соединению двух или более открытых рамок считывания (ORF), которые формируют непрерывную более длинную рамку считывания, так что поддерживается корректное считывание оригинальных фреймов. Таким образом, итоговый рекомбинантный белок является одиночным белком, содержащим два или более сегмента, относящихся к полипептидам, кодируемым оригинальными фреймами (сегменты которых обычно не соединяются таким образом в природе).

В контексте полипептидов "линейная последовательность" или "последовательность" представляет собой порядок аминокислот в полипептиде в направлении от амино-конца к карбоксильному концу, в котором аминокислоты соседствуют друг с другом в последовательности, образуя первичную структуру полипептида. "Частичная последовательность" представляет собой линейную последовательность части полипептида, относительно которой известно, что в нее включены дополнительные остатки в одном или обоих направлениях.

"Гетерологичный" означает происходящий от существа, отличающегося по генотипу от остальных существ, с которыми его сравнивают. Например, последовательность, богатая глицином, удаленная из ее нативной кодирующей последовательности и функционально связанная с последовательностью, иной, чем нативная, является гетерологичной последовательностью, обогащенной глицином. Термин "гетерологичный" применяется к полинуклеотиду, полипептиду, означая, что полинуклеотид или полипептид получены из существа, отличающегося по генотипу от остальных существ, с которыми его сравнивают.

Термины "полинуклеотиды", "нуклеиновые кислоты", "нуклеотиды" и "олигонуклеотиды" используются взаимозаменяемым образом. Они относятся к полимерной форме нуклеотидов любой длины, как и дезоксирибонуклеотидов, так и рибонуклеотидов или их аналогов. Полинуклеотиды могут иметь любую трехмерную структуру и могут осуществлять любые функции, известные и неизвестные. Следующие неограничивающие примеры полинуклеотидов: кодирующие и некодирующие участки гена или фрагмент гена, локус, определенный путем анализа сцепления, экзоны, интроны, РНК-посредник (мРНК), транспортную РНК, рибосомальную РНК, рибозимы, хДНК, рекомбинантные полинуклеотиды, разветвленные полинуклеотиды, плазмиды, векторы, выделенную ДНК с любой последовательностью, нуклеиновые зонды, и праймеры. Полинуклеотид может включать модифицированные нуклеотиды, такие как метилированные нуклеотиды и аналоги нуклеотидов. В настоящее время модификации структуры нуклеотида может быть разделена до или после сборки полимера. Последовательность нуклеотидов может быть прервана компонентом неаминокислотной природы. Полинуклеотид может быть далее модифицирован после полимеризации, таким способом, как конъюгация с маркирующим компонентом.

Термин "комплемент полинуклеотида" означает полинуклеотидную молекулу, имеющую комплементарную базовую последовательность и обратную ориентацию по сравнению с упоминаемой последовательностью, так что она может быть гибридизована с упоминаемой последовательностью с абсолютной верностью.

"Рекомбинантный" в применении к полинуклеотиду означает, что полинуклеотид является продуктом различных комбинаций клонирования in vitro, рестрикции и/или лигирования, и любых других процедур, приводящих к конструкции, которая потенциально может быть экспрессирована в клетках-хозяевах.

Термины "ген" или "фрагмент гена" используются в настоящем документе взаимозаменяемым образом. Они относятся к полинуклеотиду, который содержит по меньшей мере одну открытую рамку считывания (фрейм), которая может кодировать отдельный белок, после того как пройдет через транскрип-

цию и трансляцию. Ген или фрагмент гена может быть геномным или представлять кДНК, пока полинуклеотид содержит по меньшей мере одну рамку считывания. Ген или фрагмент гена могут относиться к геному или кДНК, постольку полинуклеотид содержит по меньшей мере одну открытую рамку считывания, которая может покрывать целый кодирующий участок или его сегмент. "Гибридный ген" представляет собой ген, состоящий по меньшей мере из двух гетерологичных полинуклеотидов, соединенных вместе.

"Гомология" и "гомологичный" относятся к сходству или взаимозаменяемости последовательностей, которое касается двух или более полинуклеотидных последовательностей или двух или более полипептидных последовательностей. Когда используются программы, такие как BestFit, для определения меры идентичности последовательностей, сходство или гомология между двумя различными аминокислотными цепями, могут быть использованы настройки по умолчанию, или для оптимизации идентичности, сходства или уровня гомологии может быть выбрана приемлемая расчетная матрица, такая как blosum45 или blosum80. Преимущественно, полипептиды, которые гомологичны, соединяются в строго определенных условиях, как определено в настоящем документе, и имеют по меньшей мере на 70%, предпочтительно по меньшей мере на 80%, более предпочтительно по меньшей мере на 90%, более предпочтительно по меньшей мере на 95%, более предпочтительно по меньшей мере на 97%, более предпочтительно по меньшей мере на 98%, и даже более предпочтительно по меньшей мере на 99% идентичные друг другу последовательности.

"Лигирование" относится к формированию фосфодиэфирных связей между двумя фрагментами нуклеиновых кислот или генами, соединяющему их вместе. Чтобы лигировать фрагменты ДНК или гены вместе, концы ДНК должны быть совместимы друг с другом. В некоторых случаях концы непосредственно после эндонуклеазного расщепления будут совместимы. Однако возможно необходимо сначала преобразовать зигзагообразные концы, обычно образующиеся после эндонуклеазного расщепления, в тупые концы, чтобы сделать их совместимыми для лигирования.

Термины "строго выдержанные условия" или "строго выдержанные условия гибридизации" включают ссылку на условия, при которых гибридизация полинуклеотида в целевую последовательность, будет заметно выше, чем в другие последовательности (например, по меньшей мере в два раза выше фона). Вообще, строгость условий гибридизации находит выражение, в частности, путем ссылки на температуру и концентрацию солей, при которых осуществляется этап отмывки. Обычно строго выдержанными условиями считаются те, при которых концентрация солей менее чем примерно 1,5 М иона Na, обычно концентрация иона Na (или другой соли) составляет от примерно 0,01 до 1,0 М при pH от 7,0 до 8,3 и температуре по меньшей мере примерно 30°C для коротких полинуклеотидов (например, состоящих из 10-50 нуклеотидов) и по меньшей мере примерно 60°C для длинных полинуклеотидов (например, более чем из 50 нуклеотидов), например, "строго выдержанные условия" могут включать гибридизацию в 50% формамиде, 1 М NaCl, 1% додецилсульфата натрия при 37°C, и три отмывки в течение 15 мин каждая в 0,1×SSC (цитратный буферный раствор)/1% додецилсульфата натрия при температуре от 60 до 65°C. В альтернативном варианте, могут быть использованы температуры примерно 65, 60, 55 или 42°C. Концентрация SSC может варьировать от примерно 0,1 до 2×SSC, с додецилсульфатом натрия, присутствующим в концентрации примерно 0,1%. Такие температуры отмывки обычно выбираются примерно на 5-20°C ниже, чем точка теплового плавления специфической последовательности, при определенной ионной силе и pH. Tm является температурой (при определенной ионной силе и pH), при которой тщательно подобранный зонд показывает 50% гибридизацию целевой последовательности. Уравнение для расчета Tm и условий гибридизации нуклеиновой кислоты хорошо известны и могут быть найдены в книге Sambrook, J. et al. (1989), Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2-nd ed., vol. 1-3, Cold Spring Harbor Press, Plainview N.Y.; конкретно см. т. 2 и главу 9. Обычно для блокирования неспецифической гибридизации используются блокирующие реагенты. Такие блокирующие реагенты включают, например, разрезанную и денатурированную ДНК спермы лосося в концентрации примерно 100-200 мкг/мл. Органический растворитель, такой как формамид, в концентрации примерно 35-50% в объемных отношениях, может также быть использован при отдельных обстоятельствах, таких как гибридизации РНК:ДНК. Пригодные вариации этих условий отмывки легко могут быть выявлены специалистами.

Термины "процент идентичности" и "% идентичности", применительно к полинуклеотидной последовательности, относятся к выраженному в процентах количеству парных остатков между по меньшей мере двумя полинуклеотидными последовательностями, выстроенными в линию, используя стандартизованный алгоритм. Такой алгоритм может включать, в стандартизованном и воспроизводимом виде, сопоставление окон в последовательности для оптимизации выравнивания последовательностей и последующего достижения более значимого сравнения двух последовательностей. Процент идентичности может быть измерен по длине определенной последовательности, взятой целиком, или может быть измерен на более коротком промежутке, например, по длине фрагмента, взятого из более крупной определенной последовательности, например, фрагмента из по меньшей мере 45, по меньшей мере 60, по меньшей мере 90, по меньшей мере 120, по меньшей мере 150, по меньшей мере 210 или по меньшей мере 450 смежных остатков. Такие длины приведены только для примера, и понятно, что фрагмент любой длины, поддер-

живаемый последовательностями, показанными в настоящем документе, в таблицах, фигурах или перечне последовательностей, могут быть использованы для описания длины, по которой процент идентичности может быть измерен.

"Процент (%) идентичности аминокислотной последовательности", по отношению к полипептидным последовательностям, идентифицированным настоящем документе, определяется как процент аминокислотных остатков в данной последовательности, которые идентичны аминокислотным остаткам второй упоминаемой последовательности или ее части, после выравнивания последовательностей и вставки "окон", если это требуется, для достижения максимального % идентичности последовательностей, и не рассматривая никаких консервативных замещений как составной части идентичности. Выстраивание в линию для целей определения процента аминокислотной идентичности может быть достигнуто различными путями, известными в науке, например, используя общедоступные компьютерные программы, такие как BLAST, BLAST-2, ALIGN или Megalign (DNASTAR). Специалисты могут определить подходящие параметры для измерения выравнивания, включая любые алгоритмы, необходимые для достижения максимального выравнивания по полной длине сравниваемых последовательностей. Процент идентичности может быть измерен по всей длине определенной последовательности или может быть измерен по более короткой длине, например, по длине фрагмента, взятого из более крупной, определенной полипептидной последовательности, например, фрагмента из по меньшей мере 15, по меньшей мере 20, по меньшей мере 30, по меньшей мере 40, по меньшей мере 50, по меньшей мере 70, по меньшей мере 150 смежных остатков. Такие длины приведены только для примера, и понятно, что фрагмент любой длины, поддерживаемый последовательностями, показанными в настоящем документе, в таблицах, фигурах или Перечне последовательностей, могут быть использованы для описания длины, по которой процент идентичности может быть измерен.

Термин "неповторяемость", как он используется в настоящем документе в контексте полипептидов, относится к отсутствию или ограниченной степени внутренней гомологии в пептидной или полипептидной последовательности. Термин "устойчиво неповторяющийся" может означать, например, что незначительное число или ни одна из четырех соседних аминокислот в последовательности не относится к одному типу, или полипептид имеет балл субпоследовательности (определенной ниже) 10 или менее, или отсутствует шаблон в порядке, от N- до C-конца, мотивов последовательности, которые составляют полипептидную последовательность. Термин "повторяемость", используемый в настоящем документе в контексте полипептидов, относится к степени внутренней гомологии в пептидной или полипептидной последовательности. По контрасту "повторяющаяся" последовательность может содержать множество идентичных копий коротких аминокислотных последовательностей. Например, целевая полипептидная последовательность может быть разделена на n-мерные последовательности, и число идентичных последовательностей может быть подсчитано. Последовательности с высокой степенью повторяемости содержат большую долю идентичных последовательностей, в то время как неповторяющиеся последовательности содержат небольшое число идентичных последовательностей. В контексте полипептида, последовательность может содержать множество копий более коротких последовательностей определенной или варьирующей длины, или мотивов, при этом сами мотивы имеют неповторяющиеся последовательности, придавая последовательности полной длины существенную неповторяемость. Длина полипептида, в котором может быть измерена неповторяемость, может варьировать от 3 до примерно 200 аминокислот, примерно от 6 до примерно 50 аминокислот или примерно от 9 до примерно 14 аминокислот. "Повторяемость" используется в контексте полинуклеотидных последовательностей применительно к степени внутренней гомологии в последовательности такой, как, например, частота встречаемости идентичных нуклеотидных последовательностей данной длины. Повторяемость может, например, быть измерена путем анализа частоты идентичных последовательностей.

"Вектор" представляет собой молекулу нуклеиновой кислоты, преимущественно самореплицируемую в подходящем хозяине, которая осуществляет перенос вставленной молекулы нуклеиновой кислоты, в и/или между клетками-хозяевами. Термин включает векторы, которые функционируют в основном для вставки ДНК или РНК в клетку, векторы репликации, которые функционируют в основном для репликации ДНК или РНК, экспрессионные векторы, которые функционируют для транскрипции и/или трансляции ДНК или РНК. Также включены векторы, которые обеспечивают выполнение более чем одной функции. "Экспрессионный вектор" представляет собой полинуклеотид, который, будучи внедренным в подходящую клетку-хозяина, может быть транскрибирован и транслирован в полипептид(ы). "Экспрессионная система" обычно подразумевает подходящую клетку-хозяина, включающую экспрессионный вектор, которая может функционировать для производства желаемого продукта экспрессии.

"Устойчивость к сывороточной деградации", применительно к полипептиду, относится к способности полипептидов противостоять деградации в крови или ее компонентах, которые обычно включают протеазы в сыворотке или плазме. Устойчивость к сывороточной деградации может быть измерена путем соединения белка с сывороткой или плазмой человека (или мыши, крысы, обезьяны, какая окажется приемлемой), обычно в течение ряда дней (например, 0,25, 0,5, 1, 2, 4, 8, 16 дней), обычно при температуре примерно 37°C. Образцы по прошествии заданного времени подвергают Вестерн-блоттингу, белок определяется с антителом. Антитело может связываться с белком. Если белок показывает одиночную связь на

вестерн-анализе, при этом размер белка идентичен размеру введенного белка, деградация не происходит. В этом способе, взятом в качестве примера, момент времени, когда 50% белка деградировало, согласно результатам Вестерн-блоттинга или эквивалентных методик, является периодом полураспада в результате сывороточной деградации, или сывороточным периодом полураспада белка.

Термин"$t_{1/2}$", как он используется в настоящем документе, означает период полувыведения, рассчитанный как $\ln(2)/K_{el}$. K_{el} является константой элиминирования из организма, рассчитываемой путем линейной регрессии конечной линейной доли кривой, выражающей зависимость концентрации от времени. Период полувыведения обычно относится ко времени, которое требуется, чтобы половина количества введенного вещества, помещенного в живой организм, было метаболизировано или устранено путем нормальных биологических процессов. Термины "$t_{1/2}$", "период полувыведения", "период полуэлиминирования" и "период полуциркуляции" используются в настоящем документе взаимозаменяемым образом.

"Фактор кажущегося молекулярного веса" или "Кажущийся молекулярный вес" являются родственными терминами, относящимися к мере относительного увеличения или уменьшения кажущегося молекулярного веса, проявляемого определенной последовательностью. Кажущийся молекулярный вес определяют, используя эксклюзионную хроматографию и сходные методы, сравнение со стандартами глобулярных белков и измерение в единицах "кажущиеся кДа". Фактор кажущегося молекулярного веса представляет собой отношение между кажущимся молекулярным весом и действительным молекулярным весом; последний предсказывается на основе состава аминокислоты, путем сложения рассчитанного молекулярного веса аминокислот каждого типа в соединении.

"Гидродинамический радиус" или "радиус Стокса" представляет собой эффективный радиус (R_h в нм) молекулы в растворе, измеренный путем допущения, что она представляет собой тело, движущееся сквозь раствор и испытывающее сопротивление вязкости раствора. В вариантах изобретения измерения гидродинамического радиуса гибридных белков XTEN коррелируют с "фактором кажущегося молекулярного веса", который является более интуитивной мерой. "Гидродинамический радиус" белка влияет на уровень его диффузии в водном растворе, как и на способность мигрировать в геле из макромолекул. Гидродинамический радиус белка определяется его молекулярным весом, как и его структурой, включая очертания и компактность. Методы определения гидродинамического радиуса хорошо известны в науке, например, используя эксклюзионную хроматографию, как описано в патентах США № 6406632 и 7294513. Большинство белков имеют глобулярную структуру, которая является наиболее компактной трехмерной структурой белка с наименьшим гидродинамическим радиусом. Некоторые белки принимают случайную и открытую, лишенную структуры конформацию или "линейную" конформацию и в результате имеют больший гидродинамический радиус, по сравнению с типичными глобулярными белками сходного молекулярного веса.

Термин "физиологические условия" относится к сочетанию условий как в живом хозяине, так и в обстановке in vitro, включая температуру, концентрацию солей, pH, которые имитируют эти условия в живом субъекте. Для опытов in vitro был создан хозяин с физиологически соответствующими условиями. Вообще, физиологический буфер содержит физиологическую концентрацию соли и близкий к нейтральному pH, который находится в диапазоне примерно от 6,5 до 7,8, а предпочтительно примерно от 7,0 до 7,5. Разнообразие физиологических буферов перечисляется в работе (Sambrook et al., 1989). Физиологически соответствующая температура находится в диапазоне от примерно 25 до примерно 38°C, а предпочтительно от примерно 35 до примерно 37°C.

"Реакционная группа" представляет собой химическую структуру, которая может быть спарена со второй реактивной группой. Примерами реакционных групп являются аминогруппы, карбоксильные группы, сульфгидрильные группы, гидроксильные группы, альдегидные группы, азидные группы. Некоторые реакционные группы могут быть активированы, чтобы облегчить взаимодействие со второй реакционной группой. Неограничивающими примерами активации являются реакции карбоксильной группы с карбодиимидом, превращение карбоксильной группы в активированный эфир или преобразование карбоксильной группы в азид.

Термины "агент, контролирующий высвобождение", "агент медленного высвобождения", "депонирующий компонент" или "агент длительного высвобождения" используются взаимозаменяемым образом в отношении агента, способного к продлению срока высвобождения полипептида по изобретению, относительно срока высвобождения полипептида, введенного в отсутствие агента. Различные варианты настоящего изобретения могут иметь различные уровни высвобождения, приводящие к разным терапевтическим количествам.

Термины "антиген", "целевой антиген" или "иммуноген" используются в настоящем документе взаимозаменяемым образом, применительно к структуре или связывающей детерминанте, которая соединяется с фрагментом антитела или терапевтическим соединением на основе фрагмента антитела или имеет к ним специфичность.

Термин "полезная нагрузка", используемый в настоящем документе, относится к последовательности белка или пептида, имеющего биологическую или терапевтическую активность; подобие фармакофора мелких молекул. Примеры полезных нагрузок включают, не ограничиваясь ими, цитокины, ферменты, гормоны, факторы крови и факторы роста. Полезные нагрузки в дальнейшем могут включать ге-

нетически гибридизированные или химически конъюгированные части, такие как хемотерапевтические агенты, противовирусные соединения, токсины или контрастные агенты. Конъюгированные части могут быть присоединены к полипептиду через линкер, который может быть расщепляемым или нерасщепляемым.

Термин "антагонист", используемый в настоящем документе, включает любую молекулу, которая частично или полностью блокирует, ингибирует или нейтрализует биологическую активность нативного полипептида, раскрываемого в настоящем документе. Способы идентификации антагонистов полипептида могут включать контакт нативного полипептида с молекулой возможного антагониста и измерение обнаруживаемых изменений одного или более аспекта биологической активности, ассоциируемого с нативным полипептидом. В контексте настоящего изобретения антагонисты могут включать белки, нуклеиновые кислоты, углеводы, антитела или любые другие молекулы, которые уменьшают эффект биологической активности белка.

Термин "агонист" используется в наиболее широком смысле и включает любую молекулу, которая имитирует биологическую активность нативного полипептида, раскрываемого в настоящем документе. Соответствующие молекулы агонистов специфически включают агонисты - антитела или фрагменты антител, фрагменты аминокислотной последовательности вариантов нативных полипептидов, пептидов, мелкие органические молекулы и т.д. Способы идентификации агонистов нативного полипептида могут включать контакт нативного полипептида с молекулой возможного агониста и измерение обнаруживаемого изменения одного или более аспекта биологической активности, обычно ассоциируемой с нативным полипептидом.

"Активность" для целей настоящего документа относится к действию или эффекту компонента гибридного белка, согласующемуся с соответствующим биологически активным нативным белком, где "биологическая активность" относится к in vitro или in vivo биологической функции или эффекту, включая, не ограничиваясь ими, связывание с рецептором, антагонистическую активность, агонистическую активность или клеточный или физиологический ответ.

Используемые в настоящем документе "лечение" или "проведение лечения", или "временное облегчение" или "улучшение" используются взаимозаменяемым образом. Эти термины относятся к способу получения полезных или желательных результатов, включая, не ограничиваясь ими, терапевтическую и/или профилактическую пользу. Под терапевтической пользой понимается ликвидация или улучшение подлежащего лечению расстройства. Также терапевтическая польза достигается с ликвидацией или улучшением одного или более физиологических симптомов, связанных с основным расстройством, такие как улучшение, наблюдаемое у субъекта, несмотря на то что субъект может еще оставаться пораженным основным расстройством. Для достижения профилактической пользы композиция может быть введена субъекту в случае возникновения риска конкретного заболевания, или субъекту, сообщающему об одном или более физиологических симптомах заболевания, даже в случае, если диагноз этого заболевания не может быть поставлен.

"Терапевтический эффект", как он используется в настоящем документе, относится к физиологическому эффекту, включая, не ограничиваясь ими, лечение, смягчение, улучшение или предотвращение заболевания у людей или других животных, или, в других случаях, улучшение физического или ментального благополучия людей или животных, вызванное гибридным протеином по данному изобретению, эффекту отличному от способности индуцировать продукцию антитела против антигенного эпитопа, свойственная биологически активному белку. Определение терапевтически эффективного количества находится в пределах компетенции специалистов, особенно в свете подробного раскрытия, предоставляемого в настоящем документе.

Термины "терапевтически эффективное количество" и "терапевтически эффективная доза", как они используются в настоящем документе, относятся к количеству биологически активного белка, как одиночного, так и в составе композиции гибридного белка, которое способно иметь любой обнаруживаемый полезный эффект на любой симптом, аспект, измеренный параметр или характеристики болезненного статуса или состояния, когда он введен субъекту в одной или повторных дозах. Такой эффект может не быть абсолютным, чтобы быть полезным.

Термин "терапевтически эффективный режим дозирования", как он используется в настоящем документе, относится к графику последовательного введения доз биологически активного белка, как одиночного, так и в составе композиции гибридного белка, при котором дозы даны в терапевтически эффективных количествах, чтобы вызвать устойчивый полезный эффект на любой симптом, аспект, измеренный параметр или характеристики болезненного статуса или состояния.

I) Общие методики

Если не указано иное, для осуществления настоящего изобретения на практике используют общепринятые методики иммунологии, биохимии, химии, молекулярной биологии, микробиологии, биологии клетки, геномики и методики рекомбинантных ДНК, которые существуют в науке. См. Sambrook, J. et al., "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", 3-nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001; "Current protocols in molecular bilology", F.M. Ausubel, et al. Eds., 1987; серии "Методы ферментологии", Academic Press, San Diego, CA.; "PCR 2: a practical approach", M.J. MacPherson, B.D. Hames and G.R. Taylor eds., Ox-

ford University Press, 1995; "Antibodies, a laboratory manual", Harlow, E. and Lane, D eds., Cold Spring Harbor Laboratory, 1988; "Goodman & Gilman's The Pharmacological Basis of Therapeutics," 11th Edition, McGraw-Hill, 2005; и Freshney, R.I., "Culture of Animal Cells: A Manual of Basic Technique", 4th edition, John Wiley & Sons, Somerset, NJ, 2000, содержание которых включено в их полном объеме в настоящий документ путем ссылки.

II) Гормон роста

Настоящее изобретение отчасти относится к композициям гибридного белка гормона роста (ГР), включая человеческий гормон роста (чГР).

(a) Белки гормона роста.

"Гормон роста" или "ГР" означает белок гормона роста и виды и варианты его последовательности и включает, не ограничиваясь ими, одиночную последовательность человеческого ГР, состоящую из 191 аминокислоты. ГР может быть нативным, имеющим полную длину белком или может представлять собой усеченный фрагмент или вариант последовательности, который удерживает по меньшей мере часть биологической активности нативного белка. Существуют два известных типа человеческого ГР (здесь далее чГР), продуцируемых гипофизом: один имеет молекулярный вес примерно 22000 Дальтон (22 кДа чГР), а другой имеет молекулярный вес примерно 20000 Дальтон (20 кДа чГР). Аминокислотная последовательность 20 кДа чГР соответствует последовательности 22 кД чГР, состоящей из 191 аминокислоты, за исключением 15 аминокислотных остатков с 32-го по 46-й, которые у 22 кД чГР отсутствуют. В некоторых сообщениях указано, что, как было установлено, 20 кД чГР проявляет меньшие риски и более высокую активность чем 22 кДа чГР. Изобретение включает применение 22, 20 кДа чГР, а также видов и вариантов последовательности и их усеченных фрагментов с точки зрения их приемлемости для использования в качестве партнера в гибридизации с XTEN, раскрытых в настоящем документе композиций ГР-XTEN. Клонированный ген чГР был экспрессирован в секретированной форме в Eschericha coli (патент США № 4898830; Chang, C.N., et al., Gene 55:189 [1987]) и данные о его ДНК и аминокислотной последовательности были опубликованы (Goeddel, et al. Nature, 281:544 [1979]); Gray, et al., Gene 39: 247 [1985]).

Изобретение рассматривает включение в композиции ГР-XTEN последовательности с гомологией к последовательностям ГР, фрагменты последовательностей, которые являются природными, такие как выделенные из организма человека, нечеловекообразных приматов, млекопитающих (включая домашних животных) и неприродные варианты последовательностей, которые сохраняют, по меньшей мере, долю биологической активности или биологических функций ГР и/или могут быть использованы для предотвращения, лечения, опосредования или улучшения в случае связанного с ГР заболевания, дефицита, расстройства или состояния. Последовательности ГР организмов, не относящихся к млекопитающим, хорошо описаны в литературе. Например, первичная структура ГР рыб может быть найдена в журнале Genetics and Molecular Biology 2003 26 p.295-300. Анализ эволюции последовательностей птичьего ГР представлен в Journal of Evolutionary Biology 2006, 19, p.844-854. Дополнительно, нативные последовательности, гомологичные человеческому ГР, могут быть найдены путем стандартной методики поиска гомологии, такой как NCBI BLAST.

Эффекты ГР на ткани тела могут быть в целом описаны как анаболические. Подобно большинству других белковых гормонов, нативный ГР действует путем взаимодействия со специфическими рецепторами плазматической мембраны, известных как рецепторы гормона роста. ГР влияет на печень и другие ткани, стимулируя продукцию IGF-1, который ответственен за вызываемый ГР эффект стимуляции роста и также отражает выработанное количество этого гормона. IGF-1, в свою очередь, оказывает стимулирующий эффект на активность остеобластов и хондроцитов, усиливая рост костей. В одном воплощении в изобретении предложен ГР-XTEN, который проявляет по меньшей мере одно из свойств вышеназванного в настоящем документе нативного ГР.

В одном воплощении ГР, введенный в рассматриваемые композиции, представляет собой рекомбинантный полипептид с последовательностью, соответствующей белку, обнаруженному в природе. В другом воплощении ГР представлен вариантом последовательности, фрагментом, гомологом или миметиком природной последовательности, которая сохраняет по меньшей мере часть биологической активности соответствующего нативного ГР. Табл. 1 представляет неограничивающий список последовательностей ГР из широкого спектра видов млекопитающих, которые охватывает гибридный белок ГР-XTEN по настоящему изобретению. Любая из этих последовательностей ГР или гомологичные производные, созданные путем индивидуальных мутаций перетасовки между видами или семействами, сохраняющие по меньшей мере часть биологической активности нативного ГР, могут быть использованы для гибридных белков по этому изобретению. ГР, который может быть инкорпорирован в гибридный белок ГР-XTEN, может включать белок, последовательность которого показывает по меньшей мере примерно 80% идентичности, или в альтернативном случае 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 или 100% идентичности последовательности, выбранной из табл. 1.

Таблица 1

Аминокислотные последовательности гормона роста разных видов животных

Виды ГР	**Аминокислотная последовательность**
Человек	FPTIPLSRLFDNAMLRAHRLHQLAFDTYQEFEEAYIPKEQKYSFLQNPQTSLCFSESIPTPSNR EETQQKSNLELLRISLLLIQSWLEPVQFLRSVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMG RLEDGSPRTGQIFKQTYSKFDTNSHNDDALLKNYGLLYCFRKDMDKVETFLRIVQCRSVEG SCGF
Свинья	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRAGQILKQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Альпака	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERTYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRAGQILRQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Верблюд	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERTYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRAGQILRQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Лошадь	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDMELLRFSLLLIQSWLGPVQLLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLRDLEEGIQALM RELEDGSPRAGQILKQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV

	MKCRRFVESSCAF
Слон	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRPGQVLKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Рыжая лисица	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLVLIQSWLGPLQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRAGQILKQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Собака	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRAGQILKQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Кошка	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRGGQILKQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Американ-ская норка	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKDFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDMELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALM RELEDGSPRAGPILKQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Кит-полосатик	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRAGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Дельфин	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNTQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRAGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Гиппопотам	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNTQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSPRAGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Кролик	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDMELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRAFTNTLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALM RELEDGSPRVGQLLKQTYDKFDTNLRGDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCVF
Крыса	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KEEAQQRTDMELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRIFTNSLMFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMQ ELEDGSPRIGQILKQTYDKFDANMRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFAESSCAF
Мышь	FPAMPLSSLFSNAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KEEAQQRTDMELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRIFTNSLMFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMQ ELEDGSPRVGQILKQTYDKFDANMRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Хомяк	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQTAFCFSETIPAPTG KEEAQQRSDMELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRIFTNSLMFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMQ ELEDGSPRVGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Слепыш	FPAMPLSNLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KEEAQQRSDMELLRFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVFEKLKDLEEGIQALMR ELEDGSLRAGQLLKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Морская свинка	FPAMPLSSLFGNAVLRAQHLHQLAADTYKEFERTYIPEGQRYSIHNTQTAFCFSETIPAPTDK EEAQQRSDVELLHFSLLLIQSWLGPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGIQALMRE LEDGTPRAGQILKQTYDKFDTNLRSNDALLKNYGLLSCFRKDLHRTETYLRV MKCRRFVESSCAF
Вол	AFPAMSLSGLFANAVLRAQHLHQLAADTFKEFERTYIPEGQRYSIQNTQVAFCFSETIPAPT GKNEAQQKSDLELLRISLLLIQSWLGPLQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGILALM

	RELEDGTPRAGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFRKDLHKTETYLRV MKCRRFGEASCAF
Овца/Коза	AFPAMSLSGLFANAVLRAQHLHQLAADTFKEFERTYIPEGQRYSIQNTQVAFCFSETIPAPT GKNEAQQKSDLELLRISLLLIQSWLGPLQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGILALM RELEDVTPRAGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFRKDLHKTETYLRV MKCRRFGEASCAF
Благород-ный олень	FPAMSLSGLFANAVLRAQHLHQLAADTFKEFERTYIPEGQRYSIQNTQVAFCFSETIPAPTG KNEAQQKSDLELLRISLLLIQSWLGPLQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGILALMR ELEDGTPRAGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFRKDLHKTETYLRV MKCRRFGEASCAF
Жираф	AFPAMSLSGLFANAVLRAQHLHQLAADTFKEFERTYIPEGQRYSIQNTQVAFCFSETIPAPT GKNEAQQKSDLELLRISLLLIQSWLGPLQFLSRVFSNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGILALM RELEDGTPRAGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFRKDLHKTETYLRV MKCRRFGEASCAF
Оленек-1	FPAMSLSGLFANAVLRVQHLHQLAADTFKEFERTYIPEGQRYSIQNTQVAFCFSETIPAPTG KNEAQQKSDLELLRISLLLIQSWLGPLQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLKDLEEGILALMR ELEDGPPRAGQILKQTYDKFDTNMRSDDALLKNYGLLSCFRKDLHKTETYLRV MKCRRFGEASCAF
Медленный лори	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLAADTYKEFERAYIPEGQRYSIQNAQAAFCFSETIPAPTG KDEAQQRSDMELLRFSLLLIQSWLGPVQLLSRVFTNSLVLGTSDRVYEKLKDLEEGIQALM RELEDGSPRVGQILKQTYDKFDTNLRSDDALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Мартышка	FPTIPLSRLLDNAMLRAHRLHQLAFDTYQEFEEAYIPKEQKYSFLQNPQTSLCFSESIPTPASK KETQQKSNLELLRMSLLLIQSWFEPVQFLRSVFANSLLYGVSDSDVYEYLKDLEEGIQTLM GRLEDGSPRTGEIFMQTYRKFDVNSQNNDALLKNYGLLYCFRKDMDKVETFLRI VQCR-SVEGSCGF
Хвостатый опоссум	FPAMPLSSLFANAVLRAQHLHQLVADTYKEFERTYIPEAQRHSIQSTQTAFCFSETIPAPTGK DEAQQRSDVELLRFSLLLIQSWLSPVQFLSRVFTNSLVFGTSDRVYEKLRDLEEGIQALMQE LEDGSSRGGLVLKTTYDKFDTNLRSDEALLKNYGLLSCFKKDLHKAETYLRV MKCRRFVESSCAF
Обезьяна (rhesus)	FPTIPLSRLFDNAMLRAHRLHQLAFDTYQEFEEAYIPKEQKYSFLQNPQTSLCFSESIPTPSNR EETQQKSNLELLRISLLLIQSWLEPVQFLRSVFANSLVYGTSYSDVYDLLKDLEEGIQTLMG RLEDGSSRTGQIFKQTYSKFDTNSHNNDALLKNYGLLYCFRKDMDKIETFLRI VQCR-SVEGSCGF

III) Композиции гибридного белка гормона роста

Настоящее изобретение относится отчасти к композициям гибридного белка гормона роста (ГР). В одном аспекте, в изобретении предложены выделенные мономерные гибридные белки ГР, которые включают последовательность полной длины или варианты последовательностей ГР, ковалентно связанные с вытянутыми рекомбинантными полипептидами ("XTEN" или "XTENs"). Как более полно описано ниже, гибридные белки возможно включают спейсерные последовательности, которые дополнительно включают расщепляемые последовательности, обеспечивающие высвобождение ГР из гибридного белка, в результате действия на него протеазы, освобождающей ГР от последовательности(тей) XTEN.

В одном аспекте в изобретении предложен выделенный гибридный белок, включающий, по меньшей мере, первый биологически активный белок гормона роста, ковалентно связанный с одним или более удлиненными рекомбинантными полипептидами ("XTEN"), что приводит к композиции гормон роста-гибридный белок XTEN (в дальнейшем в этом документе "ГР-XTEN"). В одном воплощении гормон роста представляет собой человеческий гормон роста или вариант последовательности чГР. Как более полно описано ниже, гибридный белок возможно включает спейсерную последовательность, которая далее включает расщепляемые последовательности, что позволяет высвободить ГР из гибридного белка под воздействием протеазы.

Термин "ГР-XTEN", как он используется в настоящем документе, охватывает гибридные полипептиды, которые включают один или более районов полезной нагрузки, каждый включает биологически активный ГР, который является посредником в осуществлении одного или более аспекта биологической или терапевтической активности, ассоциируемой с гормоном роста и по меньшей мере еще одного участка, включающего, по меньшей мере, первый полипептид XTEN, который служит носителем.

ГР рассматриваемых композиций, в частности, те, которые рассматриваются в табл. 1, соответствующие последовательности нуклеиновых кислот и аминокислот, хорошо известны в науке, и описания и последовательности доступны в открытых базах данных, таких как Chemical Abstracts Services Databases (например, регистр CAS), GenBank, Универсальная база информации о белках (the Universal Protein Resource, UniProt) и подписка, предоставляемая базами данных, такими как GenSeq (например, Derwent). Полинуклеотидные последовательности могут относиться к полинуклеотидным последовательностям дикого типа, кодирующим данный ГР (например, имеющие полную длину или зрелые), или в некоторых случаях последовательность может быть вариантом полинуклеотидной последовательности дикого типа (например, полинуклеотид, который кодирует биологически активный белок дикого типа, в котором последовательность ДНК оптимизирована, например, для экспрессии в организме определенных видов; или полинуклеотид, кодирующий вариант последовательности дикого типа, такой как сайт-направленный мутант или аллельный вариант). Специалисты могут использовать ДНК дикого типа или согласованную последовательность, или кодон-оптимизированный вариант ГР для создания конструкций ГР XTEN, предусмотренных данным изобретением, используя способы, известные в уровне техники и/или в соче-

тании с руководством и способами, предусмотренными настоящим документом, и описанными более полно в примерах.

ГР для включения в ГР-XTEN по данному изобретению включает любой гормон роста или вариант последовательности, имеющий биологическое, терапевтическое, профилактическое или диагностическое значение или функцию, или используемый, при введении субъекту, для облегчения, предотвращения или улучшения заболевания, расстройства или состояния, связанного с ростом, дефицитом гормона роста или дефектом. Особенный интерес представляют композиции гибридного белка ГР-XTEN, для которых наблюдается увеличение фармакокинетического параметра, увеличенная растворимость, увеличенная стабильность или некоторое другое усиленное фармацевтическое свойство в сравнение с нативным ГР, или для которых увеличенный период полувыведения будет улучшать эффективность, безопасность, или приведет к снижению частоты дозирования и/или улучшит исполнение пациентом предписанного режима лечения. Следовательно, композиции гибридного белка ГР-XTEN, приготовленные с учетом множества задач, включая улучшение терапевтической эффективности биоактивного ГР, путем, например, увеличения времени его присутствия in vivo или пребывания ГР-XTEN в пределах терапевтического окна при введении субъекту, в сопоставлении с ГР, не связанным с XTEN.

В одном из воплощений ГР, введенный в рассматриваемые композиции, может быть рекомбинантным полипептидом, вариантом последовательности ГР, фрагментом, гомологом, или имитацией природной последовательности, сохраняющим по меньшей мере часть биологической активности нативного ГР. В неограничивающих примерах ГР представляет собой последовательность, которая проявляет по меньшей мере примерно 80% идентичности или, в альтернативном случае, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или по меньшей мере примерно 99 либо 100% идентичности по отношению к белковой последовательности, выбранной из табл. 1. В одном воплощении гибридный белок ГР XTEN включает одиночную молекулу ГР, связанную с XTEN (как описано с большей полнотой ниже). В другом воплощении ГР-XTEN включает первый ГР и вторую молекулу такого же ГР, в результате чего гибридный белок включает два ГР, соединенные с одним или более XTEN (например, или две молекулы чГР). В некоторых случаях ГР и XTEN имеют от N- к С-концу ориентированные конфигурации, выбранные из табл. 5. В другом варианте гибридный белок ГР-XTEN включает одиночную молекулу ГР, присоединенную к первому и второму XTEN, с конфигурациями от N- к С-концу XTEN-ГР-XTEN, в которых ГР представляет последовательность по меньшей мере примерно на 80%, или, в альтернативных случаях на 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98% или по меньшей мере примерно на 99% либо на 100% идентичную последовательности, выбранной из табл. 1, и первый и/или второй XTEN являются последовательностями по меньшей мере примерно на 80%, или, в альтернативных случаях, на 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98% или по меньшей мере примерно на 99 либо 100% идентичными последовательностям, выбранным из табл. 3.

Вообще ГР, как партнер слияния гибридного белка ГР-XTEN, проявляет специфичность связывания с данной мишенью или другие желательные биологические характеристики, когда используется in vivo или в опыте in vitro. Например, ГР-XTEN является агонистом, способным связываться с трансмембранным рецептором гормона роста. В одном воплощении связывание ГР-XTEN с рецептором гормона роста ведет к димеризации рецептора и, по меньшей мере, частичной активации внутриклеточного пути сигнальной трансдукции, по сравнению с нативным гормоном роста. В одном воплощении ГР-XTEN, связанный с трансмембранным рецептором гормона роста, будет показывать по меньшей мере примерно 1%, или примерно 5%, или примерно 10%, или примерно 15%, или примерно 20%, или примерно 25%, или примерно 30%, или примерно 40%, или примерно 50%, или примерно 60%, или примерно 70%, или примерно 80%, или примерно 90%, или по меньшей мере примерно 95% активации внутриклеточного пути сигнальной трансдукции, по сравнению с нативным гормоном роста, не связанным с XTEN.

Рассматриваемый ГР-XTEN по настоящему изобретению демонстрирует усиление одного или более фармакокинетических параметров, которые возможно улучшаются путем высвобождения ГР из гибридного белка в результате расщепления спейсерной последовательности. ГР-XTEN с усиленными фармакокинетическими параметрами позволяет уменьшить частоту дозирования или увеличить фармакологический эффект, в том числе, не ограничиваясь этим, удлинить время пребывания биологически активного ГР-XTEN в пределах терапевтического окна между минимальной эффективной дозой или минимальной концентрацией в крови (C_{min}) и максимальной допустимой дозой или концентрацией в крови (C_{max}). В таких случаях, присоединение ГР к гибридному белку, включающему выбранную последовательность (последовательности) XTEN может иметь результатом улучшение этих свойств, делая их более полезными в качестве терапевтических или превентивных агентов по сравнению с ГР, не связанным с XTEN.

IV) Удлиненные рекомбинантные полипептиды

В одном из аспектов в изобретении предложены композиции полипептида XTEN, который может быть использован в качестве партнера слияния, к которому присоединяется ГР, в результате чего образуется гибридный белок ГР-XTEN. XTEN представляют собой, как правило, удлиненные полипептиды с не встречающимися в природе, в основном неповторяющимися последовательностями, которые состоят, главным образом, из небольших гидрофильных аминокислот, с последовательностью, которая при физиологических условиях характеризуется низкой степенью выраженности или отсутствием вторичной

или третичной структуры.

Полипептиды XTEN используются в качестве партнеров составе гибридного белка, в котором они выполняют функции "носителя", придавая отдельные желательные фармакокинетические, физико-химические и фармацевтические свойства гибридному белку, который образуется, когда они соединяются с белком ГР. Такие желательные свойства, среди других свойств, описанных в настоящем документе, включают, не ограничиваясь ими, повышенные фармакокинетические параметры и показатели растворимости композиций. Такие композиции гибридного белка имеют применение в лечении связанных с гормоном роста заболеваний, расстройств и состояний, как описано в настоящем документе. Используемый в настоящем документе термин "XTEN", в частности, исключает антитела или фрагменты антител, такие как одноцепочечные антитела или фрагменты Fc легкой цепи или тяжелой цепи.

В некоторых воплощениях XTEN являются длинными полипептидами, имеющими более чем примерно 100, но менее чем примерно 3000 аминокислотных остатков, преимущественно более чем примерно 400, но менее чем примерно 3000 остатков, когда используются как носитель, или в совокупности, когда более чем одна молекула XTEN использована в одном гибридном белке. В других вариантах, когда последовательность XTEN используется в качестве линкера между компонентами гибридного белка, или где увеличения периода полувыведения гибридного белка не требуется, но желательно увеличение растворимости или другого физико-химического свойства компонента ГР, последовательность XTEN короче 100 аминокислотных остатков, такая как примерно 96, или примерно 84, или примерно 72, или примерно 60, или примерно 48, или примерно 36 аминокислотных остатков включают в композицию гибридного белка с ГР для оказания влияния на его свойства.

Выбранные критерии для присоединения XTEN к биологически активным белкам используются для создания изобретенных композиций гибридных белков, в основном относящихся к атрибутам физико-химических свойств и конформационной структуры XTEN, которая в свою очередь, используется для передачи фармацевтических и фармакокинетических свойств композициям гибридных белков. XTEN по настоящему изобретению проявляет одно или более из следующих полезных свойств: конформационная гибкость, повышенная растворимость в воде, высокая степень устойчивости к действию протеаз, низкая иммуногенность, низкая степень сродства к рецепторам млекопитающих и увеличенные гидродинамические радиусы (радиусы Стокса); свойства, которые делают их особенно полезными в качестве партнеров в составе гибридного белка. Неограничивающие примеры свойств гибридных белков, включающих ГР, которые усиливаются благодаря XTEN, включают увеличение общей растворимости и/или метаболической стабильности, уменьшенную восприимчивость к протеолизу, уменьшенную иммуногенность, уменьшенный уровень абсорбции при введении подкожно или внутримышечно и увеличенные фармакокинетические свойства, такие как более длительный период полувыведения и увеличенная площадь под кривой (AUC), более медленная абсорбция после подкожной или внутримышечной инъекции (по сравнению с ГР, не связанным с XTEN и введенным сходным путем), так, что C_{max} ниже, что в свою очередь приводит к снижению неблагоприятных эффектов ГР, что, в совокупности, имеет результатом увеличенный период времени, в течение которого введения субъекту композиция гибридного белка ГР-XTEN сохраняет терапевтическую активность.

Существуют разнообразные способы и тесты, известные в данной области техники и предназначенные для определения физических/химических свойств белков, таких как композиции, включающие XTEN по данному изобретению; свойств, таких как вторичная или третичная структура, растворимость, агрегация белка, свойства плавления, содержания воды и примесей. Такие способы, как аналитическое центрифугирование, ЭПР, ионообменная ВЭЖХ, эксклюзионная ВЭЖХ, обращено-фазовая ВЭЖХ, рассеяние света, капиллярный электрофорез, круговой дихроизм, дифференциальная сканирующая калориметрия, флуоресценция, ИР, ЯМР, спектроскопия Рамана, рефрактометрия и спектроскопия УФ и видимого диапазона. Дополнительные способы раскрыты в работе Arnau et al., Prot Expr and Purif (2006) 48, 1-13. Применение этих способов к данному изобретению будет находиться в рамках возможностей специалиста.

Обычно XTEN разрабатывается таким образом, чтобы в физиологических условиях вести себя как денатурированная пептидная последовательность, несмотря на увеличенную длину полимера. "Денатурированный" описывает состояние пептида в растворе, характеризующееся значительной конформационной свободой основы пептида. Большинство пептидов и белков принимают денатурированную конформацию в присутствии высоких концентраций денатурантов или при повышенной температуре. Пептиды в денатурированной конформации имеют, например, характеристические спектры кругового дихроизма (КД) и характеризуются отсутствием дальних взаимодействий, определяемых ЯМР "Денатурированная конформация" или "конформация, лишенная структуры" используются в данном документе в качестве синонимов. В некоторых воплощениях в изобретении предложены последовательности XTEN, которые при физиологических условиях напоминают денатурированные последовательности, в значительной степени лишенные вторичной структуры. В других случаях, последовательности XTEN по существу лишены вторичной структуры при физиологических условиях. "В значительной степени лишены", используемое в этом контексте, означает, что менее чем 50% аминокислотных остатков последовательности XTEN участвуют в формировании вторичной структуры, что измерено или определено, как

описано в настоящем документе. "По существу лишены", используемое в этом контексте, означает, что по меньшей мере примерно 60%, или примерно 70%, или примерно 80%, или примерно 90%, или примерно 95%, или по меньшей мере 99% аминокислотных остатков последовательности не участвуют в формировании вторичной структуры, как измерено или определено способами, описанными в настоящем документе.

В области техники известно множество способов для распознавания наличия или отсутствия вторичной и третичной структур в данном полипептиде. В частности, вторичная структура может быть измерена спектрофотометрически, например, путем спектроскопии кругового дихроизма и спектральной области "дальнего ультрафиолета" (190-250 нм). Элементы вторичной структуры, такие как альфа-спираль и бета-лист, дают усиление характеристической формы и величины спектра КД. Вторичная структура также может быть предсказана для последовательности полипептида с помощью определенных компьютерных программ или алгоритмов, таких как хорошо известный алгоритм Чоу-Фасмана (Chou, P.Y., et al. (1974), Biochemistry, 13: 222-45) и алгоритм Гарнье-Осгуторп-Робсона ("GOR") (Gamier J., Gibrat J.F., Robson B. (1996), GOR method for predicting protein secondary structure from amino acid sequence. Methods Enzymol 266:540-553), как описано в заявке на патент США № 20030228309 A1. Для данной последовательности алгоритм может предсказать, будет ли существовать некоторая вторичная структура или ее не будет вообще, что находит выражение в общем числе и/или процентной доле остатков, входящих в последовательность, которые формируют, например, альфа-спирали или бета-листы, или в проценте остатков, которые, согласно предсказанию, дадут беспорядочную клубковую формацию (что означает отсутствие вторичной структуры).

В некоторых воплощениях последовательности XTEN, используемые в композициях гибридного белка по данному изобретению, могут иметь процент альфа-спиралей от 0% до менее чем примерно 5%, как определено алгоритмом Чоу-Фасмана. В других случаях последовательности XTEN композиций гибридного белка имеют процент бета-листов от 0% до менее чем примерно 5%, как определено алгоритмом Чоу-Фасмана. В некоторых воплощениях последовательности XTEN композиций гибридного белка имеют процент альфа-спиралей от 0% до менее чем примерно 5%, и процент бета-листов от 0% до менее чем примерно 5%, как определено алгоритмом Чоу-Фасмана. В некоторых вариантах, последовательности XTEN композиций гибридного белка имеют процент альфа-спиралей менее чем примерно 2% и процент бета-листов менее чем примерно 2%. В других случаях, последовательности XTEN композиций гибридного белка имеют высокий процентный уровень беспорядочных клубков, как определено алгоритмом GOR. В некоторых вариантах, последовательность XTEN имеет. По меньшей мере примерно 80%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 90%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 91%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 92%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 93%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 94%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 95%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 96%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 97%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 98%, и наиболее предпочтительно по меньшей мере примерно 99% беспорядочных клубков, как определено алгоритмом GOR.

1. Неповторяющиеся последовательности.

В некоторых воплощениях последовательности XTEN, входящие в композиции, являются в значительной степени неповторяющимися. Вообще, повторяющиеся аминокислотные последовательности имеют тенденцию к агрегации и формированию структур более высокого порядка, примером чему служат природные повторяющиеся последовательности, такие как коллагены и лейциновые "молнии", или формы, в результате контакта которых образуются кристаллические или псевдокристаллические структуры. По контрасту, незначительная тенденция неповторяющихся последовательностей к агрегации дает возможность сконструировать XTEN с длинными последовательностями с относительно низкой частотой заряженных аминокислот, которые были бы склонны агрегировать, если бы последовательности были, в противном случае, повторяющимися. Обычно гибридный белок ГР-XTEN включает последовательности XTEN от примерно более чем 100 до примерно 300 аминокислотных остатков, предпочтительно, от более чем 400 до примерно 3000 остатков в совокупности, в случае когда последовательности в значительной степени неповторяющиеся. В одном воплощении последовательности XTEN имеют более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, предпочтительно от более чем 400 до примерно 3000 аминокислотных остатков, в которых отсутствуют три смежных аминокислоты идентичного типа в последовательности, если только аминокислота не является серином, в этом случае не более чем три смежных аминокислоты являются остатками серина. В упомянутом выше воплощении последовательность XTEN была бы в значительной степени неповторяющиеся.

Степень повторяемости полипептида или гена измеряется посредством компьютерной программ или алгоритмов или другими путями, известными в науке. Повторяемость в последовательности полипептида может, например, быть оценена путем определения, сколько раз более короткие последовательности установленной длины встречаются в полипептиде. Например, полипептид из 200 аминокислотных остатков имеет 192 перекрывающиеся последовательности из 9 аминокислот (или 9-мерные "рамки") и 198 3-мерных рамок, но число уникальных 9-мерных и 3-мерных последовательностей будет зависеть от

меры повторяемости в последовательности. Получают балл (здесь и далее "балл субпоследовательностей"), который отражает степень повторяемости субпоследовательностей в общей последовательности полипептида. В контексте настоящего изобретения, "балл субпоследовательностей" означает сумму встречаемостей каждой уникальной 3-мерной рамки среди 200 последовательных аминокислот последовательности полипептида, разделенного внутри последовательности из 200 аминокислот на абсолютное число уникальных 3-мерных субпоследовательностей. Примеры такого балла субпоследовательностей, полученные из первых 200 аминокислот повторяющихся и неповторяющихся полипептидов, представлены в примере 44. В некоторых воплощениях в настоящем изобретении предложен ГР-XTEN, каждый из которых включает один или более XTEN, в котором XTEN имеет балл субпоследовательности менее 12, более предпочтительно менее 10, более предпочтительно менее 9, более предпочтительно менее 8, более предпочтительно менее 7, более предпочтительно менее 6, и наиболее предпочтительно менее 5. В вариантах, вышеописанных в этом параграфе, XTEN с баллом субпоследовательности менее 10 (т.е. 9, 8, 7 и т.д.) является "в основном неповторяющимся".

Неповторяемость XTEN придает гибридному белку с ГР более высокую степень растворимости и меньшую тенденцию к агрегации, по сравнению с полипептидами, имеющими повторяющиеся последовательности. Эти свойства способствуют созданию фармацевтических препаратов, включающих XTEN, содержащих крайне высокую концентрацию лекарственные средства, в некоторых случаях превышающую 100 мг/мл.

Кроме того, полипептидные последовательности XTEN вариантов конструируются так, чтобы степень их внутренней повторяемости была низкой в порядке уменьшения или значительного устранения иммуногенности при введении млекопитающим. Полипептидные последовательности, построенные из коротких повторяющихся мотивов, в основном ограниченных тремя аминокислотами, такими как глицин, серин и глутамин, могут привести к относительно высоким титрам антител в случае введения млекопитающим, несмотря на отсутствие предсказанных Т-клеточных эпитопов в этих последовательностях. Это может быть вызвано повторяемости в строении полипептидов; как это показано, иммуногены с повторяющимися эпитопами, включая белковые агрегаты, перекрестные иммуногены, и повторяющиеся углеводы обладают высокой имуногенностью и могут, например, вызвать перекрестное связывание рецепторов В-клеток, вызывающее активацию В-клеток (Johansson, J., et al. (2007), Vaccine, 25: 1676-82; Yankai, Z., et al. (2006), Biochem Biophys Res Commun, 345: 1365-71; Hsu, C.T., et al. (2000), Cancer Res, 60:3701-5); Bachmann M.F., et al. Eur J. Immunol. (1995), 25(12): 3445-3451).

2. Примерные мотивы последовательностей.

Настоящее изобретение охватывает XTEN, которые включают множество блоков более коротких последовательностей, или мотивов, в которых аминокислотные последовательности мотивов являются неповторяющимися. При конструировании последовательностей XTEN было выявлено, что критерий неповторяемости может соблюдаться, несмотря на применение подхода "строительного блока", используя библиотеку мотивов последовательностей, которые могут быть мультимеризованы для создания последовательностей XTEN. Следовательно, в то время как последовательность XTEN может состоять из множества блоков, относящихся по меньшей мере к четырем различным типам мотивов последовательности, из-за того, что мотивы сами по себе состоят из неповторяющихся аминокислотных последовательностей, последовательность XTEN в целом оказывается в основном неповторяющейся.

В одном воплощении XTEN имеет неповторяющуюся последовательность, состоящую из от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, предпочтительно от более чем примерно 400 до примерно 3000 остатков, там, где по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 85%, или по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 97%, или примерно 100% последовательности XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, где в каждом из мотивов примерно от 9 до 36 аминокислотных остатков. В других воплощениях по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 85%, или по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 97%, или примерно 100% последовательности XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, где в каждом из мотивов примерно от 9 до 14 аминокислотных остатков. В еще других воплощениях по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 85%, или по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 97%, или примерно 100% последовательность XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, где в каждом из мотивов 12 аминокислотных остатков. В этих воплощениях предпочтительно, чтобы мотивы последовательности были построены, главным образом, из небольших гидрофильных аминокислот, так чтобы последовательность целиком характеризовалась отсутствием структуры и гибкостью. Примерами аминокислот, включаемых в XTEN, являются, например, аргинин, лизин, треонин, аланин, аспарагин, глутамин, аспарагиновая кислота, глутаминовая кислота, серин и глицин. В результате анализа переменных, таких как оптимизация кодона, объединяющего полинуклеотиды, кодирующие мотивы последовательности, экспрессия белка, распределение заряда и растворимость экспрессированного белка, вторичная и третичная структура, было выявлено, что композиции XTEN с усиленными характеристиками в основном включают остатки глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и

пролина (P), где последовательности созданы по существу неповторяющимися. В одном воплощении последовательности XTEN содержат преимущественно от четырех до шести типов аминокислот, выбранных из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) или пролина (P), которые образуют в основном неповторяющуюся последовательность, длина которой составляет от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, предпочтительно от более чем 400 до примерно 3000 остатков. В некоторых вариантах, XTEN имеет последовательности, состоящие из от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, предпочтительно от более чем 400 до примерно 3000 остатков, где по меньшей мере примерно 80% последовательности XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, где в каждом из мотивов примерно от 9 до 36 аминокислотных остатков, где каждый из мотивов состоит от четырех до шести типов аминокислот, выбранных из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P), и где содержание любого типа аминокислоты в последовательности XTEN полной длины не превышает 30%. В других воплощениях по меньшей мере примерно 90% последовательности XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, где каждый из мотивов имеет от 9 до 36 типов аминокислотных остатков, где мотивы состоят из от 4 до 6 аминокислот, выбранных из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P), и где содержание любого типа аминокислоты в последовательности XTEN полной длины не превышает 30%. В других воплощениях по меньшей мере примерно 90% последовательности XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, где в каждом из мотивов 12 аминокислотных остатков, состоящих из от четырех до шести типов аминокислот, выбранных из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P), и где содержание любого типа аминокислоты в последовательности XTEN полной длины не превышает 30%. В еще других воплощениях, по меньшей мере примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99% до примерно 100% последовательности XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, где в каждом из мотивов 12 аминокислотных остатков, где каждый из мотивов состоит от четырех до шести типов аминокислот, выбранных из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P), и где содержание любого типа аминокислоты в последовательности XTEN полной длины не превышает 30%.

В еще других воплощениях XTEN включает неповторяющиеся последовательности, состоящие из от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, предпочтительно от более чем 400 до примерно 3000 остатков, где по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99% последовательности состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, где в каждом из мотивов примерно от 9 до 14 аминокислотных остатков, где каждый из мотивов состоит от четырех до шести типов аминокислот, выбранных из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P) и где последовательность любых двух соседних аминокислотных остатков не повторяется более чем дважды в мотиве последовательности. В других воплощениях по меньшей мере примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99% последовательности XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, состоящих из 12 аминокислотных остатков, где каждый из мотивов состоит от четырех до шести типов аминокислот, выбранных из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P) и где последовательность любых двух соседних аминокислотных остатков не повторяется более чем дважды в мотиве последовательности. В других воплощениях по меньшей мере примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99% последовательности XTEN состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности, состоящих из 12 аминокислотных остатков, где каждый из мотивов состоит из лбых двух типов аминокислот, выбранных из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P) и где последовательность любых двух соседних аминокислотных остатков не повторяется более чем дважды в мотиве последовательности. В еще других воплощениях XTEN состоит из мотивов последовательности, в которых по 12 аминокислотных остатков, где аминокислоты выбраны из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P), и где последовательность любых двух соседних аминокислотных остатков не повторяется более чем дважды в мотиве последовательности, и где содержание любого типа аминокислоты в последовательности XTEN полной длины не превышает 30%. В вышеупомянутых воплощениях, описанных выше в этом параграфе, последовательность XTEN будет по существу неповторяющейся.

В некоторых воплощениях в изобретении предложены композиции, включающие неповторяющуюся последовательность(и) XTEN из от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, предпочтительно от более чем 400 до примерно 3000 остатков, где по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или

примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99% до примерно 100% последовательности состоит из многочисленных блоков двух или более неперекрывающихся мотивов последовательности, выбранных из аминокислотных последовательностей табл. 2. В некоторых воплощениях XTEN включает неперекрывающиеся мотивы последовательности, в которых примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99% до примерно 100% последовательности состоит из двух или более неперекрывающихся мотивов последовательности, выбранных из семейств отдельных мотивов табл. 2, что приводит к "семейной" последовательности, в которой последовательность в целом остается, по существу, неповторяющейся. Соответственно, в этих воплощениях последовательность XTEN включает множество блоков неперекрывающихся мотивов последовательности, относящихся к семейству мотивов AD, или к семейству мотивов AE, или к семейству мотивов AF, или к семейству мотивов AG, или к семейству мотивов AM, или к семейству мотивов AQ, или к семейству мотивов BC, или к семейству мотивов BD последовательностей табл. 2. В других воплощениях XTEN включает мотивы последовательностей из двух или более семейств мотивов табл. 2.

Таблица 2

Мотивы последовательности XTEN из 12 аминокислот и семейства мотивов

Семейство мотивов*	**ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ МОТИВА**
AD	GESPGGSSGSES
AD	GSEGSSGPGESS
AD	GSSESGSSEGGP
AD	GSGGEPSESGSS
AE, AM	GSPAGSPTSTEE
AE, AM, AQ	GSEPATSGSETP
AE, AM, AQ	GTSESATPESGP
AE, AM, AQ	GTSTEPSEGSAP
AF, AM	GSTSESPSGTAP
AF, AM	GTSTPESGSASP
AF, AM	GTSPSGESSTAP
AF, AM	GSTSSTAESPGP
AG, AM	GTPGSGTASSSP
AG, AM	GSSTPSGATGSP
AG, AM	GSSPSASTGTGP
AG, AM	GASPGTSSTGSP
AQ	GEPAGSPTSTSE
AQ	GTGEPSSTPASE
AQ	GSGPSTESAPTE
AQ	GSETPSGPSETA
AQ	GPSETSTSEPGA
AQ	GSPSEPTEGTSA
BC	GSGASEPTSTEP
BC	GSEPATSGTEPS
BC	GTSEPSTSEPGA
BC	GTSTEPSEPGSA
BD	GSTAGSETSTEA
BD	GSETATSGSETA
BD	GTSESATSESGA
BD	GTSTEASEGSAS

* Означает индивидуальные последовательности мотива, которые, когда используются вместе в различных перестановках, дают в результате "семейную последовательность".

В других вариантах, композиция ГР-XTEN включает неповторяющуюся последовательность XTEN из от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, предпочтительно от более чем 400 до примерно 3000 остатков, где по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99% до примерно 100% последовательности состоит из неперекрывающихся мотивов последовательности из 36 аминокислот, выбранных из одной или более полипептидных последовательностей табл. 8-11.

В тех воплощениях, где компонент XTEN гибридного белка ГР-XTEN имеет менее чем 100% аминокислот, представленных 4-6 аминокислотами, выбранными из глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P), или менее чем 100% последовательности, состоящей из мотивов последовательности табл. 2, или менее чем на 100% идентичную с XTEN из табл. 3, другие аминокислотные остатки выбираются среди других 14 природных L-аминокислот, но преимущественно выбор производится из гидрофильных аминокислот, так что последовательность XTEN содержит по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 91%, или по меньшей мере при-

мерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 96%, или по меньшей мере примерно 97%, или по меньшей мере примерно 98%, или по меньшей мере примерно 99% гидрофильных аминокислот. Входящие в XTEN аминокислоты, которые не являются глицином (G), аланином (A), серином (S), треонином (T), глутаминовой кислотой (E) и пролином (P) разбросаны по последовательности XTEN, размещены внутри или между мотивами последовательности или сконцентрированы на одном или более коротком отрезке последовательности XTEN. В таких случаях, когда компонент XTEN гибридного белка ГР-XTEN включает иные аминокислоты, чем глицин (G), аланин (A), серин (S), треонин (T), глутаминовую кислоту (E) и пролин (P), предпочтительно, чтобы аминокислоты не являлись гидрофобными остатками и в основном не придавали вторичной структуры компоненту XTEN. Гидрофобные остатки, которым оказывают наименьшее предпочтение при построении XTEN, включают триптофан, фенилаланин, тирозин, лейцин, изолейцин, валин и метионин. Дополнительно, можно создать последовательности XTEN так, чтобы они содержали небольшое количество (например, менее 5%) или не содержали совсем следующие аминокислоты: цистеин (чтобы избежать формирования дисульфидных связей и окисления), метионин (чтобы избежать окисления), аспарагин и глутамин (чтобы избежать дезаминирования). Таким образом, в некоторых воплощениях компонент XTEN гибридного белка ГР-XTEN, включающий другие аминокислоты в дополнение к глицину (G), аланину (A), серину (S), треонину (T), глутаминовой кислоте (E) и пролину (P), будет иметь последовательность с менее чем 5% остатков, которые вносят вклад в формирование альфа-спиралей и бета-листов, оцениваемое алгоритмом Чау-Фасмана, и по меньшей мере 90%, или по меньшей мере примерно 95% или более беспорядочной клубковой конформации, согласно оценке алгоритма GOR.

3. Длина последовательности.

В другом аспекте настоящего изобретения изобретение охватывает композиции ГР-XTEN, включающие в качестве носителей полипептиды XTEN с увеличенной длиной последовательностей. В настоящем изобретении используют тот факт, что увеличение длины неповторяющихся, лишенных структуры полипептидов усиливает бесструктурную природу XTEN и соответственно усиливает биологические и фармакокинетические свойства гибридных белков, включающих носитель XTEN. Как более подробно описано в примерах, пропорциональное увеличение длины XTEN, даже, если он создан путем фиксированного повторяющегося порядка отдельных семейных мотивов последовательности (например, четырех мотивов AE из табл. 2), результатом является последовательность с более высоким процентом беспорядочной клубковой конформации, как определено алгоритмом GOR, по сравнению с более короткими длинами XTEN. Вообще, увеличение длины лишенного структуры полипептида, являющегося партнером слияния, как описано в примерах, приводит к гибридному белку с непропорциональным увеличением периода полувыведения по сравнению с гибридными белками, где партнерами являются лишенные структуры полипептиды с более короткими последовательностями.

Неограничивающие примеры XTEN, рассматриваемых с точки зрения включения их в ГР-XTEN по данному изобретению, представлены в табл. 3. В одном из воплощений в изобретении предложены композиции ГР-XTEN, где длина последовательности XTEN гибридного белка(ов) составляет от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, и в некоторых случаях от более чем 400 до примерно 3000 остатков где XTEN придает усиленные фармакокинетические свойства ГР-XTEN по сравнению с ГР, не связанным с XTEN. В некоторых воплощениях последовательности XTEN композиций ГР-XTEN по настоящему изобретению могут быть примерно 100, или примерно 144, или примерно 288, или примерно 401, или примерно 500, или примерно 600, или примерно 700, или примерно 800, или примерно 900, или примерно 1000, или примерно 1500, или примерно 2000, или примерно 2500 или вплоть до примерно 3000 аминокислотных остатков длиной. В других случаях, последовательности XTEN могут быть от примерно 100 до 150, от примерно 150 до 250, от примерно 250 до 400, 401 до примерно 500, от примерно 500 до 900, от примерно 900 до 1500, от примерно 1500 до 2000, или от примерно 2000 до примерно 3000 аминокислотных остатков длиной. В одном воплощении ГР-XTEN может включать последовательность XTEN, которая проявляет по меньшей мере примерно 80% идентичности, или, альтернативно, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 или 100% идентичности последовательности XTEN, выбранной из табл. 3. В некоторых воплощениях последовательность XTEN создается для оптимизации экспрессии как N-концевой компонент ГР-XTEN путем включения кодирующих нуклеотидов для оптимизированной N-концевой лидерной последовательности (NTS) в относящуюся к XTEN часть гена, кодирующего гибридный белок. В одном воплощении N-концевая последовательность XTEN экспрессированного ГР-XTEN имеет по меньшей мере 90% идентичность последовательности по отношению к последовательностям AE48 или AM48, AE624, или AE912 или AM923. В другом воплощении XTEN имеет N-концевые остатки, описанные в примерах 14-17.

В других воплощениях гибридный белок ГР-XTEN включает первую и вторую последовательности XTEN, где общее совокупное количество остатков в последовательностях XTEN больше чем примерно от 400 до примерно 3000 аминокислотных остатков. В вышеупомянутых воплощениях гибридный белок ГР-XTEN включает первую и вторую последовательности XTEN, где каждая из последовательностей проявляет по меньшей мере примерно 80% идентичности, или, альтернативно, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 или 100% идентичности, по меньшей мере, первой или допол-

нительно второй последовательности XTEN, выбранной из табл. 3. Примеры, где более чем один XTEN используется в композиции ГР-XTEN включают, не ограничиваясь ими, конструкции с XTEN, присоединенным к обоим N- и С-концам по меньшей мере одного ГР.

Как описано с большей полнотой ниже, в изобретении предложены способы, в которых ГР-XTEN проектируется путем выбора длины XTEN, чтобы придать гибридному белку при введении его субъекту целевой период полувыведения. Вообще, XTEN с длиной, превышающей в совокупности примерно 400 остатков, включенный в композиции ГР-XTEN, приводит к увеличению продолжительность периода полувыведения по сравнению с более короткими совокупными длинами; например, короче примерно 280 остатков. Однако в другом воплощении, гибридные белки ГР-XTEN проектируются, чтобы включить XTEN с более длинной последовательностью, которая выбирается, чтобы дополнительно придать более медленные уровни систематической абсорбции после подкожного или внутримышечного введения субъекту. В таких вариантах C_{max} уменьшается по сравнению с сопоставимой дозой ГР, не связанного с XTEN, таким образом влияя на способность ГР XTEN удерживаться внутри терапевтического окна, благодаря этой композиции. Таким образом, XTEN передает введенному ГР-XTEN свойства депо, в дополнение к другим физическим/химическим свойствам, описанным в настоящем документе.

Таблица 3

Полипептиды XTEN

Название XTEN	**Аминокислотная последовательность**
AE48	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGS
AM48	MAEPAGSPTSTEEGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS
AE144	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
AF144	GTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAP
AE288	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
AF504	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSXPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSXPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSST

	EPSESGSSGESPGGSSGSESGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGPGSEGSSGPGESS
AE576	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
AF576	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSTPE SGSASPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAP GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSES PSGTAPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP GTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASP GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPE SGSASPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASP GSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASP
AE624	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTE EGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
AD836	GSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPG GSSGSESGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGESPGGSSGS ESGESPGGSSGSESGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSS ESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGSGGEPSE SGSSGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGPG SGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSGGEP SESGSSGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGESPGGSSGSESGSEGSSGPGESSGSEGSSGPGES SGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGSEG SSGPGESSGESPGGSSGSESGSEGSSGPGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSG SEGSSGPGESSGSEGSSGPGESSGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGG SSGSESGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGESPGGSSGSESGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGG PGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGSSE SGSSEGGPGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSS
AE864	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSE PATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAP
AF864	GSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPE SGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAP

	GTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSTPE SGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPE SGSASPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGPXXXGASASGAPSTXXXXSESPSGTAPGSTSE SPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSAS PGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSE SPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSAS PGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPS GESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTA PGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSSPSASTGTGPGSSTP SGATGSPGSSTPSGATGSP
AG864	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPS ASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGS STPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATG SPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATG SSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGS PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSST PSGATGSPGASPGTSSTGSP
AM875	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSSTP SGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGASASGAPSTGGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGST SSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEG SAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP
AE912	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTE EGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
AM923	MAEPAGSPTSTEEGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGT APGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE

	GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPGTPGSG TASSSPGSSTPSGATGSPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGASASGAPSTGGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GSSPSASTGTGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSTSSTAESPGPGSTSST AESPGPGTSPSGESSTAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSTSSTAESPGP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSSTPS GATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTE EGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAP
AM1318	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSTPESGSASPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSSTP SGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGPEPTGPAPSGGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTS ESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGS STPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASASGAPSTGGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGES STAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPG ASPGTSSTGSPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSESATPESGPGSEPATS GSETPGTSTEPSEGSAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSSTPSG ATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGP GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAP
BC 864	GTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGSEPA TSGTEPSGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGS AGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSEP ATSGTEPSGTSEPSTSEPGAGSGASEPTSTEPGTSEPSTSEPGAGSEPATSGTEPSGSEPATSGT EPSGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSGASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGSE PATSGTEPSGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEP GSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSGASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGS GASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEP TSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGSA GTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGTSEPSTSEPGAGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEP SGSGASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGTSEP STSEPGAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTST EPGTSTEPSEPGSA
BD864	GSETATSGSETAGTSESATSESGAGSTAGSETSTEAGTSESATSESGAGSETATSGSETAGSET ATSGSETAGTSTEASEGSASGTSTEASEGSASGTSESATSESGAGSETATSGSETAGTSTEASE GSASGSTAGSETSTEAGTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETAGTSESATSESGA GTSTEASEGSASGSETATSGSETAGSETATSGSETAGTSTEASEGSASGSTAGSETSTEAGTSE SATSESGAGTSTEASEGSASGSETATSGSETAGSTAGSETSTEAGSTAGSETSTEAGSETATSG SETAGTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETAGTSESATSESGAGTSESATSESGA GSETATSGSETAGSETATSGSETAGTSTEASEGSASGSTAGSETSTEAGSETATSGSETAGTSE SATSESGAGTAGSETSTEAGSTAGSETSTEAGSTAGSETSTEAGTSTEASEGSASGSTAGSET STEAGSTAGSETSTEAGTSTEASEGSASGSTAGSETSTEAGSETATSGSETAGTSTEASEGSAS GTSESATSESGAGSETATSGSETAGTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETAGTSE SATSESGAGSETATSGSETAGTSTEASEGSASGTSTEASEGSASGSTAGSETSTEAGSTAGSET STEAGSETATSGSETAGTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETAGSETATSGSETA
	GSETATSGSETAGTSTEASEGSASGTSESATSESGAGSETATSGSETAGSETATSGSETAGTSE SATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETA

4. Сегменты XTEN.

В одном воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок ГР-XTEN, где совокупная длина компонента XTEN от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков, содержащих по меньшей мере один сегмент полипептидной последовательности, выбранный из табл. 3, 8, 9, 10, 11 и 12 и где по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 91%, или по меньшей мере примерно 92%, или по меньшей мере примерно 93%, или по меньшей мере примерно 94%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 96%, или по меньшей мере примерно 97%, или по меньшей мере примерно 98% или более от оставшейся последовательности XTEN содержит гидрофильные аминокислоты и менее чем примерно 2% оставшегося XTEN состоит из гидрофобных или ароматических аминокислот, или цистеина. В некоторых воплощениях XTEN содержит множество сегментов, где сегменты идентичны или различаются. В другом воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок ГР-XTEN, где совокупная длина компонента XTEN от более чем примерно 100 до примерно 3000 аминокислотных остатков и включает по меньшей мере один сегмент последовательности по меньшей мере примерно от 100 до примерно 923, или примерно от 100 до примерно 875, или примерно от 100 до примерно 576, или примерно от 100 до примерно 288, или примерно от 100 до примерно 144 аминокислотных остатков, где сегмент(ы) последовательности состоят из

по меньшей мере трех различных типов аминокислот, и сумма остатков глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P) в сегменте (сегментах) последовательности составляет по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 91%, или по меньшей мере примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 96%, или по меньшей мере примерно 97%, или по меньшей мере примерно 98%, или по меньшей мере примерно 99% от всей аминокислотной последовательности сегмента, и по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 91%, или по меньшей мере примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 96%, или по меньшей мере примерно 97%, или по меньшей мере примерно 98% остатка последовательности (последовательностей) XTEN, состоящей из гидрофильных аминокислот, и менее чем примерно 2% остатка последовательности (последовательностей) XTEN, состоящего из гидрофобных или ароматических аминокислот, или цистеина. В другом воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок ГР-XTEN, где совокупная длина компонента XTEN более чем примерно 100 и менее чем примерно 3000 аминокислотных остатков, и включает по меньшей мере один сегмент из по меньшей мере от примерно 200 до примерно 923, или по меньшей мере примерно от 200 до примерно 875, или по меньшей мере примерно от 200 до примерно 576, или по меньшей мере от примерно 200 до примерно 288 аминокислотных остатков, где в сегменте (сегменты) последовательности сумма остатков глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P) составляет по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 91%, или по меньшей мере примерно 92%, или по меньшей мере примерно 93%, или по меньшей мере примерно 94%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 96%, или по меньшей мере примерно 97%, или по меньшей мере примерно 98% или по меньшей мере примерно 99% от всей аминокислотной последовательности сегмента, и где балл субпоследовательностей сегмента менее 12, более предпочтительно менее 10, более предпочтительно менее 9, более предпочтительно менее 8, более предпочтительно менее 7, более предпочтительно менее 6, наиболее предпочтительно менее 5, и по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 91%, или по меньшей мере примерно 92%, или по меньшей мере примерно 93%, или по меньшей мере примерно 94%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 96%, или по меньшей мере примерно 97%, или по меньшей мере примерно 98% остатка последовательности (последовательностей) XTEN, состоящих из гидрофильных аминокислот, и менее чем примерно 2% остатка последовательности (последовательностей) XTEN содержит гидрофобные, ароматические аминокислоты или цистеин.

5. N-концевые последовательности XTEN, усиливающие экспрессию.

В некоторых воплощениях в изобретении предложены последовательности XTEN, включенные в N-концевую часть гибридного белка ГР-XTEN. Экспрессия гибридного белка усилена в клетке-хозяине, трансформированной подходящим экспрессионным вектором, который включает оптимизированную N-концевую лидерную полинуклеотидную последовательность (которая кодирует N-концевой XTEN), включенную в полинуклеотид, кодирующий связанный гибридный белок. Было выявлено, как описывается в примерах 14-17, что клетка-хозяин, трансформированная таким экспрессионным вектором, который включает оптимизированную N-концевую лидерную последовательность (NTS), связанную с геном, кодирующим гибридный белок, приводит к значительно усиленной экспрессии гибридного белка по сравнению с экспрессией соответствующего гибридного белка из полинуклеотида, не включающего NTS, и устраняет необходимость включения иной, чем XTEN, лидерной последовательности, используемой для усиления экспрессии. В одном воплощении в изобретении предложены гибридные белки ГР-XTEN, включающие NTS, где экспрессия связанного гибридного белка из кодирующего гена в клетке-хозяине усилена примерно на 50%, или примерно на 75%, или примерно на 100%, или примерно на 150%, или примерно на 200%, или примерно на 400% по сравнению с экспрессией гибридного белка ГР-XTEN, не включающего N-концевую последовательность XTEN (где у кодирующего гена отсутствует NTS).

В одном воплощении N-концевой полипептид XTEN, входящий в ГР-XTEN, включает последовательность, которая проявляет по меньшей мере примерно 80%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 90%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 91%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 92%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 93%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 94%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 95%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 96%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 97%, более предпочтительно по меньшей мере примерно 98%, более предпочтительно по меньшей мере 99%, или проявляет 100% идентичность аминокислотной последовательности AE48 или AM48, которым соответствуют следующие аминокислотные последовательности:

AE48: MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGS

AM48: MAEPAGSPTSTEEGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS

В другом воплощении короткий N-концевой XTEN присоединяется к XTEN большей длины для формирования N-концевого района гибридного белка ГР-XTEN, где полинуклеотидная последовательность, кодирующая короткий N-концевой XTEN, придает свойства усиливать экспрессию в клетке-

хозяине, и где значительная длина экспрессируемого XTEN вносит вклад в усиление свойств носителя XTEN в гибридном белке, как описано выше. В вышеизложенном воплощении, короткий XTEN присоединяется к любому XTEN, раскрытому в настоящем документе (например, XTEN табл. 3), и полученный в результате XTEN, в свою очередь, связывается с N-концом любого ГР, раскрытого в настоящем документе (например, ГР табл. 1) в качестве компонента гибридного белка. В свою очередь, полинуклеотиды, кодирующие короткий XTEN (или его комплемент), соединены с полинуклеотидами, кодирующими любой из XTEN (или его комплемент), раскрытый в настоящем документе, и полученный в результате ген, кодирующий N-концевой XTEN, в свою очередь, присоединен к 5-концу полинуклеотидов, кодирующих любой ГР (или к 3'-концу его комплемента), раскрытый в настоящем документе. В некоторых воплощениях N-концевой полипептид XTEN большой длины проявляет по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 91%, или по меньшей мере примерно 92%, или по меньшей мере примерно 93%, или по меньшей мере примерно 94%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 96%, или по меньшей мере примерно 97%, или по меньшей мере примерно 98%, или по меньшей мере 99%, или проявляет 100% идентичности последовательности по отношению к аминокислотной последовательности, выбранной из группы, состоящей из последовательностей AE624, AE912 и AM923.

В любом из предыдущих воплощений N-концевого XTEN, описанных выше, N-концевой XTEN может иметь от одного до примерно шести дополнительных аминокислотных остатков, предпочтительно выбранных из GESTPA, чтобы согласовать рестрикцию эндонуклеазой сайтов рестрикции, которые были бы задействованы для присоединения нуклеотидов, кодирующих N-концевой XTEN, к гену, кодирующему целевой фрагмент гибридного белка. Способы генерации N концевых последовательностей и включения в гибридные белки по данному изобретению описаны с большей полнотой в примерах.

6. Суммарный заряд.

В других воплощениях полипептиды XTEN имеют неструктурированную характеристику, придаваемую включением аминокислотных остатков с результирующим зарядом и/или уменьшенной долей гидрофобных аминокислот в последовательности XTEN. Полный суммарный заряд и плотность заряда контролируются путем модификации содержания заряженных аминокислот в последовательностях XTEN. В некоторых вариантах, плотность суммарного заряда XTEN, входящих в композиции, может быть выше +0,1 или ниже -0,1 единиц на остаток. В других воплощениях суммарный заряд XTEN может быть примерно 0%, примерно 1%, примерно 2%, примерно 3%, примерно 4%, примерно 5%, примерно 6%, примерно 7%, примерно 8%, примерно 9%, примерно 10%, примерно 11%, примерно 12%, примерно 13%, примерно 14%, примерно 15%, примерно 16%, примерно 17%, примерно 18%, примерно 19%, или примерно 20%, или больше.

Поскольку большинство тканей и поверхностей в организме человека или животного имеет суммарный отрицательный заряд, в некоторых вариантах, последовательности XTEN проектируются так, чтобы иметь отрицательный заряд для минимизации неспецифических взаимодействий между композициями, содержащими XTEN, и различными поверхностями, такими как кровеносные сосуды, здоровые ткани или различные рецепторы. Чтобы не быть связанным частной теорией, XTEN может принимать открытые конформации благодаря электростатическому отталкиванию между индивидуальными аминокислотами полипептида XTEN, который индивидуально несет суммарный отрицательный заряд, распределенный среди последовательности полипептида XTEN. Такое распределение отрицательного заряда в вытянутой в длину последовательности может приводить к лишенной структуры конформации, которая, в свою очередь, может иметь результатом эффективное увеличение гидродинамического радиуса. В предпочтительных вариантах, отрицательный заряд придается путем включения остатков глутаминовой кислоты. Соответственно, в одном воплощении в изобретении предложен XTEN, в котором последовательность XTEN содержит примерно 8, 10, 15, 20, 25, или даже примерно 30% глутаминовой кислоты. Вообще, остатки глутаминовой кислоты могут быть размещены равномерно в пределах последовательности XTEN. В некоторых случаях XTEN может содержать примерно 10-80, или примерно 15-60, или примерно остатков глутаминовой кислоты на 20 кДа XTEN, что может привести в результате к тому, что в XTEN с заряженными остатками, которые могут иметь очень близкую константу диссоциации, может увеличиться гомогенность заряда продукта и заостриться изоэлектрическая точка, что улучшает физико-химические свойства результирующего гибридного белка ГР-XTEN с целью, например, упрощения процедуры его очистки.

Входящий в композиции XTEN по настоящему изобретению не имеет вообще или имеет низкое содержание положительно заряженных аминокислот. В некоторых воплощениях XTEN может иметь менее чем примерно 10% аминокислотных остатков с положительным зарядом, или менее чем примерно 7%, или менее чем примерно 5%, или менее чем примерно 2%, или менее чем примерно 1% аминокислотных остатков с положительным зарядом. Однако в изобретении рассмотрены конструкции, где в XTEN включено ограниченное число аминокислот с положительным зарядом, таких как лизин, чтобы сделать возможной конъюгацию между эпсилон-амином лизина и реакционной группой на пептиде, линкерный мостик, или реакционной группой лекарственные средства или небольшой молекулы, которая должна быть конъюгирована с остовом XTEN. В одном из предшествующих воплощений XTEN имеет примерно от 1

до примерно 100 лизиновых остатков, или примерно от 1 до примерно 70 лизиновых остатков, или примерно от 1 до примерно 50 лизиновых остатков, или примерно от 1 до примерно 30 лизиновых остатков, или примерно от 1 до примерно 20 лизиновых остатков, или примерно от 1 до примерно 10 лизиновых остатков, или примерно от 1 до примерно 5 лизиновых остатков, или в альтернативном случае только один лизиновый остаток. Использование вышеупомянутого лизин-содержащего XTEN, гибридных белков, созданных с включением XTEN, гормона роста, плюс хемотерапевтического агента, полезного в лечении связанных с ростом заболеваний или расстройств, где максимальное количество молекул, включенных в компонент XTEN, определяется количеством лизина или других аминокислот, с реакционными боковыми цепями (например, цистеина), включенных в XTEN.

В некоторых воплощениях последовательность XTEN включает заряженные остатки, разделенные другими остатками, такими как серин или глицин, которые ведут к лучшей экспрессии или лучшему режиму очистки. На основе результирующего заряда, некоторые XTEN имеют изоэлектрическую точку (pI) 1,0, 1,5, 2,0, 2,5, 3,0, 3,5, 4,0, 4,5, 5,0, 5,5, 6,0 или даже 6,5. В предпочтительных воплощениях XTEN будет иметь изоэлектрическую точку между 1,5 и 4,5. В этих вариантах XTEN, включенный в композиции гибридного белка ГР-XTEN по настоящему изобретению, несет при физиологических условиях отрицательный заряд, что способствует лишенной структуры конформации и пониженному связыванию компонента XTEN с белками млекопитающих и тканями.

Так как гидрофобные аминокислоты принимают участие в структуре полипептида, то в изобретении предложено, что содержание гидрофобных аминокислот в XTEN будет обычно менее 5%, или менее 2%, или менее 1%. В одном воплощении содержание аминокислот метионина и триптофана в компоненте XTEN гибридного белка ГР-XTEN обычно менее 5%, или менее 2%, и наиболее предпочтительно менее 1%. В другом воплощении XTEN будет иметь последовательность, в которой менее 10% аминокислотных остатков с положительным зарядом, или примерно менее 7%, или примерно менее 5%, или примерно менее 2% аминокислотных остатков с положительным зарядом, сумма остатков метионина и триптофана будет меньше чем 2%, и сумма остатков аспарагина и глутамина будет меньше чем 10% от всей последовательности XTEN.

7. Низкая иммуногенность.

В другом аспекте в изобретении предложены композиции, в которых последовательности XTEN имеют низкую степень иммуногенности или по существу не являются иммуногенными. Несколько факторов вносят вклад в низкую иммуногенность XTEN, например, неповторяющаяся последовательность, лишенная структуры конформация, высокая степень растворимости, низкая степень или отсутствие самопроизвольной агрегации, низкая степень или отсутствие протеолитических сайтов внутри последовательности и низкая степень или отсутствие эпитопов в последовательности XTEN.

Конформационные эпитопы формируются районами поверхности белка, которые состоят из множества прерывающихся аминокислотных последовательностей белкового антигена. Точный фолдинг белка приводит эти последовательности в хорошо определенные, стабильные пространственные конфигурации, или эпитопы, которые будут опознаны как "чужеродные" гуморальной иммунной системой хозяина, что приводит к производству антител к белку или активации клеточно-опосредованного иммунного ответа. В последнем случае, иммунный ответ на белок в индивидууме находится под сильным влиянием процесса узнавания эпитопа Т-клетками, что является функцией специфичности пептидной связи HLA-DR аллотипа индивидуума. Вовлечение пептидного комплекса Класс II главного комплекса гистосовместимости (MHC Class II) путем распознавания рецептором Т-клетки на ее поверхности, вместе с перекрестным связыванием определенных других корецепторов, таких как молекула CD4, может вызвать активированное состояние внутри Т-клетки. Активация ведет к высвобождению цитокинов, далее активирующих другие лимфоциты, такие как В-клетки для производства антител или активации клеток Т-киллеров, в качестве полного клеточного иммунного ответа.

Способность пептида связывать данную молекулу MHC Class II для представления на поверхности антиген-презентирующих клеток (APC) зависит от ряда факторов, наиболее заметно от первичной последовательности. В одном воплощении более низкая степень иммуногенности достигается путем конструирования последовательностей XTEN, которые сопротивляются процессингу антигена в антиген-презентирующих клетках, и/или отборе последовательностей, которые не связываются должным образом с рецепторами MHC. В изобретении предложены гибридные белки ГР-XTEN в основном с неповторяющимися полипептидами XTEN, сконструированными для уменьшения связывания с рецепторами MHC II, также для того, чтобы избежать формирования эпитопов для рецепторов Т-клеток или связывания антитела, что находит результат в низкой степени иммуногенности. Избежание иммуногенности является, отчасти, прямым результатом конформационной гибкости последовательностей XTEN, т.е. отсутствия вторичной структуры, благодаря отбору и порядку аминокислотных остатков. Например, особый интерес представляют последовательности, имеющие низкую тенденцию принимать компактно сложенные конформации в водном растворе или в физиологических условиях, которые могут вызвать образование конформационных эпитопов. Введение гибридных белков, включающих XTEN, используя общепринятые терапевтические практики и дозы, в целом не приведет к формированию нейтрализующих антител к последовательности XTEN, а также уменьшает иммуногенность партнера ГР в композициях ГР-XTEN.

В одном воплощении последовательности XTEN, используемые в обсуждаемых гибридных белках, могут быть по существу свободны от эпитопов, распознаваемых человеческими Т-клетками. Устранение таких эпитопов для целей создания менее иммуногенных белков было раскрыто прежде; см., например, WO 98/52976, WO 02/079232 и WO 00/3317, которые включены в настоящий документ в виде ссылок. Исследования человеческих эпитопов Т-клеток были описаны (Stickler, M., et al. (2003), J. Immunol Methods, 281: 95-108). Особый интерес представляют последовательности пептида, которые могут быть олигомеризованы без образования Т-клеточных эпитопов, или отличные от человеческих последовательности. Это достигается тестированием прямых повторов этих последовательностей на предмет присутствия Т-клеточных эпитопов и выявления встречаемости 6-15-меров и, в частности, 9-мерных последовательностей, не относящихся к человеческим, и затем изменения конструкции последовательности XTEN для ликвидации или разрыва последовательности эпитопа. В некоторых вариантах, последовательности XTEN по существу неиммуногенны из-за рестрикции ряда эпитопов XTEN, которые, согласно предсказанию, будут связывать рецепторы MHC. С сокращением числа эпитопов, способных к связыванию с рецепторами MHC, имеет место сопутствующее сокращение потенциала активации Т-клетки, как и функции Т-клетки хелпера, снижение активации В-клетки или регуляции и снижение производства антител. Низкое содержание предсказанных эпитопов Т-клеток может быть определено посредством алгоритмов предсказания эпитопов, таких как, например, TEPITOPE (Sturniolo, T., et al. (1999), Nat Biotechnol, 17: 555-61), как показано в примере 45. Уровень TEPITOPE данной рамки пептида внутри белка представляет собой log от K_d (константы диссоциации, противоположной связыванию) связывания рамки этого пептида с множеством наиболее распространенных аллелей человеческого MHC alleles, как раскрыто в работе Sturniolo, T. et al. (1999), Nature Biotechnology 17:555). Уровень колеблется свыше по меньшей мере 20 20 logs, от примерно 10 до примерно -10 (что соответствует противодействующей связыванию величине константы диссоциации от $10e^{10}$ K_d до $10e^{-10}$ K_d), и может быть сокращен путем исключения гидрофобных аминокислот, которые служат якорными остатками во время взаимодействия пептида с главными молекулами гистосовместимости (MHC), такие как M, I, L, V, F. В некоторых вариантах, компонент XTEN, включенный в ГР-XTEN, не имеет предсказанного Т-клеточного эпитопа при уровне TEPITOPE от примерно -5 или более, или -6 или более, или -7 или более, или -8 или более, или при уровне TEPITOPE -9 или более. Используемое в настоящем документе, выражение уровень "-9 или более" будет охватывать уровни TEPITOPE от 10 до -9, включительно, но не будет охватывать уровни -10, поскольку -10 меньше чем -9.

В другом воплощении последовательности XTEN по изобретению, включенные в гибридные белки ГР-XTEN, являющиеся предметом рассмотрения, оказываются по существу неиммуногенными в результате рестрикции известных протеолитических сайтов последовательности XTEN, уменьшения процессинга XTEN в малые пептиды, которые могут связываться с рецепторами MHC II. В другом воплощении последовательность XTEN является по существу неиммуногенной путем использования последовательностей, которые в основном лишены вторичной структуры, что придает устойчивость ко многим протеазам, благодаря высокой энтропии структуры. Соответственно, композиции XTEN со сниженным уровнем TEPITOPE и удалением известных протеолитических сайтов из XTEN, относящихся к композициям XTEN, включая композиции гибридного белка ГР-XTEN, по существу неспособны связываться с рецепторами млекопитающих, включая те, которые относятся к иммунной системе. В одном воплощении XTEN гибридного белка ГР-XTEN может иметь больше 100 нМ K_d связывания с рецептором млекопитающего, или более чем 500 нМ K_d, или более чем 1 мкМ K_d к поверхности клетки млекопитающего или циркулирующим полипептидным рецепторам.

Дополнительно, неповторяющаяся последовательность и соответствующее отсутствие эпитопов в XTEN ограничивает способность В-клеток вступать в связь или быть активированными XTEN. Повторяющаяся последовательность распознается и может формировать многовалентные контакты с даже небольшим количество В-клеток и, как следствие перекрестного связывания многочисленных независимых рецепторов Т-клеток, могут стимулировать пролиферацию В-клеток и производство антител. В противоположность этому, в то время как XTEN может создавать контакты с многочисленными В-клетками на его вытянутой последовательности, каждая индивидуальная В-клетка может создавать один или малое число контактов с индивидуальным XTEN, благодаря отсутствию повторяемости последовательности. Чтобы не быть связанным какой-либо теорией, XTEN обычно имеют значительно меньшую тенденцию к пролиферации В-клеток и, следовательно, иммунному ответу. В одном воплощении ГР-XTEN имеет сниженную иммуногенность по сравнению с соответствующим ГР, который не гибридизирован. В одном воплощении введение до трех парентеральных доз ГР-XTEN млекопитающим привело к обнаруживаемому анти-ГР-XTEN иммуноглобулину IgG в сыворотке при разбавлении 1:100, но не при разбавлении 1:1000. В другом воплощении введение до трех парентеральных доз ГР-XTEN млекопитающему приводит к обнаруживаемому анти-ГР иммуноглобулину IgG в сыворотке при разбавлении 1:100, но не при разбавлении 1:1000. В другом воплощении введение до трех парентеральных доз ГР-XTEN млекопитающему приводит к обнаруживаемому анти-XTEN иммуноглобулину IgG в сыворотке при разбавлении 1:100, но не при разбавлении 1:1000. В вышеперечисленных вариантах, млекопитающее может являться мышью, крысой, кроликом или макакой.

Дополнительной особенностью XTEN с неповторяющимися последовательностями, относительно последовательностей с высокой степенью повторяемости, является то, что неповторяющиеся XTEN формируют более слабые контакты с антителами. Антитела являются многовалентными молекулами. Например, иммуноглобулины IgGs имеют два идентичных сайта связывания, а IgMs содержат 10 идентичных сайтов связывания. Следовательно, антитела против повторяющихся последовательностей могут формировать многовалентные контакты с каждой такой повторяющейся последовательностью с высокой интенсивностью, которая может влиять на действенность и/или вызывать устранение таких повторяющихся последовательностей. В противоположность, антитела против неповторяющихся последовательностей XTEN могут давать одновалентные взаимодействия, что приводит к меньшей вероятности иммунного клиренса, так что композиции ГР-XTEN могут сохраняться в кровотоке в течение большего периода времени.

8. Увеличенный гидродинамический радиус.

В ином аспекте, в настоящем изобретении предложен XTEN, в котором полипептиды XTEN имеют высокий гидродинамический радиус, который придает соответствующее увеличение кажущегося молекулярного веса гибридному белку ГР-XTEN, включающему XTEN. Как детализировано в примере 37, связывание XTEN с последовательностями ГР приводит к тому, что композиции ГР-XTEN могут иметь увеличенный гидродинамический радиус, увеличенный кажущийся молекулярный вес и увеличенный фактор кажущегося молекулярного веса по сравнению с ГР, не связанным с XTEN. Например, в терапевтических применениях, в которых желательно пролонгировать период полувыведения, композиции, XTEN с высоким гидродинамическим радиусом, который включен в гибридный белок, включающий один или более ГР, может эффективно увеличить гидродинамический радиус композиции свыше размера гломерулярной поры примерно до 3-5 нм (который соответствует кажущемуся молекулярному весу примерно 70 кДа) (Caliceti. 2003. Pharmacokinetic and biodistribution properties of poly(ethylene glycol)-protein conjugates. Adv Drug Deliv Rev 55:1261-1277), приводя к сниженному почечному клиренсу циркулирующих белков. Гидродинамический радиус белка определяется его молекулярным весом, как и его структурой, включая форму или компактность. Чтобы не быть связанным особой теорией, XTEN может принимать открытые конформации благодаря электростатическому отталкиванию между индивидуальными зарядами пептида и присущей гибкости, придаваемой отдельными аминокислотами в последовательности, которые лишены способности к приданию вторичной структуры. Открытая, вытянутая и лишенная структуры конформация полипептида XTEN может иметь больший пропорциональный гидродинамический радиус по сравнению с полипептидами с сопоставимой длиной последовательности и/или молекулярным весом, имеющими вторичную и/или третичную структуру, такими как типичные глобулярные белки. Способы определения гидродинамического радиуса хорошо известны в науке, такие как использование эксклюзионной хроматографии, как описано в патентах США № 6406632 и 7294513. Как показали результаты примера 37, добавление XTEN с увеличенной длиной приводит к пропорциональному увеличению параметров гидродинамического радиуса, кажущегося молекулярного веса и фактора кажущегося молекулярного веса, позволяя изготовление ГР-XTEN с желаемыми характеристиками путем сокращения кажущихся молекулярных весов или гидродинамических радиусов. Соответственно, в определенных воплощениях, гибридный белок ГР-XTEN может иметь такую конфигурацию, что его гибридный радиус может принимать значения по меньшей мере примерно 5 нм, или по меньшей мере примерно 8 нм, или по меньшей мере примерно 10 нм, или 12 нм, или по меньшей мере примерно 15 нм. В вышеперечисленных воплощениях, большой гидродинамический радиус, придаваемый XTEN гибридному белку ГР-XTEN, может приводить к снижению почечного клиренса результирующего гибридного белка, что ведет к соответствующему увеличению периода полувыведения, увеличению времени пребывания в организме и/или снижению уровня почечного клиренса.

В другом воплощении XTEN с выбранной длиной и последовательностью может быть избирательно включен в ГР-XTEN, чтобы создать гибридный белок, который при физиологических условиях имеет кажущийся молекулярный вес по меньшей мере примерно 150 кДа, или по меньшей мере примерно 300 кДа, или по меньшей мере примерно 400 кДа, или по меньшей мере примерно 500 кДа, или по меньшей мере примерно 600 кДа, или по меньшей мере примерно 700 кДа, или по меньшей мере примерно 800 кДа, или по меньшей мере примерно 900 кДа, или по меньшей мере примерно 1000 кДа, или по меньшей мере примерно 1200 кДа, или по меньшей мере примерно 1500 кДа, или по меньшей мере примерно 1800 кДа, или по меньшей мере примерно 2000 кДа, или по меньшей мере примерно 2300 кДа или более. В другом воплощении XTEN с выбранной длиной и последовательностью может быть избирательно присоединен к ГР для получения гибридного белка ГР-XTEN, который имеет, при физиологических условиях, фактор кажущегося молекулярного веса по меньшей мере три, в альтернативном случае по меньшей мере четыре, в альтернативном случае по меньшей мере пять, в альтернативном случае по меньшей мере шесть, в альтернативном случае по меньшей мере восемь, в альтернативном случае по меньшей мере 10, в альтернативном случае по меньшей мере 15, или фактор кажущегося молекулярного веса составляет по меньшей мере 20 и более. В другом воплощении гибридный белок ГР-XTEN имеет, при физиологических условиях, фактор кажущегося молекулярно веса, составляющий от примерно 4 до примерно 20, или от примерно 6 до примерно 15, или от примерно 8 до примерно 12, или от примерно 9 до примерно 10

относительно действительного молекулярного веса гибридного белка.

V) Структурные конфигурации и свойства ГР-XTEN

ГР рассматриваемых композиций не ограничивается нативными, полной длины, полипептидами, но также включает рекомбинантные версии, и биологически и/или фармакологически активные варианты или фрагменты таковых. Например, будут приняты во внимание различные делеции аминокислот, вставки и замещения, которые могут быть сделаны в ГР для создания вариантов, без отклонения от духа изобретения и без нарушения биологической активности или фармакологических свойств ГР. Примеры консервативных замещений аминокислот в последовательностях полипептида показаны в табл. 4. Однако в вариантах ГР-XTEN, в которых идентичность последовательности ГР по сравнению со специфической последовательностью ГР, раскрытой в настоящем документе, составляет менее 100%, изобретение рассматривает замещение любой аминокислоты из 19 природных L-аминокислот для данного аминокислотного остатка данного ГР, которая может быть в любой позиции внутри последовательности ГР. Включая смежные аминокислотные остатки. Если какое-то замещение приводит к нежелательному изменению биологической активности, то может быть использована одна из альтернативных аминокислот, и конструкция создается способами, описанными в настоящем документе, или с использованием любых методик и руководств, где идет речь о консервативных и не-консервативных мутациях, как например, в патенте США № 5364934, содержание которого включено полностью путем ссылки, или с использованием способов, вообще известных в уровне техники. Дополнительно, варианты могут включать, например, полипептиды, где один или более из аминокислотных остатков добавлен или удален, с N- или С-конца аминокислотной последовательности полной длины, которая сохраняет частично, если не полностью, биологическую активность нативного полипептида.

Таблица 4

Примеры консервативных аминокислотных замещений

Исходный остаток	Примеры замещений
Ala (A)	val; leu; ile
Arg (R)	lys; gin; asn
Asn (N)	gin; his; Iys; arg
Asp (D)	glu
Cys (C)	ser
Gln (Q)	asn
Glu (E)	asp
Gly (G)	pro
His (H)	asn: gin: Iys: arg
xIle (I)	leu; val; met; ala; phe: norleucine
Leu (L)	norleucine: ile: val; met; ala: phe
Lys (K)	arg: gin: asn
Met (M)	leu; phe; ile
Phe (F)	leu: val: ile; ala
Pro (P)	gly
Ser (S)	thr
Thr (T)	ser
Trp (W)	tyr
Tyr(Y)	trp: phe: thr: ser
Val (V)	ile; leu; met; phe; ala; norleucine

(a) Конфигурации гибридного белка ГР-XTEN.

В изобретении предложены композиции гибридного белка ГР-XTEN с компонентами ГР и XTEN, соединенными в специфические, ориентированные от N- к С-концу конфигурации. В некоторых вариантах, один или более ГР присоединяется к одному или более XTEN, со спейсером или без него, для формирования блочного сополимера, и расположение в последовательности ГР и XTEN в гибридном белке ГР-XTEN такое же, как в конфигурации, известной в химии блочных сополимеров. Когда имеется более чем один ГР, XTEN, или спейсер, каждый ГР, XTEN, или спейсер имеет ту же самую или отличающуюся последовательность, и ГР и/или XTEN соединены подряд или чередуясь (регулярно или нерегулярно). Таким образом, во всем, предусмотренном формулой данного документа, когда имеется более чем один ГР, XTEN, или спейсер, каждый ГР, XTEN, или спейсер те же самые или различные. В некоторых вариантах, ГР-XTEN является мономерным гибридным белком, с ГР, присоединенным к одному полипептиду XTEN. В других вариантах, ГР-XTEN является мономерным гибридным белком, присоединенным к двум или более полипептидам XTEN. В еще других вариантах, ГР-XTEN является мономерным гибридным белком с двумя или более ГР, присоединенными к одному полипептиду XTEN. В еще других вариантах, ГР-XTEN является мономерным гибридным белком с двумя или более ГР, присоединенными к двум или более полипептидам XTEN. Табл. 5 представляет неограничивающие примеры конфигураций, охватываемых гибридным белком ГР-XTEN по изобретению; многочисленные другие вариации будут очевидны специалисту, включая вставку спейсера и расщепляемой последовательности, раскрытые здесь или известные в уровне техники.

Таблица 5

Конфигурации ГР-XTEN

Компоненты*	**Конфигурация****
Один ГР; Один XTEN	ГР-XTEN
	XTEN-ГР
Один ГР; Множество XTEN	XTEN-ГР-XTEN
	ГР-XTEN-XTEN
	XTEN-XTEN-ГР
	XTEN-ГР-XTEN-XTEN
	XTEN-XTEN-ГР-XTEN
	XTEN-XTEN-ГР-XTEN
Множество ГР, Один XTEN	ГР-XTEN-ГР
	XTEN-ГР-ГР
	ГР-ГР-XTEN
	ГР-XTEN-ГР-ГР
Множество ГР; Множество XTEN	ГР-XTEN-ГР-XTEN
	XTEN-ГР-XTEN-ГР
	XTEN-XTEN-ГР-XTEN-ГР
	XTEN-XTEN-ГР-ГР
	ГР-XTEN-XTEN-ГР
	ГР-ГР-XTEN-XTEN
	ГР-ГР-XTEN-XTEN-ГР
	ГР-XTEN-ГР-XTEN-ГР

* Характеризуется "один" для 1 компонента или "множество" для 2 или более компонентов.

** Отражает конфигурацию от N- к С-концу компонентов фактора роста и XTEN компонентов.

Изобретение рассматривает композиции гибридных белков ГР-XTEN, включающие, не ограничиваясь ими, один или множество ГР, выбранных из табл. 1 (или фрагменты или варианты таковых), один или множество XTEN, выбранных из табл. 3 (или варианты последовательностей из этого списка), которые образуют конфигурацию, показанную в табл. 5. Вообще, полученный в результате ГР-XTEN сохраняет по меньшей мере часть биологической активности соответствующего ГР, не присоединенного к XTEN. В других воплощениях компонент ГР становится биологически активным или увеличивает активность после освобождения от XTEN путем расщепления доступной для расщепления последовательности, включенной в составе спейсерных последовательностей в ГР-XTEN, с большей полнотой описанных ниже.

В одном воплощении композиции ГР-XTEN, в изобретении предложен гибридный белок согласно формуле I

$$(XTEN)_x\text{-ГР-}(XTEN)_y \qquad I,$$

где независимо для каждого случая, ГР представляет собой гормон роста; x равно 0 или 1 и y равно 0 или 1, где x+y≥1; XTEN представляет собой удлиненный рекомбинантный полипептид.

В одном воплощении композиции ГР-XTEN, в изобретении предложен гибридный белок согласно формуле II

$$(XTEN)_x\text{-(ГР)-(C)}_y\text{-(XTEN)}_y \qquad II,$$

где независимо для каждого случая, ГР представляет собой гормон роста; С является спейсерной последовательностью, имеющей от 1 до 50 аминокислотных остатков, которая может возможно включать расщепляемую последовательность; x равно 0 или 1 и y равно 0 или 1, где x+y≥1; и XTEN представляет собой удлиненный рекомбинантный полипептид.

В другом воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок, соответствующий формуле III

$$(ГР)\text{-(C)}_x\text{-(XTEN)-(C)}_v\text{-(ГР)-(C)}_z\text{-(XTEN)}_z \qquad III,$$

где независимо для каждого случая, ГР представляет собой гормон роста; С является спейсерной последовательностью, имеющей от 1 до 50 аминокислотных остатков, которая может возможно включать расщепляемую последовательность; x равно 0 или 1, y равно 0 или 1, z равно 0 или 1; и XTEN представляет собой удлиненный рекомбинантный полипептид.

В другом воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок, соответствующий

формуле IV

$$(XTEN)_x\text{-}(C)_y\text{-}(ГР)\text{-}(C)_z\text{-}(XTEN)\text{-}(ГР) \qquad IV,$$

где независимо для каждого случая, ГР представляет собой гормон роста; С является спейсерной последовательностью, имеющей от 1 до 50 аминокислотных остатков, которая может возможно включать расщепляемую последовательность; x равно 0 или 1 и y равно 0 или 1, z равно 0 или 1; XTEN представляет собой удлиненный рекомбинантный полипептид.

В другом воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок, соответствующий формуле V

$$(ГР)_x\text{-}(C)_x\text{-}(ГР)\text{-}(C)_y\text{-}(XTEN) \qquad V,$$

где независимо для каждого случая, ГР представляет собой гормон роста; С является спейсерной последовательностью, имеющей от 1 до 50 аминокислотных остатков, которая может возможно включать расщепляемую последовательность; x равно 0 или 1, y равно 0 или 1; XTEN представляет собой удлиненный рекомбинантный полипептид.

В другом воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок, соответствующий формуле VI

$$(XTEN)\text{-}(C)_x\text{-}(ГР)\text{-}(C)_y\text{-}(ГР) \qquad VI,$$

где независимо для каждого случая, ГР представляет собой гормон роста; С является спейсерной последовательностью, имеющей от 1 до 50 аминокислотных остатков, которая может возможно включать расщепляемую последовательность; x равно 0 или 1 и y равно 0 или 1; XTEN представляет собой удлиненный рекомбинантный полипептид.

В другом воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок, соответствующий формуле VII

$$(XTEN)\text{-}(C)_x\text{-}(ГР)\text{-}(C)_y\text{-}(ГР)\text{-}(XTEN) \qquad VII,$$

где независимо для каждого случая, ГР представляет собой гормон роста; С является спейсерной последовательностью, имеющей от 1 до 50 аминокислотных остатков, которая может возможно включать расщепляемую последовательность; x равно 0 или 1 и y равно 0 или 1; XTEN представляет собой удлиненный рекомбинантный полипептид.

В другом воплощении в изобретении предложен выделенный гибридный белок, соответствующий формуле VIII

$$((C)_m\text{-}(ГР)_x\text{-}(C)_n\text{-}(XTEN)_y\text{-}()_o)_t \qquad VIII,$$

где t является целым числом, которое больше чем 0 (1, 2, 3, и т.д.); независимо каждое из m, n, o, x и y является целым числом (0, 1, 2, 3 и т.д.); ГР представляет собой гормон роста; С является спейсерной последовательностью, возможно включающей сайт расщепления; XTEN представляет собой удлиненный рекомбинантный полипептид, при условии, что (1) $x+y>1$; (2) когда $t=1$, $x>0$ и $y>0$; (3) когда имеется более чем один ГР, С, или XTEN, каждый ГР, XTEN, или S те же самые или независимо различные; (4) когда $t>1$, каждый m, n, o, x или y внутри каждой субъединицы одинаковые или независимо различные.

В некоторых воплощениях введение терапевтически эффективного количества гибридного белка из вариантов по формулам I-VIII субъекту, нуждающемуся в этом, обеспечивает в результате прирост времени по меньшей мере в два раза, или по меньшей мере в три раза, или по меньшей мере в четыре раза, или по меньшей мере в пять раз, или по меньшей мере в 10 раз, или по меньшей мере в 20 раз, или по меньшей мере в 40 раз, или по меньшей мере в 100 раз или более увеличение времени, проводимого гибридным белком в пределах терапевтического окна, по сравнению с соответствующим ГР, не соединенным с XTEN и введенным в сопоставимом количестве субъекту. В других воплощениях введение терапевтически эффективной дозы гибридного белка из вариантов по формулам I-VIII субъекту, нуждающемуся в этом, приводит к увеличению промежутка времени между последовательными дозами, необходимыми для поддержания эффективного режима дозирования, составляющего по меньшей мере 48 ч, или по меньшей мере 72 ч, или по меньшей мере примерно 96 ч, или по меньшей мере примерно 120 ч, или по меньшей мере примерно 7 дней, или по меньшей мере примерно 14 дней, или по меньшей мере примерно 21 день между последовательными дозами, по сравнению с ГР, не соединенным с XTEN и введенным в сопоставимой дозе.

Любая группа спейсерной последовательности является возможной в гибридных белках, охватываемых изобретением. Спейсер обеспечивает усиление экспрессии гибридного белка клеткой-хозяином или уменьшает стерические помехи, так, что компонент ГР может принимать его желательную третичную структуру и/или взаимодействовать с его целевым рецептором. Относительно спейсеров и способов идентификации желательных спейсеров, см., например, работу: George, et al. (2003), Protein Engineering 15:871-879, специально включенную в настоящий документ путем ссылки. В одном воплощении спейсер включает одну или более полипептидных последовательностей длиной от 1 до 50 аминокислотных остатков, или примерно 1-25 аминокислотных остатков, или примерно 1-10 остатков в длину. Спейсерные последовательности, исключая сайты расщепления, могут включать любую из 20 природных L-аминокислот, и будут предпочтительно включать гидрофильные аминокислоты, которые стерически беспрепятственно могут быть включены, включая, не ограничиваясь ими, глицин (G), аланин (A), серин (S), треонин (T), глутаминовую кислоту (E) и пролин (P). В некоторых случаях, спейсер может быть по-

лиглицином или полиаланином или преимущественно смесью комбинаций глицина и аланина. Спейсерный полипептид, исключая расщепляемую последовательность, в значительной степени или по существу лишен вторичной структуры; например, менее чем примерно 10%, или менее чем примерно 5%, по определению алгоритмов Чоу-Фасмана и/или GOR. В одном воплощении одна или обе спейсерные последовательности в композиции гибридного белка ГР-XTEN далее содержат расщепляемую последовательность, которые идентичны или различаются, где расщепляемая последовательность может подвергаться действию протеазы для высвобождения ГР из гибридного белка.

В некоторых воплощениях включение расщепляемой последовательности в ГР-XTEN осуществляется, чтобы позволить высвобождение ГР, который становится активным или более активным после освобождения от XTEN. Расщепляемые последовательности располагаются достаточно близко к последовательностям ГР, обычно в 18, или в 12, или в 6, или в 2 аминокислотах от конца последовательности ГР, так что любые сохраняющиеся остатки, прилегающие к ГР после расщепления, не мешают ощутимо его активности (например, путем связывания с рецептором), тем не менее обеспечивая достаточный доступ протеазе, чтобы она могла осуществлять эффективное расщепление расщепляемой последовательности. В некоторых воплощениях сайт расщепления является последовательностью, которая может быть расщеплена протеазой эндогенно по отношению к субъекту, относящемуся к млекопитающим, так что ГР-XTEN может быть расщеплен после введения субъекту. В таких случаях, ГР-XTEN может служить предшественником лекарственные средства или циркулирующим депо по отношению к ГР. Примеры расщепляемых сайтов, предполагаемых изобретением, включают, не ограничиваясь ими, полипептидные последовательности, способные к расщеплению эндогенной протеазой млекопитающих, выбранной из FXIa, FXIIa, калликреин, FVIIa, FIXa, FXa, FIIa (тромбин), эластаза-2, гранзим Б, MMP-12, MMP-13, MMP-17 или MMP-20, или протеазами организмов, не относящихся к млекопитающим, такими как TEV, энтерокиназа, PreScission™ протеаза (протеаза риновируса 3C) и сортаза A. Последовательности, относительно которых известно, что они расщепляются вышеперечисленными протеазами и другими, известны в науке. Примеры расщепляемых последовательностей и разрезаемых сайтов внутри последовательностей представлены в табл. 6, как и варианты таких последовательностей. Например, тромбин (активированный фактор свертывания II) действует на последовательность LTPRSLLV [Rawlings N.D., et al. (2008), Nucleic Acids Res., 36: D320], которая будет разрезана после аргинина в позиции 4 в последовательности. Активный фактор FIIa производится путем расщепления фактора FII посредством фактора FXa в присутствии фосфолипидов и кальция и следует за фактором IX в пути коагуляции. Тромбин выполняет свою природную роль в коагуляции, действуя на фибриноген, который в свою очередь, начинает формирование сгустка. Активность фактора FIIa строго контролируется и происходит только в случае, когда коагуляция необходима для правильного гемостаза. Однако, поскольку коагуляция является у млекопитающих текущим процессом, благодаря введения последовательности LTPRSLLV в ГР-TEN между ГР и XTEN, домен будет удален от присоединенного ГР, конкурируя с активацией или внешнего или внутреннего путей свертывания крови, когда коагуляция требуется физиологически, тем самым через некоторое время освобождая ГР. Сходным образом, введение других последовательностей в ГР-XTEN, которые подвергаются действию эндогенных протеаз, будет обеспечивать устойчивое высвобождение ГР, что, в определенных вариантах, предусматривает повышенную степень активности ГР из "предлекарственной" формы ГР-XTEN.

В некоторых воплощениях только две или три аминокислоты, фланкирующие обе стороны разрезаемого сайта (всего от 4 до 6 аминокислот), включены в расщепляемую последовательность. В других вариантах известная расщепляемая последовательность может иметь одну или более делеций или вставок, или одно, или два, или три аминокислотных замещения для одной или двух или трех аминокислот в известной последовательности, где делеций, вставки или замещения приводят к уменьшению или усилению восприимчивости, но не к отсутствию восприимчивости к протеазе, что в результате приводит к способности создавать нужный уровень освобождения ГР от XTEN. Примеры замещений показаны в табл. 6.

Таблица 6

Последовательности, расщепляемые протеазой

Протеаза, действующая на последовательность	Примеры расщепляемой последовательности	Минимальный разрезаемый сайт*
FXIa	KLTR↓VVGG	KD/FL/T/R↓VA/VE/GT/GV
FXIIa	TMTR↓IVGG	NA
Калликреин	SPFR↓STGG	-/-/FL/RY↓SR/RT/-/-
FVIIa	LQVR↓IVGG	NA
FIXa	PLGR↓IVGG	-/-/G/R↓-/-/-/-
FXa	IEGR↓TVGG	IA/E/GFP/R↓STI/VFS/-/G
FIIa (тромбин)	LTPR↓SLLV	-/-/PLA/R↓SAG/-/-/-
Эластаза-2	LGPV↓SGVP	-/-/-/VIAT↓-/-/-/-
Гранзим-Б	VAGD↓SLEE	V/-/-/D↓-/-/-/-
MMP-12	GPAG↓LGGA	G/PA/-/G↓L/-/G/-
MMP-13	GPAG↓LRGA	G/P/-/G↓L/-/GA/-
MMP-17	APLG↓LRLR	-/PS/-/-↓LQ/-/LT/-
MMP-20	PALP↓LVAQ	NA
TEV	ENLYFQ↓G	ENLYFQ↓G/S
Энтерокиназа	DDDK↓IVGG	DDDK↓IVGG
Протеаза 3C (PreScission™)	LEVLFQ↓GP	LEVLFQ↓GP
Сортаза А	LPKT↓GSES	L/P/KEAD/T↓G/-/EKS/S

↓указывает сайт расщепления NA: не применяется

* перечень множества аминокислот пред, между или после разреза указывает на альтернативные аминокислоты, которые могут быть замещены в этой позиции; "-" указывает на любую аминокислоту, которая может быть замещена соответствующей аминокислотой, указанной в средней колонке

В одном воплощении ГР, включенный в гибридный белок ГР-XTEN, имеет последовательность, которая проявляет по меньшей мере примерно 80% идентичности последовательности из табл. 1, в альтернативном случае по меньшей мере примерно 81%, или примерно 82%, или примерно 83%, или примерно 84%, или примерно 85%, или примерно 86%, или примерно 87%, или примерно 88%, или примерно 89%, или примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99%, или примерно 100% идентичности последовательности по сравнению с последовательностью из табл. 1. Активность ГР вышеуказанного варианта может быть оценена с использованием тестов или измерения, или определения параметров, как описано в настоящем документе, и те последовательности, которые сохраняют по меньшей мере примерно 40%, или примерно 50%, или примерно 55%, или примерно 60%, или примерно 70%, или примерно 80%, или примерно 90%, или примерно 95% или более активности по сравнению с последовательностью соответствующего нативного ГР, будут сочтены подходящими для включения в рассматриваемый ГР-XTEN. ГР, для которого найдено сохранение подходящего уровня активности, может быть связан с одним или более полипептидами XTEN, описанными в настоящем документе. В одном воплощении ГР, для которого найдено сохранение подходящего уровня активности, может быть соединен с одним или более полипептидами XTEN, имеющими по меньшей мере примерно 80% последовательности, идентичной последовательности из табл. 3, в альтернативном случае по меньшей мере примерно 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 или примерно 100% последовательности, идентичной по сравнению с последовательностью из табл. 3, образуя в результате химерный гибридный белок.

Неограничивающие примеры последовательностей гибридных белков, содержащих один ГР, связанный с одним XTEN, представлены в табл. 35. В одном воплощении композиция ГР-XTEN будет включать гибридный белок, имеющий по меньшей мере примерно 80% идентичности последовательности по сравнению последовательностью из табл. 35, в альтернативном случае по меньшей мере примерно 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 или примерно 100% идентичности по сравнению с ГР-XTEN из табл. 35. Неограничивающие примеры последовательностей гибридных белков, содержащих две молекулы XTEN, связанных с одним или более ГР, представлены в табл. 36, но изобретение также предполагает замещение другого ГР последовательностями, проявляющими по меньшей мере примерно 90% идентичности последовательности, выбранной из табл. 1, присоединенными к одному или двум XTEN, которые могут быть одинаковыми или различными, проявляя по меньшей мере примерно 90% идентичности последовательности, выбранной из табл. 3. В рассмотренных выше в настоящем документе гибридных белках, описанных в этом параграфе, гибридный белок ГР-XTEN может далее содержать расщепляемую последовательность из табл. 6; расщепляемая последовательность размещается между ГР и XTEN или между двумя смежными ГР (если более чем один ГР включен в ГР-XTEN). В некоторых случаях ГР-XTEN включающий расщепляемые последовательности, будет также иметь одну

или две спейсерных последовательности аминокислот между ГР и расщепляемой последовательностью, или XTEN и расщепляемой последовательностью, чтобы обеспечить защиту от избытка протеазы; спейсерные аминокислоты включают любую природную аминокислоту, включая аланин и глицин, как предпочтительные аминокислоты. Ограничивающие примеры ГР-XTEN, включающего ГР, XTEN, расщепляемую последовательность (последовательности) и спейсерные аминокислоты, представлены в табл. 37. Однако изобретение также рассматривает замещение любой из последовательностей ГР табл. 1 на последовательность ГР из табл. 37, замещение любой последовательности XTEN из табл. 3 на последовательность XTEN из табл. 37, и замещение любой расщепляемой последовательности из табл. 6 на расщепляемую последовательность из табл. 37.

(б) Фармакокинетические свойства ГР-XTEN.

В изобретении предложены гибридные белки ГР-XTEN с усиленной фармакокинетикой по сравнению с ГР, не связанным с XTEN, которые при использовании дозы, определенной для композиции способами, описанными в настоящем документе, могут достичь концентрации в кровотоке, приводящей к фармакологическому эффекту, не переходя черту безопасного уровня для биологически активного компонента композиции на более продолжительный период времени по сравнению с сопоставимой дозой ГР, не связанного с XTEN. В таких случаях, ГР-XTEN остается в пределах терапевтического окна для композиции гибридного белка на более продолжительный период времени. Используемое в настоящем документе выражение "сопоставимая доза" означает дозу с эквивалентным содержанием активного фармакофора ГР в молях/кг, который введен субъекту сопоставимым образом. Будет понятно, что "сопоставимая доза" гибридного белка ГР-XTEN будет представлять больший вес агента, но по существу то же самое количество моль-эквивалентов ГР в дозе гибридного белка и/или будет иметь примерно ту же молярную концентрацию относительно ГР.

Фармакокинетические свойства ГР, которые могут быть усилены путем присоединения данного XTEN к ГР, включают период полувыведения, площадь под кривой (AUC), C_{max} объема распределения и биодоступность, обеспечивающие усиление полезности в лечении расстройств, заболеваний и состояний, связанных с гормоном роста. ГР в композициях ГР-XTEN может быть последовательностью, проявляющей по меньшей мере примерно 80% идентичности, или, в альтернативном случае, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 или 100% идентичности последовательности белка, выбранной из табл. 1, связанной с одним или более XTEN, который проявляет по меньшей мере примерно 80% идентичности последовательности или, в альтернативном случае, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 или 100% идентичности по отношению к последовательности белка, выбранной из табл. 3.

Как описано более подробно в примерах, относительно фармакокинетических характеристик белков, включающих XTEN, было неожиданно обнаружено, что увеличение длины последовательности XTEN способствует непропорциональному увеличению периода полувыведения гибридного белка, включающего XTEN. Соответственно, в изобретении предложены гибридные белки ГР-XTEN, включающие XTEN, где XTEN выбирается таким образом, чтобы обеспечить целевой период полувыведения композиции ГР-XTEN, для введения субъекту. В некоторых воплощениях в изобретении предложены мономерные гибридные белки, включающие XTEN, где XTEN выбран, чтобы увеличить период полувыведения ГР-XTEN, вводимого субъекту, по сравнению с соответствующим ГР, не связанным с гибридным белком и введенным в сопоставимой дозе по меньшей мере примерно в два раза дольше, или по меньшей мере примерно в три раза, или по меньшей мере примерно в четыре раза, или по меньшей мере примерно в пять раз, или по меньшей мере примерно в шесть раз, или по меньшей мере примерно в семь раз, или по меньшей мере примерно в восемь раз, или по меньшей мере примерно в девять раз, или по меньшей мере примерно в десять раз, или по меньшей мере примерно в 15 раз, или по меньшей мере примерно в 20 раз, или по меньшей мере примерно в 40 раз, или по меньшей мере примерно в 80 раз, или по меньшей мере примерно в 100 раз, или больше увеличить период полувыведения по сравнению с ГР, не связанным с гибридным белком. Сообщается, что введенный экзогенным путем человеческий гормон роста в организме человека имеет период полувыведения менее чем 15 мин (Hindmarch, P.C, et al., Clinical Endocrinilogy (2008), 30(4): 443-450), тогда как различные композиции ГР-XTEN, раскрытые в настоящем документе, введенные экспериментально различным видам животных, как описано в примерах, приводят к продолжительностям периода полувыведения, составляющим несколько часов. Сходным образом, гибридные белки ГР-XTEN могут иметь увеличение площади под кривой (AUC), составляющее по меньшей мере примерно 50%, или по меньшей мере примерно 60%, или по меньшей мере примерно 70%, или по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 100%, или по меньшей мере примерно 150%, или по меньшей мере примерно 200%, или по меньшей мере примерно 300%, или по меньшей мере примерно 500%, или по меньшей мере примерно 1000% или по меньшей мере примерно 2000% увеличение площади под кривой по сравнению с соответствующим ГР, не связанным с гибридным белком и введенным субъекту в сопоставимой дозе. Фармакокинетические параметры ГР-XTEN могут быть определены стандартными способами, включая дозирование, отбор проб крови через определенные интервалы времени, и исследования белка, включая иммуноферментный анализ, ВЭЖХ, радиоанализ, или другие способы, известные в уровне техники или опи-

санные в настоящем документе, с последующими стандартными вычислениями для определения периода полувыведения и других фармакокинетических параметров.

Изобретение далее предусматривает ГР-XTEN, включающий первую и вторую молекулу ГР, возможно разделенные спейсерной последовательностью, которая может далее включать расщепляемую последовательность или разделенные второй последовательностью XTEN. В одном воплощении ГР имеет меньшую активность, когда присоединен к гибридному белку по сравнению с ГР, не связанным с гибридным белком. В таком случае, как проиллюстрировано на фиг. 38, ГР-XTEN конструируется таким образом, чтобы после введения субъекту компонент ГР постепенно высвобождался, путем расщепления расщепляемой последовательности (последовательностей), вследствие чего он приобретает активность или способность связываться с его целевым рецептором или лигандом. Соответственно, ГР-XTEN, описанный выше, служит предшественником лекарственные средства или циркулирующим депо, приводя к удлинению периода полувыведения, по сравнению с ГР, не связанным с гибридным белком.

(в) Фармакология и фармацевтические свойства ГР-XTEN.

В настоящем изобретении предложены композиции ГР-XTEN, включающие ГР, ковалентно связанный с XTEN, который может иметь усиленные свойства по сравнению с ГР, не связанным с XTEN, как и способы усиливать терапевтическую и/или биологическую активность или эффект соответственно двух ГР, входящих в композиции. Дополнительно, в изобретении предложены композиции ГР-XTEN с усиленными свойствами по сравнению с теми известными в науке гибридными белками, которые содержат в качестве полипетидных партнеров иммуноглобулин, полипептиды более короткой длины и/или полипептидные партнеры с повторяющимися последовательностями. Дополнительно, гибридные белки ГР-XTEN обеспечивают значительные преимущества по сравнению с химическими конъюгатами, такими как регулируемые конструкции, принимая во внимание тот факт, что рекомбинантные гибридные белки ГР-XTEN могут быть произведены в экспрессионныъх системах бактериальных клеток, которые могут сократить время и стоимость, или и то, и другое на стадиях исследования, развития и производства продукта, который в результате является более гомогенным, определенным, с меньшей токсичностью как самого продукта, так и метаболитов ГР-XTEN по сравнению с регулируемыми конъюгатами.

Как терапевтические агенты, ГР-XTEN обладают рядом преимуществ над терапевтическими средствами, не включающими XTEN, включая одно или более из следующих неограничивающих примеров усиленных свойств; увеличенная растворимость, увеличенная термостабильность, уменьшенная иммуногенность, увеличенный кажущийся молекулярный вес, сниженный почечный клиренс, уменьшенный протеолиз, уменьшенный метаболизм, усиленная терапевтическая эффективность, более низкая эффективная терапевтическая доза, увеличенная биодоступность, увеличенное время между дозами, способными поддерживать уровни ГР в крови в пределах терапевтического окна, специально подобранный уровень абсорбции, усиленная устойчивость к лиофилизации, увеличенная стабильность в сыворотке/плазме, увеличенный период полувыведения, увеличенная растворимость в кровотоке, уменьшенное связывание нейтрализующими антителами, уменьшенный рецептор-опосредованный клиренс, уменьшенные побочные эффекты, сохранение сродства лиганда к рецептору или активация рецептора после взаимодействия с лигандом, устойчивость к деградации, устойчивость к замерзанию-оттаиванию, устойчивость к протеазам, устойчивость к убиквитинированию, легкость введения, совместимость с другими фармацевтическими вспомогательным веществами или носителями, персистентность в субъекте, увеличенная стабильность при хранении (например, увеличенный срок хранения), пониженная токсичность в организме или в окружающей среде и т.п. Полученный в результате эффект усиления свойств проявляется в том, что ГР-XTEN имеет в итоге усиленный терапевтический и/или биологический эффект или улучшает согласие пациента на лечение, когда вводится субъекту, имеющему заболевание или расстройство, связанные с гормоном роста.

Специфические тесты и способы измерения физических и структурных свойств экспрессированных белков известны в области техники, включая способы определения свойств, таких как агрегация белка, растворимость, вторичная и третичная структура, свойства плавления, содержание воды и примесей и т.д. Такие способы включают аналитическое центрифугирование, ЭПР, ионообменную ВЭЖХ, эксклюзионную ВЭЖХ, ВЭЖХ с обращенной фазой, рассеяние света, капиллярный электрофорез, круговой дихроизм, дифференциальная сканирующая калориметрия, флуоресценция, ИК-спектроскопия, ЯМР, рамановская спектроскопия, рефрактометрия и спектроскопия УФ и видимого диапазона. Дополнительные способы раскрыты в работе Arnau et al., Prot Expr and Purif (2006), 48, 1-13. Применение этих способов к изобретению будет находиться в сфере ведения специалиста.

В качестве частной особенности изобретения, XTEN как партнер слияния, увеличивает растворимость полезной нагрузки ГР, особенно при экспрессии ГР, который обычно экспрессируется в трансформированных клетках-хозяевах, таких как E. Coli, в виде нерастворимых телец включения (см., например, Singh, S.M., et al. (2005), J. Biosci Bioeng, 99: 303; Patra, A.K., et al. (2000), Protein Expr Purif, 18: 182). Соответственно, там, где желательно усиление фармацевтических или физико-химических свойств ГР, таких как степень растворимости в воде или стабильность, длина и/или композиция семейства мотивов первой и второй последовательностей XTEN в первом и втором гибридном белке может быть выбрана, чтобы придать различную степень растворимости и/или стабильности соответствующим гибридным бел-

кам, таким образом, что фармацевтические свойства композиции ГР-XTEN в целом усиливаются. Гибридные белки ГР-XTEN могут быть сконструированы и проанализированы, используя способы, описанные в настоящем документе, чтобы подтвердить физико-химические свойства и отрегулировать XTEN, если это необходимо, чтобы получить желательные свойства. В одном воплощении последовательность XTEN, входящая в ГР-XTEN, выбрана таким образом, что гибридный белок имеет растворимость в воде, которая по меньшей мере примерно на 25% выше по сравнению с ГР, не связанным с гибридным белком, или по меньшей мере примерно на 30%, или по меньшей мере примерно на 40%, или по меньшей мере примерно на 50%, или по меньшей мере примерно на 75%, или по меньшей мере примерно на 100%, или по меньшей мере примерно на 200%, или по меньшей мере примерно на 300%, или по меньшей мере примерно на 400%, или по меньшей мере примерно на 500%, или по меньшей мере примерно на 1000% выше, чем у соответствующего ГР, не связанного с гибридным белком.

В изобретении предложены способы производства и получения экспрессированного ГР-XTEN из клетки-хозяина с увеличенной растворимостью или более легким получением по сравнению с ГР, не связанным с XTEN. В некоторых воплощениях способ включает этапы трансформации прокариотической клетки-хозяина (например, E.coli) полинуклеотидом, кодирующим ГР-XTEN с одним или более компонентами XTEN совокупной длиной последовательности более чем примерно 800, или более чем примерно 900, или более чем примерно 1000, или более чем примерно 1100 аминокислотных остатков, экспрессию гибридного белка в клетке-хозяине, лизинг клетки-хозяина с получением цитоплазматического содержимого, и подкисление цитоплазматического содержимого клетки-хозяина, где ГР может остаться в растворимой форме, в то время как большинство белков клетки-хозяина будут осаждены в нерастворимой форме. В одном воплощении вышеперечисленного пост-экспрессионный сырой лизат клетки-хозяина может быть подкислен до pH менее чем примерно 5,0, или до pH менее чем примерно 4,7, или до pH менее чем примерно 4,5, или до pH менее чем примерно, более чем примерно 50%, или примерно 60%, или примерно 70%, или примерно 80% или более от экспрессированного ГР может быть получено в растворимой форме. В особом случае предшествующего воплощения, обогащенный ГР-XTEN может быть отделен от загрязняющих его осажденных белков клетки-хозяина путем центрифугирования подкисленного лизата, что отражает увеличенную растворимость, придаваемую ГР гибридизацией с носителем XTEN. В вариантах, описанных в настоящем параграфе, XTEN гибридного белка ГР-XTEN может иметь по меньшей мере примерно 80% идентичности последовательности, или примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99%, до примерно 100% идентичности по отношению к последовательности одного или более XTEN, выбранного из табл. 3, и ГР может иметь по меньшей мере примерно 80% идентичности последовательности, или примерно 90%, или примерно 91%, или примерно 92%, или примерно 93%, или примерно 94%, или примерно 95%, или примерно 96%, или примерно 97%, или примерно 98%, или примерно 99%, до примерно 100% идентичности по отношению к последовательности ГР, выбранной из табл. 1, и компоненты ГР-XTEN могут быть в конфигурациях от N- к С-концу, выбранных из табл. 5.

В одном воплощении в изобретении предложены композиции ГР-XTEN и способы получения композиций, которые могут поддерживать компонент ГР в пределах терапевтического окна на больший период времени, по сравнению с сопоставимыми дозировками соответствующего ГР, не связанного с XTEN. Специалисту будет понятно, что "сопоставимая дозировка" гибридного белка ГР-XTEN будет представлена большим весом агента, но будет иметь примерно то же самое содержание ГР в моль-эквивалентах в дозе гибридного белка и/или будет иметь примерно ту же молярную концентрацию относительно ГР. Способ получения композиций, которые могут поддерживать компонент ГР в пределах терапевтического окна, включает стадии выбора XTEN, подходящего для конъюгации с ГР, чтобы обеспечить желательные фармакокинетические свойства с точки зрения данной дозы и режима дозирования, сопровождаемые анализами для верификации фармакокинетических свойств, активности гибридного белка ГР-XTEN и безопасности введенной композиции. Этими способами, ГР-XTEN может быть получен таким образом, чтобы быть способным увеличивать эффективность введенной композиции путем поддержания концентраций ГР в кровотоке в пределах терапевтического окна на увеличенный период времени. Используемый в настоящем документе термин "терапевтическое окно" означает количество лекарственные средства или биологического компонента, в виде уровня концентрации в крови или плазме, который обеспечивает эффективный или желательный фармакологический эффект сверх времени заболевания или состояния в отсутствие неприемлемой токсичности, т.е. уровень циркулирующих в крови концентраций между минимальным количеством для достижения положительного терапевтического эффекта и максимальным количеством, которое вызывает ответ, непосредственно близкий к проявлению токсичности для субъекта (при более высокой дозе или концентрации). Дополнительно, терапевтическое окно вообще охватывает аспект времени; максимальную и минимальную концентрации, которые приводят к желательному фармакологическому эффекту по прошествии времени, которые не вызывают неприемлемой токсичности или неблагоприятных событий. В отношении дозированной композиции, которая остается в пределах терапевтического окна для субъекта, также может быть сказано, что она находится внутри "безопасного диапазона".

Характеристики композиций ГР-XTEN по изобретению, включая функциональные характеристики или биологическую и фармакологическую активность, и их результирующие параметры определяются путем любого подходящего скрининг-теста, известного в науке для измерения желательных характеристик. В изобретении предложены способы анализа гибридных белков ГР-XTEN различных композиций или конфигураций в порядке обеспечения ГР-XTEN желательной степенью биологической и/или терапевтической активности, как и профилем безопасности. Используют конкретные in vivo и ex vivo биологических испытания для выявления активности ГР-XTEN в каждой конфигурации и/или компонента ГР для включения в ГР-XTEN, включая, не ограничиваясь ими, тесты примеров, тесты табл. 34, как и последующие испытания или другие испытания такого рода, которые известны в области техники для анализа свойств и эффектов ГР. Тесты могут быть проведены, чтобы позволить определение характеристик связывания ГР-XTEN с рецепторами ГР или лигандами, включая константу связывания (K_d), значения EC_{50}, как и полупериод диссоциации комплекса лиганд-рецептор ($T_{1/2}$). Степень сродства может быть измерена, например, путем теста конкурентного связывания, который показывает изменения в способности к специфическому связыванию с рецептором или лигандом (см., например, примеры). Дополнительно, могут быть использованы методики, такие как цитометрия в потоке или поверхностный плазмонный резонанс, для изучения явлений связывания. Опыты могут включать растворимые молекулы рецептора, или могут определять связывание по отношению к рецепторам, экспрессированным клеткой. Такие тесты могут включать эксперименты на клеточном уровне, включая исследование пролиферации, смерти клетки, апоптоза и клеточной миграции. Другие возможные опыты могут определять связывание рецептором экспрессированных полипептидов, где опыт может включать растворимые молекулы рецептора или могут определять связывание по отношению к рецепторам, экспрессированным клеткой. Степень сродства ГР-XTEN по отношению к целевым рецепторам или лигандам соответствующего ГР может быть исследована путем опытов, определяющих связывание или конкурентное связывание, таких как анализы Biacore с рецептором, связанным с чипом или связывание белков или иммуноферментный анализ, как описано в патенте США 5534617, анализах, описанных в примерах настоящего документа, радиорецепторный анализ и другие виды анализа, известные в области техники. Дополнительно варианты последовательности ГР (тестируемые как отдельные компоненты или как гибридные белки ГР-XTEN) могут сравниваться с нативным ГР, используя конкурентное связывание в иммуноферментном анализе, чтобы определить, имеют ли они одинаковую специфичность связывания и сродство, как нативный ГР или некоторая его часть, так что они подходят для включения в ГР-XTEN. Функциональные пробы могут включать увеличение секреции IGF-1 и/или его генерация в целевых клетках как результат воздействия ГР-XTEN, и/или конечные стимулирующие эффекты IGF-1 на активность остеобластов и хондроцитов для стимуляции роста костей; все подходящие параметры для оценки активности ГР с целью включения его в гибридный белок ГР-XTEN или полученного в результате ГР-XTEN. Дополнительно, человеческий гормон роста (чГР), как известно, играет роль в соматическом росте посредством его влияния на обмен белков, углеводов и липидов, как и путем стимуляции продукции кровяных клеток in vitro (Derfalvi et al., 1998; Merchav et al; 1988), увеличения числа эритроцитов и содержания гемоглобина в крови (Valerio et al., 1997; Vihervuori et al., 1996), как и путем усиления пролиферации и продукции иммуноглобулина клеточными линиями в плазме (Kimata и Yoshida, 1994), возрастания количества клеток $CD8^+$ и, в меньшей степени, клеток $CD4^+$ (Geffner, 1997). Параметры, которые могут измеряться длительное время, включают скорость роста, физическое созревание и сравнительную скорость роста костей. Все вышеперечисленное может быть использовано для оценки активности компонентов ГР, которые должны быть включены в ГР-XTEN и полученного в результате ГР-XTEN.

Оптимизация дозы является важной для всех лекарственных средств, особенно для тех, кто имеет узкое терапевтическое окно. Например, стандартизованная единичная доза ГР для всех пациентов, у которых представлены с различные симптомы и аномальные клинические параметры, может быть не всегда эффективной. Рассмотрение этих факторов находится в рамках кругозора рядового врача, чтобы определить терапевтически или фармакологически эффективное количество ГР-XTEN, против того количества, которое вызовет неприемлемую токсичность и находится за пределами безопасного диапазона, или имеет недостаточно силы, так что клиническое улучшение не достигается.

Во многих случаях, терапевтическое окно ГР в организме субъектов различного возраста или степени заболевания установлено и доступно в опубликованной литературе или помещено на этикетку лекарственные средства с утвержденными продуктами, содержащими ГР. В других случаях, терапевтическое окно может быть установлено для новых композиций, включая ГР-XTEN настоящего раскрытия. Способы установления терапевтического окна для данной композиции известны специалистам (см., например, работу Goodman & Gilman's The Pharmacological Basis of Therapeutics, 11th Edition, McGraw-Hill (2005)). Например, путем использования исследований с растущей дозой, вводимой субъектам с целевым заболеванием или расстройством для определения эффективности или желательного фармакологического эффекта, возникновения неблагоприятных явлений, и определения уровней в кровотоке, может быть определено терапевтическое окно для данного субъекта или популяции, для данного лекарственные средства или биологического препарата, или комбинации биологического препаратов или лекарств. Исследования с увеличением дозы могут оценить активность ГР-XTEN посредством изучения метаболизма

субъекта или группы субъектов, для которых проводится мониторинг физиологических или биохимических параметров, как известно в науке или как описано в настоящем документе для одного или более параметров, связанных с заболеванием или расстройством системы обмена веществ, или клинических параметров, ассоциируемых с полезным результатом для подробного указания, вместе с наблюдениями и/или измерением параметров для определения дозы, не оказывающей эффекта, неблагоприятных явлений, максимальной допустимой дозы и т.д.; вместе с измерением фармакокинетических параметров, которые устанавливают определенные или расчетные уровни в кровотоке. Результаты затем могут быть приведены в соответствие с введенной дозой и концентрациями лечебного средства в крови, которые совмещаются с вышеперечисленными определенными параметрами или уровнями эффекта. Диапазон доз и концентраций в крови этими способами может быть скоррелирован с минимальной эффективной дозой, и с максимальной дозой и концентрацией в крови, при которой наблюдается и желательный эффект, а сверх которой развивается токсичность, тем самым устанавливая терапевтическое окно для дозированного лечебного средства. Концентрации в крови гибридного белка (или измеренные на основе компонента ГР) свыше максимума будут рассматриваться, как находящиеся за пределами терапевтического окна или безопасного диапазона. Так, вышеперечисленными способами может быть установлен минимальный уровень в крови C_{min}, ниже которого гибридный белок ГР-XTEN не будет иметь желательного фармакологического эффекта, и может быть установлен максимальный уровень в крови C_{max}, представляющий наиболее высокую концентрацию в крови перед достижением концентрации, которая повлечет за собой неприемлемые побочные эффекты, токсичность или неблагоприятные явления, помещая их за пределами диапазона безопасности для ГР-XTEN. Установив такие концентрации, далее выявляется частота дозирования и доза, путем измерения C_{max} и C_{min}, чтобы предусмотреть приемлемую дозу и частоту дозирования для удержания гибридного белка (белков) внутри терапевтического окна. Специалист в данной области, используя способы, раскрытые в настоящем документе или известные в области техники, подтвердит, что введенный ГР-XTEN остается в пределах терапевтического окна на протяжении желательного интервала, или требуется корректировка дозы или длины последовательности XTEN. Далее, определение подходящей дозы или частоты дозирования, чтобы удерживать ГР-XTEN внутри терапевтического окна, устанавливает терапевтически эффективный режим дозирования; график введения субъекту, нуждающемуся в этом, многократных последовательных доз, используя терапевтически эффективную дозу гибридного белка; результатами являются последовательные пики C_{max} и/или впадины C_{min}, которые остаются внутри терапевтического окна, и улучшение по меньшей мере одного из измеряемых параметров, имеющего отношение к целевому заболеванию, расстройству или состоянию. В некоторых случаях, ГР-XTEN, введенный субъекту в соответствующей дозе, приводит к концентрациям в крови гибридного белка, которые остаются в пределах терапевтического окна на период, по меньшей мере в два раза более длительный по сравнению с соответствующим ГР, не связанным с XTEN и введенным в сопоставимой дозе, в альтернативном случае по меньшей мере примерно в три раза более длительный; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в четыре раза более длительный; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в пять раз более длительный; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в шесть раз более длительный; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в семь раз более длительный; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в восемь раз более длительный; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в девять раз более длительный в альтернативном случае по меньшей мере примерно в десять раз более длительный или дольше по сравнению с соответствующим ГР, не связанным с XTEN и введенным в сопоставимой дозе. Используемое в настоящем документе сочетание "соответствующая доза" означает дозу лекарственные средства или биологического препарата, которая, будучи введенной субъекту, приводит к желательному терапевтическому или фармакологическому эффекту и концентрации в крови в пределах терапевтического окна.

В одном воплощении ГР-XTEN, введенный в терапевтически эффективном режиме дозирования, приводит к увеличению времени по меньшей мере примерно в три раза дольше; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в четыре раза дольше; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в пять раз дольше; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в шесть раз дольше; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в семь раз дольше; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в восемь раз дольше; в альтернативном случае по меньшей мере примерно в девять раз дольше в альтернативном случае по меньшей мере примерно в десять раза дольше промежуток времени между двумя последовательными пиками C_{max} и/или впадинами C_{min} для уровней гибридного белка в крови по сравнению с соответствующим терапевтически активным белком гибридного белка, не связанным с гибридным белком и введенным субъекту в сопоставимом режиме дозирования. В другом воплощении ГР-XTEN, введенный в терапевтически эффективном режиме дозирования, приводит к сравнительному улучшению в одном, или двух, или трех измеряемых параметрах, используя менее частое дозирование или более низкую общую дозу в молях гибридного белка фармацевтической композиции по сравнению с соответствующим биологически активным белковым компонентом (компонентами), не связанным с гибридным белком и введенным субъекту в терапевтически эффективном режиме дозирования для ГР. Измеренные параметры включают любые клинические, биохимические или физиологические параметры, раскрытые в настоящем документе, или другие, известные в области техники для исследования субъек-

тов с расстройствами, связанными с гормоном роста.

В изобретении предложен выделенный ГР-XTEN, у которого сродство к целевым рецепторам ГР или лигандам может быть по меньшей мере примерно 10%, или по меньшей мере примерно 20%, или по меньшей мере примерно 30%, или по меньшей мере примерно 40%, или по меньшей мере примерно 50%, или по меньшей мере примерно 60%, или по меньшей мере примерно 70%, или по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 99%, или по меньшей мере примерно 100% или более от сродства к целевому рецептору или лиганду нативного ГР, не связанного с XTEN. В некоторых случаях, сродство K_d между рассматриваемым ГР-XTEN и нативным рецептором или лигандом ГР-XTEN составляет по меньшей мере примерно 10^{-4} М, в альтернативном случае по меньшей мере примерно 10^{-5} М, в альтернативном случае по меньшей мере примерно 10^{-6} М, или по меньшей мере примерно 10^{-7} М, или по меньшей мере примерно 10^{-8} М, или по меньшей мере примерно 10^{-9} М величина сродства между ГР-XTEN и нативным рецептором или лигандом.

В других воплощениях в изобретении предложен выделенный гибридный белок ГР-XTEN, специально созданный, чтобы уменьшить сродство к рецептору ГР. В одном воплощении такие гибридные белки включают XTEN, присоединенный к С-концу ГР 1, с последовательностью, проявляющей примерно 97%, или по меньшей мере примерно 99% идентичности по отношению к последовательности ГР гибридных белков, выбранных из AE912-чГР-AE144, AE912-чГР-АП44, AE912-чГР-AE288, AM923-чГР-AE144, AM923-чГР-AF144, AM923-чГР-AE288, и последовательностям табл. 36-37.

В некоторых воплощениях гибридный белок ГР-XTEN по изобретению сохраняет по меньшей мере примерно 0,05%, или примерно 0,1%, или примерно 1%, или примерно 10%, или примерно 20%, или примерно 30%, или примерно 40%, или примерно 50%, или примерно 60%, или примерно 70%, или примерно 80%, или примерно 90%, или примерно 95%, или примерно 98%, или примерно 99% биологической активности соответствующего ГР, не связанного с гибридным белком, по отношению к биологической активности in vitro или фармакологическому эффекту, известному или связанному с применением нативного ГР в лечении и предупреждении связанных с гормоном роста заболеваний, расстройств и состояний. Неограничивающие примеры активности или фармакологических эффектов, которые могут быть определены для оценки сохраненной активности гибридными белками ГР-XTEN, включают сигнальные маркеры трансдукции в клетках с рецепторами ГР, концентрации выделенного IGF-1, концентрации выделенного антитела к фактору роста IGFBP3, изменения скорости роста, безжировую массу тела, общее содержание жира в организме, содержание жира в туловище, параметры, связанные с синдромом устойчивости к инсулину, измерения уровней деления и размножения хондроцитов, изменения плотности костей, роста костей (например, увеличение ширины эпифизарного хряща). В некоторых воплощениях активность компонента ГР проявляется интактным гибридным белком ГР-XTEN, тогда как в других случаях компонент ГР должен быть предварительно проявлен путем расщепления и освобождения ГР из гибридного белка под действием протеазы, которая воздействует на расщепляемую последовательность, включенную в гибридный белок ГР-XTEN. В вышеперечисленном, ГР-XTEN разработан для снижения сродства компонента ГР к рецептору или лиганду, после присоединения к XTEN, но восстанавливающий или увеличивающий активность после освобождения от XTEN путем расщепления расщепляемой последовательности (последовательностей), включенных в последовательность ГР-XTEN, как более подробно описано выше.

В других случаях ГР-XTEN может быть сконструирован таким образом, чтобы снизить сродство компонента ГР к рецептору ГР для увеличения периода полувыведения ГР-XTEN, введенного субъекту, путем уменьшения рецептор-опосредованного клиренса; например, путем добавления XTEN к С-концу компонента ГР, входящего в гибридный белок. В других случаях, ГР-XTEN конструируют таким образом, чтобы понизить компонента ГР сродство к рецептору ГР для снижения токсичности или побочных эффектов вследствие введения композиции.

Соответственно, в изобретении предложен способ увеличения периода полувыведения ГР-XTEN путем получения одноцепочечного гибридного белка со специфической конфигурацией от N- к С-концу компонентов, включающих, по меньшей мере, первый ГР и первый и второй XTEN, где гибридный белок в первой из конфигураций от N- к С-концу ГР и компонентов XTEN имеет сниженный рецептор-опосредованный клиренс (РОК) и соответствующее увеличение периода полувыведения по сравнению с ГР-XTEN во второй конфигурации от N- к С-концу. В одном из предшествующих воплощений, ГР-XTEN имеет конфигурацию от N- к С-концу в виде XTEN-ГР-XTEN, которая имеет пониженное связывание с рецептором, по сравнению с конфигурацией ГР-XTEN, от N- к С-концу XTEN-ГР. В другом из вышеупомянутых воплощений, ГР-XTEN имеет конфигурацию ГР-XTEN. В предшествующих воплощениях, две молекулы XTEN могут быть идентичными или они могут иметь различную композицию и длину последовательности. Неограничивающие примеры вышеупомянутого варианта с двумя XTEN, присоединенными к одному ГР, включают конструкции AE912-чГР-AE144, AE912-чГР-AE288, AE864-чГР-AE144, AM923-чГР-AE144, и AM923-чГР-AE288. Изобретение рассматривает другие такие конструкции, в которых ГР из табл. 1 и XTEN из табл. 3 замещены соответствующими компонентами из вышеупомянутых примеров, и производятся они, например, в конфигурации из табл. 5, таким образом, что конст-

рукция имеет сниженный рецептор-опосредованный клиренс по сравнению с альтернативной конфигурацией соответствующих компонентов. В некоторых вариантах, предшествующий способ увеличения периода полувыведения предусматривает ГР-XTEN, в котором период полувыведения может быть в результате увеличен по меньшей мере примерно на 30%, или примерно на 50%, или примерно на 75%, или примерно на 100%, или примерно на 150%, или примерно на 200%, или примерно на 300%, или примерно на 400% или более по сравнению с периодом полувыведения ГР-XTEN во второй конфигурации, где связывание с рецептором не снижено. Изобретение использует в своих интересах тот факт, что при уменьшенном сродстве к рецептору, или в результате уменьшения скорости прямой реакции или увеличения скорости обратной реакции, отдельные лиганды могут быть блокированы или N- или С-концом (как показано на фиг. 3), и используя конец для присоединения другого полипептида композиции, или другой молекулы ГР, XTEN, или спейсерной последовательности в результате снижения сродства к рецептору. Выбор конкретной конфигурации гибридного белка ГР-XTEN, снижающий степень сродства к рецептору делает осуществимым снижение уровня рецептор-опосредованного клиренса. Вообще, активация рецептора сопряжена с РОК, так что связывание полипептида с его рецептором без активации не ведет к РОК, в то время как активация рецептора ведет к РОК. Однако, в некоторых случаях, особенно где лиганд имеет увеличенную скорость обратной реакции, лиганд может, тем не менее, быть способен связывать в достаточном объеме, чтобы инициировать клеточный сигнал в отсутствие клиренса, опосредованного триггерным рецептором, так что в результате ГР XTEN сохраняет биодоступность. В таких случаях, конфигурация ГР-XTEN имеет увеличенный период полувыведения по сравнению с теми конфигурациями, которые ведут к высокой степени РОК.

В случаях, где уменьшение сродства к рецептору гормона роста желательно в порядке уменьшения рецептор-опосредованного клиренса, но желательно также сохранение по меньшей мере части биологической активности, достаточная степень сродства для получения желательной активации рецептора должна, тем не менее, быть поддержана, например, путем инициации сигнальной трансдукции. Таким образом, в одном воплощении, в изобретении предложен ГР-XTEN с такой конфигурацией, что сродство ГР-XTEN к целевому рецептору находится в диапазоне примерно 0,01-40%, или примерно 0,01-30%, или примерно 0,01-20% от сродства соответствующего ГР-XTEN в конфигурации, где сродство не уменьшено. Сродство ГР-XTEN в определенной конфигурации, таким образом, предпочтительно уменьшено по меньшей мере примерно на 60%, или по меньшей мере примерно на 70%, или по меньшей мере примерно на 80%, или по меньшей мере примерно на 90%, или по меньшей мере примерно на 95%, или по меньшей мере примерно на 99%, или по меньшей мере примерно на 99,99% по сравнению со сродством соответствующего ГР в конфигурации, где сродство компонента ГР к целевому рецептору не уменьшено, или по сравнению с ГР, не связанным с гибридным белком, определенным при сопоставимых условиях. В зависимости от способа экспрессии, компонент ГР, входящий в ГР-XTEN определенной конфигурации, имеет сродство, которое настолько небольшое, как примерно 0,01%, или по меньшей мере примерно 0,1%, или по меньшей мере примерно 1%, или по меньшей мере примерно 2%, или по меньшей мере примерно 3%, или по меньшей мере примерно 4%, или по меньшей мере примерно 5%, или по меньшей мере примерно 10%, или по меньшей мере примерно 20%, или по меньшей мере примерно 30%, или по меньшей мере 40% от соответствующего компонента ГР, входящего в ГР-XTEN в конфигурации, в которой сродство соответствующего компонента ГР не уменьшено. В предшествующих вариантах сродство ГР-XTEN в определенной конфигурации к целевому рецептору является "существенно уменьшенным" по сравнению с соответствующим нативным ГР или ГР-XTEN с конфигурацией, в которой сродство соответствующего компонента ГР не уменьшено. Соответственно, в настоящем изобретении предложены композиции и способы производства композиций с уменьшенным РОК путем конфигурации ГР-XTEN, примеры которой приведены выше, таким образом, чтобы быть способным связывать и активировать достаточное число рецепторов для получения желательного биологического ответа in vivo, тем не менее избегая активации большего числа рецепторов, чем требуется для получения такого ответа. Увеличенный период полувыведения позволяет применение повышенных доз и сниженной частоты дозирования по сравнению с ГР, не связанным с XTEN или по сравнению с конфигурациями ГР-XTEN, где компонент ГР сохраняет достаточную биологическую или фармакологическую активность для получения в результате композиции с клинической эффективностью, сохраняющейся, несмотря на уменьшенную частоту дозирования.

VI) Применения композиций по настоящему изобретению

В другом аспекте в изобретении предложен способ достижения полезного эффекта при заболевании, расстройстве или состоянии, связанном с ГР. Настоящее изобретение обращено к недостаткам и/или ограничениям ГР, который имеет относительно короткий период полувыведения и/или узкое терапевтическое окно.

Большинство процессов, участвующих в росте тела, регулируются многочисленными пептидами и гормонами, и такие пептиды и гормоны, как и их аналоги, находят применение в лечении связанных с ростом заболеваний расстройств и состояний. Однако использование коммерчески-доступных гормонов роста встречается с меньшим, чем оптимальный, успехом, в лечении субъектов, страдающих от таких заболеваний, расстройств и состояний. В особенности для пептидных и гормональных биологических

препаратов, используемых в лечении связанных с гормоном роста заболеваний и расстройств, является важной оптимизация дозы и частоты дозирования. Тот факт, что гормон роста имеет короткий период полувыведения, делает неизбежным частое дозирование, чтобы достичь клинической пользы, которое вызывает трудности в лечении таких пациентов.

В одном воплощении в изобретении предложен способ достижения полезного эффекта у субъекта, имеющего болезнь, расстройство или состояние, связанные с гормоном роста, включающий стадию введения субъекту терапевтически или профилактически-эффективного количества гибридного белка ГР-XTEN, где указанное введение приводит к улучшению одного или нескольких биохимических или физиологических параметров, или клинических показателей, ассоциированных с заболеванием, расстройством и состоянием, связанным с гормоном роста. Эффективное количество производит полезный эффект и помогает лечить (например, вылечить или снизить тяжесть заболевания) или предотвратить (например, уменьшить вероятность приступа или ухудшения) связанные с гормоном роста заболевания, расстройства и состояния. В некоторых случаях, способ достижения полезного эффекта включает введение терапевтически эффективного количества композиции гибридного белка ГР-XTEN для лечения субъекта, имеющего связанное с гормоном роста заболевание, расстройство или состояние, включая, не ограничиваясь ими, врожденный или приобретенный дефицит ГР у взрослого и ребенка, синдром Тернера, синдром Прадера-Вилли, хроническую почечную недостаточность, задержку внутриутробного развития, идиопатическую низкорослость, истощение, связанное со СПИД, ожирение, рассеянный склероз, старение, фибромиалгию, болезнь Крона, не специфический язвенный колит, мышечную дистрофию, низкую мышечную массу (например, бодибилдинг), низкую плотность костей или любые другие признаки, при которых ГР может быть применен (но при которых уровни эндогенного гормона роста в субъекте не обязательно являются дефицитными).

В другом воплощении в изобретении предложен способ стимулирования продукции IGF-1 в индивидуумах с дефицитом ГР. Способ включает стадию введения субъекту терапевтически эффективного количества ГР-XTEN, которое приводит к увеличению уровней в крови и/или продолжительности времени с увеличенным уровнем в крови IGF-1 по сравнению с субъектом, получающим ГР, не связанный с XTEN и введенный в сопоставимой дозе. В некоторых случаях, увеличение IGF-1 составляет по меньшей мере примерно 20%, или по меньшей мере примерно 30%, или по меньшей мере примерно 40%, или по меньшей мере примерно 50%, или по меньшей мере примерно 75%, или по меньшей мере примерно 100%, или по меньшей мере примерно 200%, или по меньшей мере примерно 300%. В другом воплощении в изобретении предложено стимулирование деления и численности хондроцитов. Способ включает введение терапевтически эффективного количества ГР-XTEN, которое приводит к увеличению продукции хондроцитов по меньшей мере примерно на 20%, или по меньшей мере примерно на 30%, или по меньшей мере примерно на 40%, или по меньшей мере примерно на 50%, или по меньшей мере примерно на 75%, или по меньшей мере примерно на 100%, или по меньшей мере примерно на 200%, или по меньшей мере примерно на 300% по сравнению с субъектом, получающим ГР, не связанный с XTEN и введенный в сопоставимой дозе. В другом воплощении в изобретении предложен способ, включающий стадию введения терапевтически эффективного количества ГР-XTEN, которое приводит к увеличению костного роста, измеренного по увеличению ширины эпифизального хряща, по крайней мере, примерно на 20%, или по меньшей мере примерно на 30%, или по меньшей мере примерно на 40%, или по меньшей мере примерно на 50%, или по меньшей мере примерно на 75%, или по меньшей мере примерно на 100%, или по меньшей мере примерно на 200%, или по меньшей мере примерно на 300% по сравнению с субъектом, получающим ГР, не связанный с XTEN и введенный в сопоставимой дозе.

В результате усиления фармакокинетических параметров ГР-XTEN, как описано в настоящем документе, ГР вводится с использованием продленных интервалов между дозами по сравнению с ГР, не связанным с XTEN для предупреждения, лечения, облегчения, обращения заболевания вспять или улучшения симптомов или клинических аномалий связанного с гормоном роста заболевания, расстройства или состояния или продления жизни субъекта, подвергаемого лечению.

Способы по изобретению включают введение последовательных доз терапевтически эффективного количества ГР-TEN в течение периода времени, достаточного для достижения и/или поддержания желательного параметра или клинического эффекта, таких последовательных доз терапевтически эффективного количества, чтобы установить терапевтически эффективный режим дозирования для ГР-XTEN; т.е., график для последовательно вводимых доз композиции гибридного белка, где дозы даны в терапевтически эффективных количествах, чтобы вызвать устойчивый положительный эффект на любой клинический признак или симптом, аспект, измеренный параметр или характеристику метаболического статуса заболевания или состояния, включая, не ограничиваясь ими, те, которые описаны в настоящем документе. В одном воплощении способ включает введение субъекту, нуждающемуся в этом, терапевтически эффективного количества фармацевтической композиции, включающей гибридный белок ГР-XTEN, включающий ГР, связанный с последовательностью (последовательностями) XTEN и по меньшей мере один фармацевтически приемлемый носитель, что приводит к более значительному улучшению по меньшей мере одного параметра, физиологического состояния или клинического исхода, опосредованного компонентом (компонентами) ГР (неограничивающие примеры которых описаны выше) по сравнению

с эффектом, достигаемым посредством введения фармацевтической композиции, включающей ГР, не связанный с XTEN, и введенной в сопоставимой дозе. В одном воплощении фармацевтическая композиция вводится в терапевтически эффективной дозе. В другом воплощении фармацевтическая композиция вводится, используя многократные последовательные дозы, применяя терапевтически эффективный режим дозирования (как определено в настоящем документе) на продолжительность периода дозирования.

Терапевтически эффективное количество ГР-XTEN варьирует в зависимости от факторов, таких как статус заболевания, возраст, пол и масса тела индивида, а также способность антитела или части антител вызывать желательный ответ у индивида. Терапевтически эффективное количество является также таким, при котором любые токсические или вредные эффекты ГР-XTEN перевешиваются терапевтически полезными эффектами. Профилактически эффективное количество относится к количеству ГР-XTEN, требуемому на период времени, необходимый для достижения желательного профилактического результата.

Для некоторых относящихся к изобретению способов предпочтительно более длительное действие композиций ГР-XTEN, так как это улучшает удобство пациента, увеличивает время между дозами и сокращает количество лекарственные средства, которое требуется для достижения устойчивого эффекта. В одном воплощении способ лечения, включающий введение терапевтически эффективной дозы ГР-XTEN субъекту, нуждающемуся в этом, вызывает увеличение времени, проводимого внутри терапевтического окна, установленного для гибридного белка данной композиции, по сравнению с соответствующим компонентом (компонентами) ГР, не соединенными с гибридным белком и введенным в сопоставимой дозе субъекту. В некоторых случаях, промежуток времени, проводимого внутри терапевтического окна, составляет по меньшей мере примерно в три раза дольше, или по меньшей мере примерно в четыре раза, или по меньшей мере примерно в пять раз, or или по меньшей мере примерно в шесть раз, или по меньшей мере примерно в восемь раз, или по меньшей мере примерно в 10 раз, или по меньшей мере примерно в 20 раз, или по меньшей мере примерно в 40 раз, или по меньшей мере примерно в 80 раз, или по меньшей мере примерно в 100 раз, по сравнению с соответствующим компонентом ГР, не соединенным с гибридным белком и введенным в сопоставимой дозе субъекту. Способы далее предусматривают введение многократных последовательных доз ГР-XTEN, введенных, используя терапевтически эффективный режим дозирования по отношению к субъекту, нуждающемуся в этом, вызывает увеличение времени между последовательными пиками C_{max} и/или впадинами C_{min} для уровней гибридного белка в крови по сравнению с соответствующим ГР, не связанным с гибридным белком и введенным, используя режим дозирования, установленный для этого ГР. В вышеуказанном воплощении, увеличение времени между последовательными пиками C_{max} и/или впадинами C_{min} составляет по меньшей мере примерно в три раза больше, или по меньшей мере примерно в четыре раза, или по меньшей мере примерно в пять раз, или по меньшей мере примерно в восемь раз, или по меньшей мере примерно в 10 раз, или по меньшей мере примерно в 20 раз, или по меньшей мере примерно в 40 раз, или по меньшей мере примерно в 80 раз, или по меньшей мере примерно в 100 раз, дольше по сравнению с соответствующим ГР, не связанным с гибридным белком и введенным, используя режим дозирования, установленный для этого ГР. В вариантах, описанных выше в настоящем параграфе, введение гибридного белка вызывает улучшение по меньшей мере одного из параметров (раскрытых в настоящем документе, как используемые для оценки болезней, состояний и расстройств субъекта), используя более низкую дозу гибридного белка в молях, по сравнению с соответствующим компонентом ГР, не связанным с гибридным белком и введенным субъекту в сопоставимой единичной дозе или режиме дозирования.

Способ лечения включает введение ГР-XTEN, используя терапевтически эффективную дозу или режим дозирования, чтобы вызвать улучшения одного или более параметров, связанных с имеющими отношение к гормону роста заболеваниями, расстройствами или состояниями. В некоторых вариантах, введение ГР-XTEN субъекту приводит к улучшению одного или более из биохимических, физиологических или клинических параметров, которое имеет большую величину, чем вызванное соответствующим компонентом ГР, не связанным с XTEN, определенному, используя тот же вид анализа или основанному на измеренном клиническом параметре. В других вариантах, введение ГР-XTEN, используя терапевтически эффективный режим дозирования, проявляется в активности одного или более из биохимических, физиологических или клинических параметров большей продолжительности, чем активность одного из одиночных компонентов ГР, не связанного с XTEN, определенная с использованием того же вида анализа или основываясь на измеряемом клиническом параметре. В одном из предшествующих воплощений, введение ГР-XTEN субъекту, используя терапевтически эффективный режим дозирования, приводит к усилению пиков концентрации и увеличению площади под кривой для уровней IGF-1 в крови субъекта по меньшей мере примерно на 10%, или примерно на 20%, или примерно на 30%, или примерно на 40%, или примерно на 50%, или примерно на 60%, или примерно на 70%, или примерно на 80%, или примерно на 90%, или примерно на 100% или более по сравнению с сопоставимой дозой ГР, не связанного с XTEN, введенной субъекту. В другом из предшествующих воплощений введение ГР-XTEN субъекту, используя терапевтически эффективный режим дозирования, приводит к увеличению прироста массы субъекта по меньшей мере примерно на 10%, или примерно на 20%, или примерно на 30%, или примерно на 40%, или примерно на 50% или более по сравнению с сопоставимым режимом дозирования ГР, не связанного с

XTEN, введенного субъекту.

Изобретение далее рассматривает ГР-XTEN, используемый в соответствии со способами, предусматриваемыми в настоящем документе, вводится в сочетании с другими способами лечения или фармацевтическими композициями, используемыми для лечения связанных с гормоном роста заболеваний, расстройств и состояний или состояний, для которых гормон роста является дополнительной терапией, например, устойчивости к инсулину или ослабленном гликемическом контроле. Такие композиции включают, например, ингибиторы DPP-IV, инсулин, аналоги инсулина, гамма агонисты PPAR, агонисты PPAR двойного действия, агонисты GLP-1 или аналоги, ингибиторы PTP1B, ингибиторы SGLT, стимуляторы секреции инсулина, агонисты RXR, ингибиторы гликоген-синтазы-киназы-3, инсулиновые сенсибилизаторы, иммуномодуляторы, агонисты бета-3 адренергических рецепторов, агонисты Pan-PPAR, ингибиторы 11beta-HSD1, бигуанидины, ингибиторы альфа-глюкозидазы, меглитиниды, тиазолидиндионы, сульфанилмочевина и другие препараты для лечения диабета, известные в уровне техники, или антигипергликемические лекарственные средства, блокаторы кальциевых каналов и родственные продукты. В некоторых вариантах, введение ГР-XTEN позволяет использовать более низкие дозы вводимых совместно фармацевтических композиций для достижения сопоставимого клинического эффекта или измеряемого параметра для заболевания, расстройства или состояния субъекта.

В другом аспекте в изобретении предложен способ создания композиций ГР-XTEN с желательными фармакологическими или фармацевтическими свойствами. Гибридные белки ГР-XTEN создаются и приготавливаются с различными целями (по сравнению с компонентами ГР, не связанными с гибридным белком), включая улучшение терапевтической эффективности для лечения связанных с гормоном роста заболеваний, расстройств или состояний, усиление фармакокинетических характеристик гибридных белков по сравнению с ГР, понижение дозы или частоты дозирования, требуемой для достижения фармакологического эффекта, усиление фармацевтических свойств и повышение способности компонентов ГР сохраняться внутри терапевтического окна на продленный период времени.

Вообще, стадии в создании и получении гибридных белков и композиций по изобретению, как проиллюстрировано на фиг. 4-6, включают (1) выбор ГР (например, нативных протеинов, аналогов или производных, обладающих активностью) для лечения определенного заболевания, расстройства или состояния; (2) выбор XTEN, который будет придавать желательные фармакокинетические или физико-химические характеристики получающемуся в результате ГР-XTEN (например, введение композиции субъекту приводит к гибридному белку, удерживающемуся внутри терапевтического окна на больший период по сравнению с ГР, не связанным с XTEN); (3) установление желательной конфигурации ГР-XTEN от N- к С-концу для достижения желательной эффективности или фармакокинетических параметров; (4) установление конструкции экспрессионного вектора, кодирующего ГР-XTEN определенной конфигурации; (5) трансформация подходящего хозяина экспрессионным вектором и (6) экспрессия и получение конечного гибридного белка. Для тех ГР-XTEN, для которых желательны увеличение периода полувыведения (более чем 24 ч) или увеличенный период времени, проводимый внутри терапевтического окна, XTEN, выбираемый для включения, обычно имеет по меньшей мере примерно 500, или примерно 576, или примерно 864, или примерно 875, или примерно 912, или примерно 923 аминокислотных остатков, там где один XTEN должен быть включен в ГР-XTEN. В другом воплощении ГР-XTEN включает первый XTEN вышеуказанной длины и второй XTEN длиной примерно 144, или примерно 288, или примерно 576, или примерно 864, или примерно 875, или примерно 912, или примерно 923 аминокислотных остатков.

В других воплощениях, где увеличение периода полувыведения не требуется, но желательно увеличение фармацевтических свойств (например, растворимости), ГР-XTEN создается с включением XTEN более короткой длины. В некоторых вариантах из вышеупомянутых, ГР-XTEN включает ГР, присоединенный к XTEN, имеющему по меньшей мере примерно 24, или примерно 36, или примерно 48, или примерно 60, или примерно 72, или примерно 84, или примерно 96 аминокислотных остатков, в которых растворимость гибридного белка при физиологических условиях составляет по меньшей мере в три раза больше, чем соответствующего ГР, не связанного с XTEN, или в альтернативном случае по меньшей мере в четыре раза, или в пять раз, или в шесть раз, или в семь раз, или в восемь раз, или в девять раз, или по меньшей мере в 10 раз, или в девять раз, или по меньшей мере в 20 раз, или в девять раз, или по меньшей мере в 30 раз, или в девять раз, или по меньшей мере в 50 раз, или в девять раз, или по меньшей мере в 60 раз или больше, чем ГР, не связанный с XTEN. В одном воплощении предыдущего ГР является человеческим гормоном роста.

В другом аспекте в изобретении предложены способы изготовления композиций ГР-XTEN с целью облегчения их производства, что приводит к увеличенной стабильности, увеличенной растворимости в воде, и/или легкости подбора состава, по сравнению с нативным ГР. В одном воплощении изобретение включает способ увеличения растворимости в воде ГР, включающий этап присоединения ГР к одному или более XTEN, таким образом, чтобы достигалась более высокая концентрация растворимой формы результирующего ГР-XTEN, при физиологических условиях, по сравнению с ГР, в негибридизированном состоянии. Факторы, вносящие вклад в свойство XTEN придавать увеличенную растворимость в воде ГР, когда они включены в гибридный белок, включают высокую растворимость парт-

нера XTEN и низкую степень самопроизвольной агрегации между молекулами XTEN в растворе. В некоторых вариантах, способ приводит к гибридному белку ГР-XTEN, где растворимость в воде по меньшей мере примерно на 20%, или по меньшей мере примерно на 30% выше, или по меньшей мере примерно на 50% выше, или по меньшей мере примерно на 75% выше, или по меньшей мере примерно на 90% выше, или по меньшей мере примерно на 100% выше, или по меньшей мере примерно на 150% выше, или по меньшей мере примерно на 200% выше, или по меньшей мере примерно на 400% выше, или по меньшей мере примерно на 600% выше, или по меньшей мере примерно на 800% выше, или по меньшей мере примерно на 1000% выше, или по меньшей мере примерно на 2000% выше, или по меньшей мере примерно на 4000% выше, или по меньшей мере примерно на 6000% выше при физиологических условиях по сравнению с негибридизированным ГР.

В другом воплощении изобретение включает способ увеличения срока хранения ГР, включающего этап соединения ГР с одним или более XTEN, выбранным таким образом, что срок хранения результирующего ГР-XTEN продлен по сравнению с ГР в негибридизированном состоянии. Используемый в настоящем документе, срок хранения относится к периоду времени, в течение которого функциональная активность ГР или ГР-XTEN, который существует в растворе или в какой-то другой форме хранения, остается стабильным без чрезмерной потери активности. Используемый в настоящем документе термин "функциональная активность" относится к фармакологическому эффекту или биологической активности, такой как способность связываться с рецептором или лигандом, или ферментатическая активность, или проявлять один или более видов функциональной активности, связанных с ГР, которые известны науке. ГР, который деградирует или подвергается агрегации, обычно снижает функциональную активность или уменьшает биодоступность по сравнению с тем, который остается в растворе. Факторы, которые вносят вклад в способность способа продлевать срок хранения ГР, когда они включены в гибридный белок, включают увеличенную растворимость в воде, сниженную самопроизвольную агрегацию в растворе и увеличенную устойчивость к нагреванию гибридного партнера XTEN. В особенности, низкая тенденция XTEN к агрегации облегчает способы изготовления и подбора состава фармацевтических препаратов, содержащих более высокие лекарственные концентрации ГР, и устойчивость к нагреванию XTEN вносит вклад в свойство гибридных белков GHXTEN оставаться растворимыми и функционально активными на продленные периоды. В одном воплощении способ приводит к гибридным белкам ГР-XTEN с "пролонгированным" или "продленным" сроком хранения, которые проявляют более высокую активность относительно стандарта, который был подвергнут тем же условиям хранения и обращения. Стандартом может быть негибридизированный полноразмерный ГР. В одном воплощении способ включает стадию соединения в одном препарате выделенного ГР-XTEN с одним или более фармацевтически приемлемым вспомогательным веществом, что усиливает способность XTEN сохранять лишенную структуры конформацию для ГР-XTEN оставаться растворимым в препарате в течение большего промежутка времени, чем соответствующий негибридизированный ГР. В одном воплощении способ включает присоединение ГР к одному или более XTEN, чтобы создать гибридный белок ГР-XTEN, который в результате в растворе сохраняет более чем примерно 100% функциональной активности, или более чем примерно 105, 110, 120, 130, 150 или 200% от функциональной активности стандарта, когда сравнение производится в данный момент времени и когда подвергается тем же условиям хранения и обращения, как стандарт, таким образом увеличивая срок хранения.

Срок хранения может также быть определен в терминах функциональной активности, остающейся после хранения, нормализованной по отношению к функциональной активности на момент начала хранения. Гибридные белки ГР-XTEN по изобретению с пролонгированным или продленным сроком хранения, как проявляющие пролонгированную или продленную функциональную активность, сохраняют на примерно 50% больше функциональной активности, или примерно 60, 70, 80 или 90% больше функциональной активности эквивалентного ГР, не связанного с XTEN, когда подвергается одним и тем же условиям, в течение одного и того же периода времени. Например, гибридный белок ГР-XTEN по изобретению, включающий человеческий гормон роста, гибридизированный с одной или более последовательностью XTEN, сохраняет примерно 80% или более от его исходной активности в растворе на периоды вплоть до 2 недель, или 4 недель, или 6 недель или дольше при различных температурных условиях. В некоторых вариантах, ГР-XTEN сохраняет по меньшей мере примерно 50%, или примерно 60%, или по меньшей мере примерно 70%, или по меньшей мере примерно 80%, более предпочтительно, по крайне мере, примерно 90% или более от его исходной активности в растворе, который нагревали при температуре 80°C в течение 10 мин. В других варианта, ГР-XTEN сохраняет по меньшей мере примерно 50%, предпочтительно, по меньшей мере примерно 60%, или по меньшей мере примерно 70%, или по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90% или более от его исходной активности в растворе, который нагревали или выдерживали при 37°C на протяжении примерно 7 дней. В другом воплощении гибридный белок ГР-XTEN сохраняет по меньшей мере примерно 80% или более от его функциональной активности после выдерживания при температуре от примерно 30 до примерно 70°C в течение периода времени от примерно 1 до примерно 18 ч. В предшествующих вариантах настоящего документа, описанных в этом параграфе, остаточная активность ГР-XTEN составляет по меньшей мере примерно в два раза, или по меньшей мере примерно трех раз, или по меньшей мере примерно четырех раз, о

или по меньшей мере примерно пяти раз или по меньшей мере примерно шести раз больше, чем в данный момент времени имеется у соответствующего ГР, не связанного с гибридным белком.

VII) Последовательности нуклеиновых кислот по изобретению

В настоящем изобретении предложены выделенные полинуклеиновые кислоты, кодирующие химерные гибридные белки ГР-XTEN, и последовательности, комплементарные молекулам полинуклеиновых кислот, кодирующих химерные гибридные белки ГР-XTEN, включая гомологичные варианты таковых. В другом аспекте изобретение охватывает способы получения полинуклеиновых кислот, кодирующих химерные гибридные белки ГР-XTEN, и последовательностей, комплементарных полинуклеотидам, кодирующим химерные гибридные белки ГР-XTEN, включая гомологичные варианты таковых. Вообще, и как проиллюстрировано на фиг. 4-6, способы получения полинуклеотидных последовательностей, кодирующих гибридный белок ГР-XTEN, и экспрессия результирующего генетического продукта включают сборку нуклеотидов, кодирующих ГР и XTEN, лигирование компонентов в рамку считывания, включение кодирующих генов в экспрессионный вектор, подходящий для клетки-хозяина, трансформация подходящей клетки-хозяина экспрессионным вектором и культивированные клеток-хозяев при условиях, вызывающих или позволяющих экспрессию гибридного белка, который должен быть экспрессирован в трансформированной клетке-хозяине, таким образом продуцируя биологически активный полипептид ГР-XTEN, который получают как выделенный гибридный белок стандартными способами очистки белка, известными в науке. Для производства полинуклеотидов и экспрессионных векторов по настоящему изобретению используются стандартные методики рекомбинации, применяемые в молекулярной биологии.

В соответствии с изобретением последовательности нуклеиновых кислот, которые кодируют ГР-XTEN (или комплементарные им последовательности), используются для создания молекул рекомбинантной ДНК, которые управляют экспрессией гибридных белков ГР-XTEN в подходящих клетках-хозяевах. Некоторые стратегии клонирования подходят для реализации настоящего изобретения, многие из которых используются, чтобы произвести конструкцию, которая включает ген, кодирующий гибридный белок композиции ГР-XTEN по настоящему изобретению, или комплементарный ему. В некоторых воплощениях стратегия клонирования используется для создания гена, который кодирует мономерный ГР-XTEN, который включает, по меньшей мере, первый ГР и, по меньшей мере, первый полипептид XTEN или комплементарную последовательность. В одном из воплощений ген включает последовательность, кодирующую чГР или вариант этой последовательности. В других воплощениях стратегия клонирования используется для создания гена, который кодирует мономерный ГР-XTEN, который включает нуклеотиды, кодирующие, по меньшей мере, первую молекулу ГР или их комплемент и первый и по меньшей мере второй XTEN или их комплемент, используемые для трансформации клетки-хозяина для экспрессии композиции гибридного белка ГР-XTEN. В вышеперечисленных воплощениях, описанных в данном параграфе настоящего документа, гены могут далее включать нуклеотиды, кодирующие спейсерные последовательности, которые также кодируют расщепляемую последовательность (последовательности).

При конструировании желательных последовательностей XTEN, было обнаружено, что неповторяющийся характер последовательностей XTEN композиций по изобретению достигается, несмотря на использование молекулярного подхода "строительного блока" к созданию последовательностей, кодирующих XTEN. Это было достигнуто путем использования библиотеки полинуклеотидов, кодирующих мотивы последовательности пептида, описанные выше, которые затем лигируют и/или мультимеризуют, чтобы создать гены, кодирующие последовательности XTEN (см. фиг. 4 и 5 и примеры). Следовательно, в то время как XTEN экспрессированного гибридного белка могут состоять из множества единиц, представляющих по меньшей мере четыре различных мотива последовательности, полная последовательность XTEN оказывается неповторяющейся, потому что мотивы сами по себе состоят из неповторяющихся аминокислотных последовательностей. Соответственно, в одном воплощении, полинуклеотиды, кодирующие XTEN, включают с множество полинуклеотидов, которые кодируют неповторяющиеся последовательности, или мотивы, функционально соединенные в рамку считывания (фрейм), и в котором экспрессированная в результате аминокислотная последовательность XTEN является неповторяющейся.

В одном из подходов, конструкция, изготавленная первой, содержит последовательность ДНК, соответствующую гибридному белку ГР-XTEN. ДНК, кодирующую ГР, входящий в композиции, получают из библиотеки кДНК приготовленной с использованием стандартных способов из тканей или выделенных клеток, предположительно обладающих мРНК ГР и экспрессирующих его на заметном уровне. Библиотеки исследуют с помощью зонда, содержащего, например, примерно от 20 до 100 оснований, сконструированного для идентификации гена целевого ГР путем гибридизации, используя общепринятые методики молекулярной биологии. Лучшими кандидатами, согласно зондированию, являются те из представленных последовательностей, которые обладают высокой степенью гомологии по отношению к человеческому гормону роста, и имеют достаточную длину и достаточно однозначны, так что число ошибочных положительных ответов минимально, но могут быть вырожденными в одной или более позициях. Если необходимо, кодирующая последовательность может быть получена с использованием общепринятых методик достройки праймера, как описано в работе Sambrook, et al., supra, для обнаружения предшественников и процессинга промежуточных мРНК, которые не могли быть обратно транскрибиро-

ваны в кДНК Можно затем использовать методологию полимеразной цепной реакции (ПЦР), чтобы амплифицировать целевую кодирующую последовательность ДНК или РНК для получения достаточного материала для приготовления конструкций ГР-XTEN, содержащих ген (гены) ГР. Для подтверждения, что гибридизированные гены полной длины являются желательными генами ГР, могут быть проведены анализы. Этими общепринятыми способами ДНК может быть получена из библиотеки хДНК, приготовленной из таких источников. Ген (гены), кодирующий ГР, также может быть получен из библиотеки геномов или создан путем стандартных процедур синтеза, известных в уровне техники (например, автоматизированный синтез нуклеиновых кислот с использованием, например, одного из способов, описанных в работе Engels et al. (Agnew. Chem. Int. Ed. Engl., 28:716-734 1989)), используя последовательности ДНК, полученные из общедоступных баз данных, патентов или литературных ссылок. Такие процедуры хорошо известны в науке и хорошо описаны в научной и патентной литературе. Например, последовательности могут быть получены из регистрационных номеров Chemical Abstracts Services (CAS) (публикуемого Американским Химическим Обществом) и/или инвентарных номеров GenBank (например, Локус ID, NP_XXXXX и XP_XXXXX). Модели идентификации белка доступны через веб-страницу Национального Центра Биотехнологической информации (NCBI), доступны на сайте Интернет ncbi.nlm.nih.gov, который связан с выходами в Регистр CAS или базу данных GenBank, которые содержат аминокислотную последовательность целевого белка или фрагментов, или вариантов белка. Для таких идентификаторов последовательности, предусмотренных настоящим документом, сводные страницы, связанные с каждым из этих источников (CAS, и GenBank, и GenSeq Accession Numbers), как и публикации в журналах (например, номер PubMed ID (PMID)) включены целиком путем ссылки, особенно в отношении аминокислотных последовательностей, описанных в настоящем документе. В одном воплощении ген, кодирующий ГР, кодирует белок, выбранный из табл. 1, или фрагмент, или вариант таковых.

Ген или полинуклеотид, кодирующий часть рассматриваемого белка ГР-XTEN, относящуюся к ГР, в случае экспрессированного гибридного белка, который включает один ГР, клонируют в конструкции, представляющей из себя плазмиду или другой вектор, под контролем подходящих транскрипционной и трансляционной последовательностей, для высокого уровня экспрессии белка в биологической системе. На последующем этапе, второй ген или полинуклеотид, кодирующий XTEN, генетически встраивают в нуклеотиды, кодирующие N-и/или С-концевой ГР, путем клонирования его в конструкции, смежной и объединенной в рамку считывания (фрейм) с геном (генами), кодирующими ГР. Этот второй этап происходит путем лигирования или мультимеризации. В предшествующих вариантах, описанных в этом параграфе, должно быть понятно, что созданные генетические конструкции могут в альтернативном случае быть комплементарными соответствующим генам, которые кодируют соответствующие гибридные белки.

Ген, кодирующий XTEN, может быть создан в один или более этапов, или полностью синтетическим путем, или путем синтеза, комбинированного с ферментативными процессами, такими как рестрикционное фермент-опосредованное клонирование, ПЦР и перекрывающее удлинение (overlap extension), включая способы, с большей полнотой описанные в примерах. Способы, раскрытые в настоящем документе, могут быть использованы, например, для лигирования коротких последовательностей полинуклеотидов, кодирующих XTEN, в более длинные гены XTEN желательной длины и последовательности. В одном воплощении способ лигирует два или более кодон-оптимизированных олигонуклеотида, кодирующих мотив или сегмент последовательности XTEN длиной от примерно 9 до 14 аминокислот, или от примерно 12 до 20 аминокислот, или от примерно 18 до 36 аминокислот, или от примерно 48 до примерно 144 аминокислот, или от примерно 144 до примерно 288 или длиннее или любую комбинацию из перечисленных диапазонов длины мотивов или сегментов.

В альтернативном случае, раскрытый способ используется для мультимеризации кодирующих XTEN последовательностей в более длинные последовательности желательной длины; например, ген, кодирующий 36 аминокислот XTEN, может быть димеризован в ген, кодирующий 72 аминокислоты, затем 144, затем 288, и т.д. Даже в случае мультимеризации, полипептиды XTEN могут быть построены таким образом, что кодирующий XTEN ген имеет низкую повторяемость последовательности или фактически не имеет ее, путем создания кодонов, выбранных для используемых мотивов наиболее коротких структурных единиц, которые могут снижать рекомбинацию и увеличивать стабильность гена в трансформированном хозяине. Гены, кодирующие XTEN с неповторяющимися последовательностями, собираются из олигонуклетидов, используя стандартные способы синтеза генов. Построение гена может быть осуществлено с использованием алгоритмов, которые оптимизируют использование кодонов и композицию аминокислот. В одном из способов по изобретению, была создана библиотека относительно коротких полинуклеотидных конструкций, кодирующих XTEN, и затем осуществлена сборка, как показано на фиг. 4 и 5. Это может быть библиотека чистых кодонов, в которой каждый член библиотеки имеет одинаковую аминокислотную последовательность, но возможно много различных кодирующих последовательностей. Такие библиотеки могут быть собраны из частично рандомизованных олигонуклеотидов и использованы для создания крупных библиотек сегментов XTEN, включающих мотивы последовательностей. Схема рандомизации может быть оптимизирована для контроля выборов аминокислот для каждой позиции, как и использования кодонов. Примеры способов достижения вышеперечисленного рас-

крываются в примерах.

Библиотеки полинуклеотидов.

В другом аспекте в изобретении предложены библиотеки полинуклеотидов, кодирующих последовательности XTEN, которые используются для сборки генов, кодирующих XTEN желательной длины и последовательности.

В отдельных воплощениях, библиотеки конструкций, кодирующих XTEN, включают полинуклеотиды, которые кодируют сегменты полипептидов фиксированной длины. В качестве начального шага, может быть собрана библиотека олигонуклеотидов, кодирующих мотивы длиной в 9-14 аминокислотных остатков. В предпочтительном варианте, собирают библиотеки олигонуклеотидов, которые кодируют мотивы из 12 аминокислотных остатков.

Сегменты последовательности, кодирующей XTEN, могут быть димеризованы или мультимеризованы в более длинные кодирующие последовательности. Димеризация или мультимеризация могут быть осуществлены путем лигирования, перекрывающего удлинения, сборки ПЦР или сходных технологий клонирования, известных в уровне техники. Этот процесс может быть повторен многократно, до тех пор пока результирующие последовательности, которые кодируют XTEN, не достигнут желательной организации и длины последовательности, обеспечивающей гены, кодирующие XTEN. Как будет понятно, библиотеки полинуклеотидов, кодирующих, например, мотивы из 12 аминокислот, могут быть димеризованы и/или лигированы в библиотеки полинуклеотидов, которые кодируют по 36 аминокислот. Библиотеки, кодирующие мотивы различной длины, например, из 9-14 аминокислот приводят к библиотекам, кодирующим от 27 до 42 аминокислот, рассматриваемым данным изобретением. В свою очередь, библиотеки полинуклеотидов, кодирующие от 27 до 42 аминокислот, и предпочтительно 36 аминокислот (как описано в примерах) могут быть серийно димеризованы в библиотеки, содержащие последовательно более длинные полинуклеотиды, которые кодируют последовательности XTEN желательной длины для включения в ген, кодирующий гибридный белок ГР-XTEN, раскрытый в настоящем документе. В некоторых вариантах, библиотеки собирают из полинуклеотидов, которые кодируют аминокислоты, ограниченные рамками специфических семейств последовательности XTEN, например, AD, AE, AF, AG, AM, или AQ последовательности из табл. 2. В других вариантах, библиотеки включают последовательности, которые кодируют два или более семейства мотивов последовательностей из табл. 2. Наименования и последовательности типичных, неограничивающих полинуклеотидных последовательностей, принадлежащих к библиотекам, которые кодируют 36-меры, представлены в табл. 8-11, а способы, используемые для их создания, описаны более полно в примерах. В других вариантах, библиотеки, которые кодируют XTEN, строятся из сегментов полинуклеотидных кодонов, соединенных в рандомизированную последовательность, которая кодирует аминокислоты, где по меньшей мере примерно 80%, или по меньшей мере примерно 90%, или по меньшей мере примерно 91%, или по меньшей мере примерно 92%, или по меньшей мере примерно 93%, или по меньшей мере примерно 94%, или по меньшей мере примерно 95%, или по меньшей мере примерно 97%, или по меньшей мере примерно 98%, или по меньшей мере примерно 99% кодонов выбрано из группы, состоящей из кодонов для аминокислот глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутаминовой кислоты (E) и пролина (P). Библиотеки могут быть использованы, в свою очередь, для серийной димеризации или лигирования для получения библиотек полинуклеотидных последовательностей, которые кодируют последовательности XTEN, например, из 48, 72, 144, 288, 576, 864, 875, 912, 923, 1318 аминокислот, или вплоть до общей длины примерно 3000 аминокислот, как и промежуточных длин, которых кодируемый XTEN может иметь одно или более из свойств, раскрытых в настоящем документе, когда экспрессирован в качестве компонента гибридного белка ГР-XTEN. В некоторых случаях, последовательности полинуклеотидной библиотеки могут также включать дополнительные основания, используемые как "острова последовательностей", описанные более полно ниже.

На фиг. 5 представлена блок-схема типичных неограничивающих этапов сборки полинуклеотидной конструкции XTEN и полинуклеотидной конструкции ГР-XTEN в вариантах по изобретению. Индивидуальные олигонуклеотиды 501 отжигаются в мотивы последовательности 502, такие как мотив 12 аминокислот ("12-мер"), который последовательно лигируют с олигонуклеотидами, содержащими сайты рестрикции BbsI и KpnI 503. Дополнительные мотивы последовательности из библиотеки отжигают к 12-меру, пока желательная длина гена XTEN 504 не будет достигнута. Ген XTEN клонируют во вставочный вектор. Вектор возможно кодирует последовательность флага 506, за которой следует вставочная последовательность, фланкированная сайтами BsaI, BbsI и KpnI 507 и, в этом случае, один ген ГР (кодирующий в этом примере чГР) 508, что в результате дает ген, кодирующий ГР-XTEN, включающий один ГР 500. Не исчерпывающий перечень наименований XTEN для полинуклеотидов, кодирующих XTEN и последовательности-предшественники, предусмотрен в табл. 7.

Таблица 7

Последовательности ДНК XTEN и последовательностей-предшественников

XTEN название	**Нуклеотидная последовательность ДНК**
AE48	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCCCGGGTAGCGGTACTG CTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCG GGCACCAGCTCTACCGGTTCT
AM48	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCATCCCCGGGCACCAGCT CTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACC CCGTCTGGTGCTACTGGCTCT
AE144	GGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTG AGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAG GCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG TAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCT GAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAAC CTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTA GCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAG CGCACCA
AF144	GGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTT CTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCT ACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTT CTACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTAC TGCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACT GCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCT CTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGC ACCA
AE288	GGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCT CTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTG CAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGG TACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCA ACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTA

	GCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTAC TGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGC TACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACT TCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAA CCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCC GACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCT ACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCC CAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGA GGGCAGCGCACCA
AE576	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTG AGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAG GCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGG TACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAA TCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTA CCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTAC TTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAG CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTC TCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCC GGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCA ACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTT CTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCG CACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAA CCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTC TGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAAC CCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCT GAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTA CCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTC CAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGA GGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACC GAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCA GGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCG GAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAA GCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGG TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCC ACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGC TCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCA
AF576	GGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCAGAAT CTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCT ACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTA CTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACC GCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTC CTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCT CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCAC CAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATC TTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCG AATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGG TACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTA CCGCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACC GCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCT CTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATC TCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGC GGCTCTGCTTCTCCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTA GCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCC AGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAA TCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCC CTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGG

	TTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCC GCTTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAAT CTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTAC TTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCG GGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACTG CTGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACT AGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCC CAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGG TTCTGCATCTCCA
AE624	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCCCGGGTAGCGGTACTG CTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCG GGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAG GTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGG TAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAA CCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTA CTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGA AACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTC TCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAC CTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG CGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCG TCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCG CACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTC TGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT ACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGC CCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCA ACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAA CCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCC CAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGA AGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACT GAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCA GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCT CCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGG TACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCT GAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAAC CGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTA GCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTAC TGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGC AACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCA
AM875	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTT CTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTC TACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGT TCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTA CTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAA AGCGGTTCTGCATCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGA GGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACC CCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTA CCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGG AAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGA GGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGA AAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCA GGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCT GAATCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTG CTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAAGG TAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTT CCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCG

	TCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC GAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTG AGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTC CGAAGGTAGCGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTACTTCTGA AAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAA GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAAT CTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTAG CGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCCTCTCCAGGT AGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTAC CGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAGCGC TACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTTCC ACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGG GTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTC TGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCT ACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTC CAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTC TGGCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACT GAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCA GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTG GTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCGAACCTGC TACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGT AGCCCTGCAGGTTCTCCTACCTCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCG GCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCAC CAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACC TCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCG CACCA
AE864	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTG AGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAG GCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGG TACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAA TCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTA CCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTAC TTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAG CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTC TCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCC GGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCA ACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTT CTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCG CACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAA CCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTC TGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAAC CCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCT GAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTA CCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTC CAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGA GGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACC GAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCA GGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCG GAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAA GCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGG TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCC ACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGC TCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAG TCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCG CAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTA CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAG

	CGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGC AACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAC TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACC GAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTT CCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGG CCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCC GGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTA CTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCC AGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCT GAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
AF864	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTT CTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGA ATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTA CCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCAC CGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGC GAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCTCCAGGTACTT CTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCT CCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTACCTCTCCTAGCGGTGAAT CTTCTACCGCTCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGC TCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAG GTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTG AAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTAC CTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACT GCACCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCG CTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTC TACTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGC CCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGA ATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCG AGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAG GTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTCC XXXXXXXXXXXXTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAXXXXXXXXTAGCGAAT CTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTTCT ACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCG CTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCC TTCTGGTACTGCACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTC CTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCA GGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCGAGCGGTGAATCTT CTACTGCACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCGA ATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGT ACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTA CCGCACCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCAGGTACTTCTACCCCGGA AAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTACT TCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGG GTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCC GTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACC AGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCAC CAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATC TTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTA GCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGG TTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTA CTGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCT GGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCA XXXX был вставлен в двух областях, где нет доступной информации о последовательности.
AG864	GGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACTGG TACTGGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACTGGTACTGGTCCAGGTACCCCGGGTAGC

	GGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTC TAACCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGT TCTCCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGG TGCAACTGGTTCTCCAGGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTC CTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCA GGTACCCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAAC CGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGC GGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTC TAACCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACTG GCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGT GCAACTGGCTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCC CTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCA GGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTAC TGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCCCCGGGCA CTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTACT CCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTC TCCAGGTGCATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCT CTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACT CCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAG GTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTAC CGGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCG TCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTG CTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGG TTCTCCAGGTACTCCTGGCAGCGGTACTGCATCTTCCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCA GCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCC CCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCC AGGTACCCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTA CCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCATCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACCCC GTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTA GCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC TCCCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATC TACTGGTACTGGTCCAGGTGCATCCCCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCT GGTAGCGGTACTGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCC AGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACCG GTACTGGTCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCTCCTGGT ACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTTC TAGCCCTTCTGCATCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCATCCCCTGGTACCAGCTCTACCGGTT CTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACCGGTCCAGGTACCCCTGGCAGCGGTAC CGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTA CTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
AM923	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCATCCCCGGGCACCAGCT CTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACC CCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAG GTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCAACTTC TACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCG GAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTT CTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGC TTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACC TCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCC CGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGC TCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCC GAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCA GCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC CAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCC TGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACT GAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAG GTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGG

	CTCTCCGACCTCCACCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGT ACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGG CTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCG TCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGC CCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTG AGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCG CGCCAAGCACGGGAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGG CTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGA AGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCT GGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCA GCGGTACCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGT TCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTG AAACTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTA CTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTC TACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACC GCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACC TCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTCTA CCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATC TCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC GAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTA CCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCC AGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCT ACTGGTTCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAA GCGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACCTCCACTGAGGAAGG TAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTA CTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGC TACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACT TCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
AE912	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCCCGGGTAGCGGTACTG CTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCG GGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAG GTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGG TAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAA CCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTA CTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGA AACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTC TCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAC CTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG CGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCG TCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCG CACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTC TGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT ACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGC CCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCA ACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAA CCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCC CAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGA AGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACT GAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCA GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCT CCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGG TACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCT GAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAAC CGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTA GCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTAC TGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGC

	AACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTAC CTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAG ACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACC TCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTT CTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCG AAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT CCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCC GGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAA GAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACC CCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTG AAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCC AGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACT TCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTG AACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAG GTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGG CAGCGCACCA
AM1318	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTT CTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTC TACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGT TCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTA CTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAA AGCGGTTCTGCATCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGA GGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACC CCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTA CCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGG AAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGA GGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGA AAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCA GGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCT GAATCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTG CTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAAGG TAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTT CCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCG TCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC GAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTG AGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTC CGAAGGTAGCGCTCCAGGTCCAGAACCAACGGGGCCGGCCCCAAGCGGAGGTAGCGAAC CGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCC AGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCT GAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCT GGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAG GTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC TACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCGAA TCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTT CTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTAC CGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCT TCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAA CCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTAC TCCGGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCT GAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCA CCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAAT CTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTACTTCTACC GAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAA GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCG GTACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCC GTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGT

	AGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTGCATCCCCGGGTACTAGCTCTACCG GTTCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTACTTCTCCGAGCGGTG AATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCT CCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCC CAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGA AGGTAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACT CCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGG TACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTA CTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGC AACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACT TCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGTACTG CTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCTACCCCTGAAAG CGGCTCCGCTTCTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCT GAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCA CCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACC CCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCTCT ACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCC AGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCT GGTACTGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTC TACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGT GCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTT CCTCTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTC TCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCA
BC864	GGTACTTCCACCGAACCATCCGAACCAGGTAGCGCAGGTACTTCCACCGAACCATCCGAA CCTGGCAGCGCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGTACTGAACCATCAGGTAGCGGCGCA TCCGAGCCTACCTCTACTGAACCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTACTGAGCCATCAG GTAGCGAACCGGCAACTTCCGGTACTGAACCATCAGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCA CTGAACCATCAGGTAGCGGTGCATCTGAGCCGACCTCTACTGAACCAGGTACTTCTACTGA ACCATCTGAGCCGGGCAGCGCAGGTAGCGAACCAGCTACTTCTGGCACTGAACCATCAGG TACTTCTACTGAACCATCCGAACCAGGTAGCGCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGTACT GAGCCATCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCTGGTACTGAACCATCAGGTACTTCTACCGAAC CATCCGAGCCTGGTAGCGCAGGTACTTCTACCGAACCATCCGAGCCAGGCAGCGCAGGTA GCGAACCGGCAACCTCTGGCACTGAGCCATCAGGTAGCGAACCAGCAACTTCTGGTACTG AACCATCAGGTACTAGCGAGCCATCTACTTCCGAACCAGGTGCAGGTAGCGGCGCATCCG AACCTACTTCCACTGAACCAGGTACTAGCGAGCCATCCACCTCTGAACCAGGTGCAGGTA GCGAACCGGCAACTTCCGGCACTGAACCATCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCTGGTACTG AACCATCAGGTACTTCTACCGAACCATCCGAGCCTGGTAGCGCAGGTACTTCTACCGAACC ATCCGAGCCAGGCAGCGCAGGTAGCGGTGCATCCGAGCCGACCTCTACTGAACCAGGTAG CGAACCAGCAACTTCTGGCACTGAGCCATCAGGTAGCGAACCAGCTACCTCTGGTACTGA ACCATCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCACTGAACCATCAGGTAGCGAACCAGCAAC CTCCGGTACTGAACCATCAGGTACTTCCACTGAACCATCCGAACCGGGTAGCGCAGGTAG CGAACCGGCAACTTCCGGCACTGAACCATCAGGTAGCGGTGCATCTGAGCCGACCTCTACT GAACCAGGTACTTCTACTGAACCATCTGAGCCGGGCAGCGCAGGTAGCGAACCTGCAACC TCCGGCACTGAGCCATCAGGTAGCGGCGCATCTGAACCAACCTCTACTGAACCAGGTACTT CCACCGAACCATCTGAGCCAGGCAGCGCAGGTAGCGGCGCATCTGAACCAACCTCTACTG AACCAGGTAGCGAACCAGCAACTTCTGGTACTGAACCATCAGGTAGCGGCGCATCTGAGC CTACTTCCACTGAACCAGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCACTGAACCATCAGGTAGCG GTGCATCTGAGCCGACCTCTACTGAACCAGGTACTTCTACTGAACCATCTGAGCCGGGCAG CGCAGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCACTGAACCATCAGGTAGCGGTGCATCTGAGCC GACCTCTACTGAACCAGGTACTTCTACTGAACCATCTGAGCCGGGCAGCGCAGGTAGCGA ACCAGCTACTTCTGGCACTGAACCATCAGGTACTTCTACTGAACCATCCGAACCAGGTAGC GCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGTACTGAGCCATCAGGTACTTCTACTGAACCATCCG AGCCGGGTAGCGCAGGTACTTCCACTGAACCATCTGAACCTGGTAGCGCAGGTACTTCCAC TGAACCATCCGAACCAGGTAGCGCAGGTACTTCTACTGAACCATCCGAGCCGGGTAGCGC AGGTACTTCCACTGAACCATCTGAACCTGGTAGCGCAGGTACTTCCACTGAACCATCCGAA CCAGGTAGCGCAGGTACTAGCGAACCATCCACCTCCGAACCAGGCGCAGGTAGCGGTGCA TCTGAACCGACTTCTACTGAACCAGGTACTTCCACTGAACCATCTGAGCCAGGTAGCGCAG GTACTTCCACCGAACCATCCGAACCAGGTAGCGCAGGTACTTCCACCGAACCATCCGAAC

	CTGGCAGCGCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGTACTGAACCATCAGGTAGCGGTGCAT CCGAGCCGACCTCTACTGAACCAGGTAGCGAACCAGCAACTTCTGGCACTGAGCCATCAG GTAGCGAACCAGCTACCTCTGGTACTGAACCATCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCA CTGAGCCATCAGGTAGCGAACCAGCAACTTCTGGTACTGAACCATCAGGTACTAGCGAGC CATCTACTTCCGAACCAGGTGCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCACTGAGCCATCAG GTAGCGGCGCATCTGAACCAACCTCTACTGAACCAGGTACTTCCACCGAACCATCTGAGCC AGGCAGCGCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCACTGAGCCATCAGGTAGCGGCGCATC TGAACCAACCTCTACTGAACCAGGTACTTCCACCGAACCATCTGAGCCAGGCAGCGCA
BD864	GGTAGCGAAACTGCTACTTCCGGCTCTGAGACTGCAGGTACTAGTGAATCCGCAACTAGC GAATCTGGCGCAGGTAGCACTGCAGGCTCTGAGACTTCCACTGAAGCAGGTACTAGCGAG TCCGCAACCAGCGAATCCGGCGCAGGTAGCGAAACTGCTACCTCTGGCTCCGAGACTGCA GGTAGCGAAACTGCAACCTCTGGCTCTGAAACTGCAGGTACTTCCACTGAAGCAAGTGAA GGCTCCGCATCAGGTACTTCCACCGAAGCAAGCGAAGGCTCCGCATCAGGTACTAGTGAG TCCGCAACTAGCGAATCCGGTGCAGGTAGCGAAACCGCTACCTCTGGTTCCGAAACTGCA GGTACTTCTACCGAGGCTAGCGAAGGTTCTGCATCAGGTAGCACTGCTGGTTCCGAGACTT CTACTGAAGCAGGTACTAGCGAATCTGCTACTAGCGAATCCGGCGCAGGTACTAGCGAAT CCGCTACCAGCGAATCCGGCGCAGGTAGCGAAACTGCAACCTCTGGTTCCGAGACTGCAG GTACTAGCGAGTCCGCTACTAGCGAATCTGGCGCAGGTACTTCCACTGAAGCTAGTGAAG GTTCTGCATCAGGTAGCGAAACTGCTACTTCTGGTTCCGAAACTGCAGGTAGCGAAACCGC TACCTCTGGTTCCGAAACTGCAGGTACTTCTACCGAGGCTAGCGAAGGTTCTGCATCAGGT AGCACTGCTGGTTCCGAGACTTCTACTGAAGCAGGTACTAGCGAGTCCGCTACTAGCGAAT CTGGCGCAGGTACTTCCACTGAAGCTAGTGAAGGTTCTGCATCAGGTAGCGAAACTGCTAC TTCTGGTTCCGAAACTGCAGGTAGCACTGCTGGCTCCGAGACTTCTACCGAAGCAGGTAGC ACTGCAGGTTCCGAAACTTCCACTGAAGCAGGTAGCGAAACTGCTACCTCTGGCTCTGAGA CTGCAGGTACTAGCGAATCTGCTACTAGCGAATCCGGCGCAGGTACTAGCGAATCCGCTA CCAGCGAATCCGGCGCAGGTAGCGAAACTGCAACCTCTGGTTCCGAGACTGCAGGTACTA GCGAATCTGCTACTAGCGAATCCGGCGCAGGTACTAGCGAATCCGCTACCAGCGAATCCG GCGCAGGTAGCGAAACTGCAACCTCTGGTTCCGAGACTGCAGGTAGCGAAACCGCTACCT CTGGTTCCGAAACTGCAGGTACTTCTACCGAGGCTAGCGAAGGTTCTGCATCAGGTAGCAC TGCTGGTTCCGAGACTTCTACTGAAGCAGGTAGCGAAACTGCTACTTCCGGCTCTGAGACT GCAGGTACTAGTGAATCCGCAACTAGCGAATCTGGCGCAGGTAGCACTGCAGGCTCTGAG ACTTCCACTGAAGCAGGTAGCACTGCTGGTTCCGAAACCTCTACCGAAGCAGGTAGCACT GCAGGTTCTGAAACCTCCACTGAAGCAGGTACTTCCACTGAGGCTAGTGAAGGCTCTGCAT CAGGTAGCACTGCTGGTTCCGAAACCTCTACCGAAGCAGGTAGCACTGCAGGTTCTGAAA CCTCCACTGAAGCAGGTACTTCCACTGAGGCTAGTGAAGGCTCTGCATCAGGTAGCACTGC AGGTTCTGAGACTTCCACCGAAGCAGGTAGCGAAACTGCTACTTCTGGTTCCGAAACTGCA GGTACTTCCACTGAAGCTAGTGAAGGTTCCGCATCAGGTACTAGTGAGTCCGCAACCAGC GAATCCGGCGCAGGTAGCGAAACCGCAACCTCCGGTTCTGAAACTGCAGGTACTAGCGAA TCCGCAACCAGCGAATCTGGCGCAGGTACTAGTGAGTCCGCAACCAGCGAATCCGGCGCA GGTAGCGAAACCGCAACCTCCGGTTCTGAAACTGCAGGTACTAGCGAATCCGCAACCAGC GAATCTGGCGCAGGTAGCGAAACTGCTACTTCCGGCTCTGAGACTGCAGGTACTTCCACCG AAGCAAGCGAAGGTTCCGCATCAGGTACTTCCACCGAGGCTAGTGAAGGCTCTGCATCAG GTAGCACTGCTGGCTCCGAGACTTCTACCGAAGCAGGTAGCACTGCAGGTTCCGAAACTTC CACTGAAGCAGGTAGCGAAACTGCTACCTCTGGCTCTGAGACTGCAGGTACTAGCGAATC TGCTACTAGCGAATCCGGCGCAGGTACTAGCGAATCCGCTACCAGCGAATCCGGCGCAGG TAGCGAAACTGCAACCTCTGGTTCCGAGACTGCAGGTAGCGAAACTGCTACTTCCGGCTCC GAGACTGCAGGTAGCGAAACTGCTACTTCTGGCTCCGAAACTGCAGGTACTTCTACTGAGG CTAGTGAAGGTTCCGCATCAGGTACTAGCGAGTCCGCAACCAGCGAATCCGGCGCAGGTA GCGAAACTGCTACCTCTGGCTCCGAGACTGCAGGTAGCGAAACTGCAACCTCTGGCTCTGA AACTGCAGGTACTAGCGAATCTGCTACTAGCGAATCCGGCGCAGGTACTAGCGAATCCGC TACCAGCGAATCCGGCGCAGGTAGCGAAACTGCAACCTCTGGTTCCGAGACTGCA

Можно клонировать библиотеку генов, кодирующих XTEN, в одном или более экспрессионных векторах, известных в уровне техники. Чтобы облегчить идентификацию хорошо экспрессируемых членов библиотеки, можно построить библиотеку как сочетание с белком-переносчиком. Неограничивающими примерами подходящих генов-переносчиков являются зеленый флуоресцентный белок, люцифераза, щелочная фосфатаза и бета-галактозидаза. Путем скрининга можно идентифицировать короткие последовательности XTEN, которые могут быть экспрессированы в высокой концентрации в выбранном организме-хозяине. Последовательно можно создать библиотеку случайных димеров XTEN и повторить скрининг для выявления высокого уровня экспрессии. Последовательно можно проводить скрининг результирующих конструкций в отношении ряда свойств, таких как уровень экспрессии, устойчивость к протеазам или связывание с сывороточными антителами.

Один из аспектов изобретения предусматривает полинуклеотидные последовательности, кодирующие компоненты гибридного белка, где создание последовательности сопровождается оптимизацией кодонов. Особый интерес представляет оптимизация кодонов с целью улучшения экспрессии полипептида и улучшения генетической стабильности кодирующего гена в хозяевах, осуществляющих продукцию. Например, оптимизация кодонов представляет особую важность для последовательностей XTEN, богатых глицином или с высокой повторяемостью аминокислотной последовательности. Оптимизация кодонов выполняется с использованием компьютерных программ (Gustafsson, C., et al. (2004), Trends Biotechnol, 22: 346-53), некоторые из которых минимизируют паузы в работе рибосом (Coda Genomics Inc.). В одном воплощении можно выполнять оптимизацию кодонов путем построения библиотеки кодонов, где все члены кодируют одну и ту же аминокислотную последовательность, но где использование кодона варьирует. Такие библиотеки могут быть подвергнуты скринингу относительно членов с высокой экспрессией и генетически стабильных, которые особенно подходят для крупномасштабного производства продуктов, содержащих XTEN. Когда последовательности XTEN созданы, можно рассмотреть ряд их свойств. Можно минимизировать повторяемость кодирующих последовательностей ДНК. Дополнительно, можно избежать или минимизировать использование кодонов, которые редко используются производящими хозяевами (например, кодоны аргинина AGG и AGA и длин из кодонов лейцина в E.coli). В слу-

чае E.coli, два кодона глицина, GGA и GGG, редко используются в белках с высоким уровнем экспрессии. Таким образом, может быть весьма желательна оптимизация кодонов гена, кодирующего последовательности XTEN. Последовательности ДНК, которые имеют высокий уровень глицина, имеют тенденцию к высокому содержанию GC, которое может вести к нестабильности и низким уровням экспрессии. Таким образом, когда возможно, предпочтительно выбирают кодоны, такие, что содержание GC в последовательности, кодирующей XTEN, было подходящим для продуцирующего организма, который будет использован для производства XTEN.

Возможно, ген, кодирующий XTEN полной длины, включает один или более островов последовательностей. В этом контексте, острова последовательностей являются последовательностями короткого протяжения, которые отличаются от сконструированных последовательностей библиотеки XTEN и включают сайт рестрикции, не представленный и не ожидаемый к появлению в гене, кодирующем XTEN полной длины. В одном воплощении остров последовательности является такой последовательностью

5'-AGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGT-3'.

В другом воплощении остров последовательности является такой последовательностью

5'-AGGTCCAGAACCAACGGGGCCGGCCCCAAGCGGAGGT-3'.

В качестве альтернативы можно создать библиотеку кодонов, где все члены библиотеки кодируют одну и ту же аминокислотную последовательность, но где использование кодонов для соответствующих аминокислот в последовательности варьирует. Такие библиотеки могут быть подвергнуты скринингу относительно генетически стабильных членов с высокой экспрессией, особенно подходящей для крупномасштабного производства продуктов, содержащих XTEN.

Возможно клонировать последовательности в библиотеке, удаляя изоляты, которые содержат нежелательные последовательности. Начальная библиотека коротких последовательностей XTEN позволяет некоторые вариации в аминокислотной последовательности. Например, можно рандомизировать некоторые кодоны таким образом, что ряд гидрофильных аминокислот могут находиться в особой позиции. Во время процесса итерационной мультимеризации можно выполнять скрининг результирующих членов библиотеки относительно других характеристик, подобных растворимости или устойчивости к протеазам в дополнение к поиску высокого уровня экспрессии.

Как только ген, кодирующий XTEN с желательной длиной и свойствами, выбран, он генетически сливается с нуклеотидом гена (генов), кодирующего N- и/или C-концевой ГР, путем клонирования его в конструкции, в соседстве и в одной рамке считывания с геном, кодирующим ГР, или возможно, в соседстве со спейсерной последовательностью. В изобретении предложены различные отклонения от вышеперечисленного, в зависимости от ГР-XTEN, который должен быть кодирован. Например, ген, кодирующий гибридный белок ГР-XTEN, включающий ГР и два XTEN, так как это обозначает формула VI, как показано выше, ген будет иметь полинуклеотиды, кодирующие ГР, кодирующие два XTEN, которые могут быть идентичными или различными по композиции и длине последовательности. В одном из неограничивающих воплощений вышеизложенного полинуклеотиды ГР будут кодировать человеческий гормон роста и полинуклеотиды, кодирующие N-концевой XTEN, будут кодировать AE912, а полинуклеотиды, кодирующие C-концевой XTEN, будут кодировать AE144. Этап клонирования генов ГР в конструкцию XTEN может произойти посредством лигирования или мультимеризации. Как показано на фиг. 2, конструкции, кодирующие гибридные белки ГР-XTEN, могут быть созданы в различных конфигурациях компонентов XTEN 202, ГР 203, и спейсерных последовательностей 204. В одном воплощении, который иллюстрирует фиг. 2A, конструкция включает полинуклеотидные последовательности, комплементарные к или те, которые кодируют мономерный полипептид компонентов в следующем порядке (5' к 3') ГР 203 и XTEN 202, или в обратном порядке. В другом воплощении как показано на фиг. 2B, конструкция включает полинуклеотидные последовательности, которые кодируют мономерный полипетид компонентов в следующем порядке: (5' к 3') ГР или комплементарные к ним 203, спейсерную последовательность 204, и XTEN 202, или в обратном порядке. В другом воплощении, который иллюстрирует фиг. 2C, конструкция 201 кодирующая мономерный ГР-XTEN, включает полинуклеотидные последовательности, комплементарные к или те, которые кодируют мономерный полипетид компонентов в следующем порядке (5' к 3'): две молекулы ГР 203 и XTEN 202, или в обратном порядке. В другом варианте, который иллюстрирует фиг. 2D, конструкция включает полинуклеотидные последовательности, комплементарные к или те, которые кодируют мономерный полипетид компонентов в следующем порядке (5' к 3'): две молекулы ГР 203, спейсерную последовательность 204, и XTEN 202, или в обратном порядке. В другом воплощении как иллюстрирует фиг. 2E, конструкция включает полинуклеотидные последовательности, комплементарные к или те, которые кодируют мономерный полипептид компонентов в следующем порядке (5' к 3'): ГР 203, спейсерная последовательность 204, вторая молекула ГР 203, и XTEN 202, или в обратном порядке. В другом воплощении как иллюстрирует фиг. 2F, конструкция включает полинуклеотидные последовательности, комплементарные к или те, которые кодируют мономерный полипептид компонентов в следующем порядке (5' к 3'): ГР 203, XTEN 202, ГР 203, и второй XTEN 202, или в обратном порядке. Спейсерные полинуклеотиды могут возможно включать последовательность, кодирующую последовательность расщепления. Как будет очевидно для специалиста, возможны другие перестановки вышеперечисленного.

Изобретение также охватывает полинуклеотиды, включающие варианты полинуклеотида, кодирующего XTEN, который имеет высокий процент идентичности последовательности по отношению к (a) полинуклеотидной последовательности из табл. 7, или (b) последовательностям, комплементарным к полинуклеотидам (a). Полинуклеотид с высоким процентом идентичности последовательности является таким, который имеет по меньшей мере примерно 80%п идентичности последовательности нуклеиновых кислот, альтернативно по меньшей мере примерно 81%, альтернативно по меньшей мере примерно 82%, альтернативно по меньшей мере примерно 83%, альтернативно по меньшей мере примерно 84%, альтернативно по меньшей мере примерно 85%, альтернативно по меньшей мере примерно 86%, альтернативно по меньшей мере примерно 87%, альтернативно по меньшей мере примерно 88%, альтернативно по меньшей мере примерно 89%, альтернативно по меньшей мере примерно 90%, альтернативно по меньшей мере примерно 91%, альтернативно по меньшей мере примерно 92%, альтернативно по меньшей мере примерно 93%, альтернативно по меньшей мере примерно 94%, альтернативно по меньшей мере примерно 95%, альтернативно по меньшей мере примерно 96%, альтернативно по меньшей мере примерно 97%, альтернативно по меньшей мере примерно 98%, альтернативно по меньшей мере примерно 99% идентичности последовательности нуклеиновых кислот по отношению к (a) или (b) вышеуказанного варианта, или который может быть гибридизирован с целевым полинуклеотидом или его комплементом при строго выдержанных условиях.

Гомология, сходство последовательности или идентичность нуклеотидных или аминокислотных последовательностей могут также быть определены общепринятым образом, используя известное программное обеспечение или компьютерные программы, такие как программы парного сравнения BestFit или Gap (GCG Wisconsin Package, Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wis. 53711). BestFit использует алгоритм локальной гомологии Смита и Уотермена (Advances in Applied Mathematics. 1981. 2: 482-489), чтобы найти лучший сегмент идентичности или сходства между двумя последовательностями. Gap выполняет глобальное выравнивание: одной полной последовательности с другой сходной полной последовательностью, используя способ Needleman и Wunsch, (Journal of Molecular Biology. 1970, 48:443-453). При использовании программы выравнивания последовательности, такой как BestFit, чтобы определить степень гомологии, сходства или идентичности последовательности, может быть использована настройка по умолчанию или для оптимизации расчетов гомологии, сходства или идентичности может быть выбрана подходящая расчетная матрица.

Последовательности нуклеиновых кислот, которые являются "комплементарными", представляют собой те, которые способны к спариванию оснований в соответствии со стандартными правилами комплементарности Уотсона и Крика. Используемый в настоящем документе, термин "комплементарные последовательности" означает последовательности нуклеиновых кислот, которые по существу комплементарны, что можно оценить путем сопоставления одинаковых нуклеотидов, описанного выше, или определить, как способные к гибридизации с полинуклеотидами, кодирующими последовательности ГР-XTEN при строго выдержанных условиях, так, как описано в настоящем документе.

Результирующие полинуклеотиды, кодирующие химерные гибридные белки ГР-XTEN, могут затем быть индивидуально клонированы в экспрессионный вектор. Последовательность нуклеиновых кислот вставляется в вектор путем различных методик. Вообще, ДНК встраивается в подходящий эндонуклеазный сайт (сайты) рестрикции, используя методы, известные в уровне техники. Компоненты вектора обычно включают, не ограничиваясь ими, одну или более сигнальную последовательность, начало репликации, один или более маркерных генов, энхансер, промотор, и последовательность терминирования транскрипции. Конструирование подходящих векторов, которые содержат один или более из этих компонентов, использует стандартные методики лигирования, которые известны квалифицированным специалистам. Такие методики хорошо известны в области техники и хорошо описаны в научной и патентной литературе.

Различные векторы являются общедоступными. Вектор может, например, быть в форме плазмиды, космиды, вирусной частицы или фага. В изобретении предложены для использования плазмидные векторы, которые содержат последовательности репликации и контроля, узнаваемые клеткой-хозяином и совместимые с ней, которые функционально связаны с геном ГР-XTEN для контроля экспрессии гибридных белков ГР-XTEN. Вектор обычно несет сайт репликации, как и последовательности, которые кодируют белки, способные обеспечивать фенотипический отбор (селекцию) трансформированных клеток. Такие векторные последовательности хорошо известны для множества бактерий, дрожжей и вирусов. Могут быть использованы полезные экспрессионные векторы, включая, например, сегменты хромосомных, нехромосомных и синтетических последовательностей ДНК. "Экспрессионный вектор" относится к конструкции ДНК, которая содержит последовательность ДНК, функционально связанную с подходящей контрольной последовательностью, способной влиять на экспрессию ДНК, кодирующей гибридный белок, в подходящем хозяине. Такие контрольные последовательности включают промотор, влияющий на транскрипцию, возможно, операторную последовательность для контроля такой транскрипции, последовательность, кодирующую подходящие сайты сайты связывания мРНК с рибосомой, и последовательности, которые контролируют терминацию транскрипции и трансляции. Другие подходящие векторы включают, не ограничиваясь, производные от SV40 и рсДНК и известные бактериальные плазмиды, та-

кие как col EI, pCRl, pBR322, pMal-C2, pET, pGEX, описанные Смитом (Smith, et al., Gene 57:31-40 (1988)), pMB9 их производные, плазмиды, такие как RP4, фаговые ДНК, такие как многочисленные производные фага I, такие как NM98 9, как и другая фаговая ДНК, такая как M13 и одноцепочечная ДНК нитчатого фага; плазмиды дрожжей, такие как 2 микронная плазмида или производные 2 мк плазмиды, как и центромерные и интегративные челночные векторы дрожжей; векторы, используемые в эукариотических клетках, такие как векторы, используемые в клетках насекомых или млекопитающих; векторы, производные от комбинаций плазмид и ДНК фагов, такие как плазмиды, модифицированные для использования фаговой ДНК или последовательности контроля экспрессии; и т.п. Требования заключаются в том, что векторы должны быть реплицируемыми и жизнеспособными внутри выбранной клетки-хозяина. При необходимости можно использовать векторы с низким или высоким числом копий.

Промоторы, подходящие для использования в экспрессионных векторах с прокариотическими хозяевами, включают β-лактамазную и лактозную промоторные системы [Chang et al., Nature, 275:615 (1978); Goeddel et al., Nature, 281:544 (1979)], щелочную фосфатазу, триптофановую (trp) промоторную систему [Goeddel, Nucleic Acids Res., 8:4057 (1980); EP 36,776], и гибридные промоторы, такие как промотор tac [deBoer et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 80:21-25 (1983)], все должны быть функционально связаны с ДНК, кодирующей полипетиды ГР-XTEN. Промоторы для использования в бактериальных системах могут также содержать последовательность Шайн-Дальгарно (S.D.), функционально связанную с ДНК, кодирующей полипептиды ГР-XTEN.

Изобретение рассматривает использование других экспрессионных систем, включая, например, экспрессионную систему бакуловируса с негибридными трансферными векторами, такими как, не ограничиваясь ими, pVL941 (Summers, et al., Virology 84:390-402 (1978)), pVL1393 (Invitrogen), pVL1392 (Summers, et al., Virology 84:390-402 (1978) and Invitrogen) и pBlueBacIII (Invitrogen), и гибридные трансферные векторы, такие как, не ограничиваясь ими, pAc7 00 (Summers, et al., Virology 84:390-402 (1978)), pAc701 и pAc70-2 (такой же как pAc700, с различными рамками считывания), pAc360 Invitrogen) и pBlueBacHisA, B, C (; Invitrogen) могут быть использованы.

Экпрессионные векторы млекопитающих могут включать участок начала репликации, подходящие промотор и энхансер, и также любые необходимые сайты связывания рибосомы, сайт полиаденилирования, донорный и акцепторный сайты сплайсинга, последовательность терминирования транскрипции и 5' фланкирующие нетранскрибируемые последовательности. Последовательности ДНК, полученные из сайта сплайсинга SV40, и сайтов полиаденилирования, могут быть использованы для того, чтобы обеспечить необходимые не подвергающиеся транскрипции элементы. Экспрессионные векторы млекопитающих рассматриваются для использования в изобретении, включая векторы с индуцируемыми промоторами, такими как промоторы дигидрофолят редуктазы, любой экспрессионный вектор с кассетой экспрессии DHFR или DHFR/метотрексат вектор совместной амплификации, такой как pED (Randal J. Kaufman, 1991, Randal J. Kaufman, Текущие протоколы в молекулярной биологии, 16,12 (1991)). Альтернативно глутаминсинтетаза /метионин сульфоксимин вектор совместной амплификации, такой как pEE14 (Celltech). Вектор, который управляет эписомальной экспрессией под контролем вируса вирус Эпштейна-Барра (EBV) или ядерный антиген (EBNA) могут быть использованы такие как pREP4 (Invitrogen), pCEP4 (Invitrogen), pMEP4 (Invitrogen), pREP8 (Invitrogen), pREP9 (Invitrogen), и pEBVHis (Invitrogen).

Выбираемые экспрессионные вектры млекопитающих для использования в изобретении, включают, не ограничиваясь ими, pRc/CMV (Invitrogen), pRc/RSV (Invitrogen) и им подобные. Экспрессионные векторы млекопитающих на основе вируса Vaccinia (коровьей оспы) (см., например, Randall J. Kaufman, Текущие протоколы молекулярной биологии 16.12 (Frederick M. Ausubel, et al., eds. Wiley 1991), которые могут быть использованы в настоящем изобретении, включают, не ограничиваясь ими, pSC11, pMJ601 pTKgptFlSand и подобные.

Экспрессионные системы дрожжей, которые также могут быть использованы в настоящем изобретении, включают, не ограничиваясь ими, негибридный вектор pYES2 (Invitrogen), гибридные pYESHisA, B, C (Invitrogen), векторы pRS и подобные.

В дополнение, экспрессионный вектор, содержащий полинуклеотидную молекулу, кодирующую гибридный белок ГР-XTEN, может содержать маркеры выбора лекарств. Такие маркеры помогают в клонировании и селекции или идентификации векторов, которые содержат химерные молекулы ДНК. Например, гены, которые придают устойчивость к неомицину, гидромицину, пуромицину, ингибитору дигидрофолат-редуктазы (DHFR), гуанин-фосфорибозилтрансферазе (GPT), зеоцину, и гистидинолу, являются используемыми выбираемыми маркерами. Противоположным образом, ферменты, такие как тимидинкиназа (tk) вируса герпеса или хлорамфеникол-ацилтрансфераза (CAT) могут быть использованы. Также могут быть использованы иммунологические маркеры. Любой известный селективный маркер может быть использован до тех пор, пока он способен к немедленной экспрессии с нуклеиновой кислотой, кодирующей генетический продукт. Дальнейшие примеры селективных маркеров хорошо известны специалистам и включают переносчики, такие как длинный зеленый флуоресцентный белок (EGFP), бета-галактозидазу (β-gal) или хлорамфеникол ацетилтрансферазу (CAT).

В одном воплощении полинуклеотид, кодирующий гибридный белок ГР-XTEN, присоединяется С-концом к N-концевой сигнальной последовательности, подходящей для экспрессионной системы хозяина. Сигнальная последовательность обычно протеолитическим путем удаляется из белка во время процессов транслокации и секреции, формирующих определенный N конец. Широкое разнообразие сигнальных последовательностей описано для большинства экспрессионных систем, включая экспрессионные системы бактерий, дрожжей, насекомых и млекопитающих. Неограничивающий перечень предпочтительных примеров для каждой экспрессионной системы приводится в настоящем документе. Предпочтительными сигнальными последовательностями для экспрессионной системы E.coli являются OmpA, PhoA, и DsbA. Сигнальными пептидами, предпочтительными для экспрессии дрожжей являются ppL-alpha, DEX4, сигнальный пептид инвертазы, сигнальный пептид кислой фосфатазы, CPY, или INU1. Для экспрессионных систем насекомых предпочтительными являются сигнальные последовательности предшественника шестого адипокинетического гормона, CP1, CP2, CP3, CP4, TPA, PAP, или gp67. Для экспрессионных систем млекопитающих предпочтительными сигнальными последовательностями являются IL2L, SV40, IgG каппа и IgG лямбда.

В другом воплощении лидерная последовательность, потенциально включающая хорошо экспрессируемый, независимый белковый домен, может быть присоединена к N-концу последовательности ГР-XTEN, отделенная сайтом протеазного расщепления. В то время как может быть использована любая лидерная пептидная последовательность, которая не ингибирует расщепление на созданном протеолитическом сайте, последовательности в предпочтительных вариантах будут включать стабильные, хорошо экспрессируемые последовательности, так что экспрессия и фолдинг всей композиции не подвергаются значительным неблагоприятным воздействиям, и предпочтительно экспрессия, растворимость и/или эффективность фолдинга значительно улучшаются. В литературе описано широкое разнообразие подходящих лидерных последовательностей. Неограничивающий перечень подходящих последовательностей включает мальтозо-связывающий белок, целлюлозо-связывающий домен, глутатион-S-трансферазу, тег 6xHis, тег FLAG, тег гемаглютинин, и зеленый флуоресцентный белок. Лидерная последовательность далее также может быть улучшена путем оптимизации кодонов, особенно во второй позиции, следующей за стартовым кодоном ATG, способами, хорошо описанными в литературе и в настоящем документе.

Известны различные способы ферментативного расщепления белков на специфических сайтах in vitro. Такие способы включают использование энтерокиназы (DDDK), фактора Xa (IDGR), тромбина (LVPRGS), PreScission™ (LEVLFQGP), протеазы TEV (EQLYFQG), протеазы 3C (ETLFQGP), сортазы A (LPETG), гранзима B (D/X, N/X, M/N или S/X), интеинов, SUMO, DAPase (TAGZyme™), аминопептидазы Aeromonas, аминопептидазы M, карбоксипептидаз A и B. Дополнительные способы раскрыты в работе Arnau, et al. Экспрессия и очистка белков 48: 1-13 (2006).

В других случаях в изобретении предложены конструкции и способы изготовления конструкций, включающих полинуклеотидную последовательность, оптимизированную для экспрессии, которая кодирует по меньшей мере от примерно 20 до примерно 60 аминокислот, с характеристиками XTEN, который может быть включен на N-конце последовательности, кодирующей носитель XTEN (другими словами, полинуклеотиды, кодирующие 20-60 закодированных оптимизированным образом аминокислот, присоединенных в рамку считывания (фрейм) с полинуклеотидами, кодирующими компонент XTEN, ориентированный N-концом к ГР) способствовать инициации трансляции и позволить экспрессию гибридов XTEN на N-конце белка в отсутствие хелперного домена. Преимуществом вышеизложенного является то, что последовательность не требует расщепления субпоследовательности, тем самым уменьшая число этапов в производстве композиций, содержащих XTEN. Как более подробно описано в примерах, оптимизированная N -концевая последовательность имеет свойства неструктурированного белка, но может включать нуклеотидные основания, кодирующие аминокислоты, выбранные благодаря их способности способствовать инициации трансляции и усиленной экспрессии. В одном из вышеперечисленных воплощений, оптимизированный полинуклеотид кодирует последовательность XTEN, имеющую по меньшей мере примерно 90% идентичности последовательности AE912. В другом из вышеперечисленных воплощений, оптимизированный полинуклеотид кодирует последовательность XTEN имеющую по меньшей мере примерно 90% идентичности последовательности AM923. В другом из вышеперечисленных воплощений, оптимизированный полинуклеотид кодирует последовательность XTEN имеющую по меньшей мере примерно 90% идентичности последовательности AE48. В другом из вышеперечисленных воплощений, оптимизированный полинуклеотид кодирует последовательность XTEN имеющую по меньшей мере примерно 90% идентичности последовательности AM48. В одном воплощении оптимизированный полинуклеотид NTS включает последовательность, которая проявляет по меньшей мере примерно 80% по меньшей мере примерно 85% по меньшей мере примерно 90% по меньшей мере примерно 91% по меньшей мере примерно 92% по меньшей мере примерно 93% по меньшей мере примерно 94% по меньшей мере примерно 95% по меньшей мере примерно 96% по меньшей мере примерно 97% по меньшей мере примерно 98% по меньшей мере примерно 99%, идентичности по отношению к последовательности, выбранной из двух указанных или комплементарной ей последовательности:

AE 48: 5'-

ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCCCGGGTAGCGGTACT

GCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCC

GGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA-3' и

AM 48: 5'-

ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCATCCCCGGGCACCAGC

TCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTA

CCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA-3'

В другом воплощении сайт протеазы лидерной последовательности конструкции выбран таким образом, что распознается протеазой in vivo. В этом воплощении, белок очищают от экспрессионной системы, в тоже время сохраняя лидерную последовательность, предотвращая ее контакт с соответствующей протеазой. Конструкцию полной длины затем вводят пациенту. После инъекции конструкция входит в контакт с протеазой, специфичной по отношению к сайту расщепления, и расщепляется этой протеазой. В случае, где нерасщепленный белок имеет существенно меньшую активность, чем расщепленная форма, способ имеет полезный эффект, позволяя применять высокие начальные дозы, не вызывая токсичности, поскольку активная форма медленно образуется in vivo. Некоторые неограничивающие примеры протеаз in vivo, которые являются полезными для этого применения, включают тканевый калликреин, калликреин плазмы, трипсин, пепсин, химотрипсин. Тромбин и металлопротеиназы матрикса, или протеазы из табл. 6.

Этим же способом химерная молекула ДНК, кодирующая мономерный гибридный белок ГР-XTEN, создается внутри конструкции. Возможно, химерная молекула ДНК может быть перенесена или клонирована в другой конструкции, которая является более подходящим экспрессионным вектором. С этой точки зрения, клетка-хозяин, способная к экспрессии химерной молекулы ДНК, может быть трансформирована химерной молекулой ДНК. Векторы, содержащие целевые сегменты ДНК, могут быть перенесены в клетку-хозяина хорошо известными способами, зависящими от типа клеточного хозяина. Например, трансфекция хлоридом кальция обычно используется для прокариотических клеток, тогда как обработка фосфатом кальция, липофекция, или электропорация могут быть использованы для других клеточных хозяев. Другие способы, пригодные для трансформации клеток млекопитающих, включают использование полибрена, слияния протопластов, липосом, электропорации и микроинъекций. См., обычно, Sambrook, et al., supra.

Трансформация может происходить с использованием или без использования носителя, такого как экспрессионный вектор. Затем трансформированная клетка-хозяин культивируется при условиях, подходящих для экспрессии химерной молекулы ДНК, кодирующей ГР-XTEN.

Данное изобретение также предусматривает клетку-хозяина для экспрессии композиций мономерного гибридного белка, раскрытых в настоящем документе. Примеры подходящих эукариотических клеток-хозяев включают, не ограничиваясь ими, клетки млекопитающих, такие как клетки VERO, клетки HELA, такие как ATCC No. CCL2, клеточные линии CHO, клетки COS, клетки WI38, клетки BHK, клетки HepG2, клетки 3T3, клетки A549, клетки PC12, клетки K562, клетки 293, клетки Sf9 и клетки CvI. Примеры подходящих эукариотических клеток организмов, не относящихся к млекопитающим, включают эукариотических микробов, таких, как мицелиальные грибы или дрожжи, являющиеся подходящими хозяевами для клонирования или экспрессии кодирующих векторов. Saccharomyces cerevisiae являются обычно используемым низшим эукариотическим микроорганизмом-хозяином. Другие организмы включают Schizosaccharomyces pombe (Beach и Nurse, Природа, 290: 140 [1981]; EP 139,383 опубликован 2 мая 1985 г.); хозяева из рода Kluyveromyces (патент США № 4943529; Fleer et al., Bio/Technology, 9:968-975 (1991)) такие как, например, K. lactis (MW98-8C, CBS683, CBS4574; Louvencourt et al., J. Bacteriol., 737 [1983]), K. fragilis (ATCC 12,424), K. bulgaricus (ATCC 16,045), K. wickeramii (ATCC 24,178), K. waltii (ATCC 56,500), K. drosophilarum (ATCC 36,906; Van den Berg et al., Bio/Technology, 8:135 (1990)), K. thermotolerans, and K. marxianus; yarrowia (EP 402,226); Pichia pastoris (EP 183,070; Sreekrishna et al., J. Basic Microbiol., 28:265-278 [1988]); Candida; Trichoderma reesia (EP 244,234); Neurospora crassa (Case et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 76:5259-5263 [1979]); Schwanniomyces such as Schwanniomyces occidentalis (EP 394,538 опубликован 31 окт. 1990 г.); и мицелиальные грибы, такие как, например, Neurospora, Penicillium, Tolypocladium (WO 91/00357 опубликован 10 янв. 1991 г.), и хозяева из рода Aspergillus, такие как A. nidulans (Ballance et al., Biochem. Biophys. Res. Commun., 112:284-289 [1983]; Tilburn et al., Ген, 26:205-221 [1983]; Yelton et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81: 1470-1474 [1984]) и A. niger (Kelly and Hynes, EMBO J., 4:475-479 [1985]). Метилотрофные дрожжи являются пригодными в настоящем документе и включают, не ограничиваясь ими, дрожжи, способные расти на метаноле, выбранные из родов Hansenula, Candida, Kloeckera, Pichia, Saccharomyces, Torulopsis и Rhodotorula. Список специфических видов, являющихся примерами этого класса дрожжей, может быть найден в работе C. Anthony, The Biochemistry of Methylotrophs, 269 (1982).

Другие подходящие клетки, которые могут быть использованы в данном изобретении, включают, не ограничиваясь ими, штаммы прокариотических клеток-хозяев, такие как Escherichia coli (например,

штамм DH5-@), Bacillus subtilis, Salmonella typhimurium, или штаммов родов Pseudomonas, Streptomyces и Staphylococcus. Неограничивающие примеры пригодных прокариот включают представителей родов: Actinoplanes; Archaeoglobus; Bdellovibrio; Borrelia; Chloroflexus; Enterococcus; Escherichia; Lactobacillus; Listeria; Oceanobacillus; Paracoccus; Pseudomonas; Staphylococcus; Streptococcus; Streptomyces; Thermoplasma; и Vibrio. Неограничивающие примеры специфических штаммов включают: Archaeoglobus fulgidus; Bdellovibrio bacteriovorus; Borrelia burgdorferi; Chloroflexus aurantiacus; Enterococcus faecalis; Enterococcus faecium; Lactobacillus johnsonii; Lactobacillus plantarum; Lactococcus lactis; Listeria innocua; Listeria monocytogenes; Oceanobacillus iheyensis; Paracoccus zeaxanthinifaciens; Pseudomonas mevalonii; Staphylococcus aureus; Staphylococcus epidermidis; Staphylococcus haemolyticus; Streptococcus agalactiae; Streptomyces griseolosporeus; Streptococcus mutans; Streptococcus pneumoniae; Streptococcus pyogenes; Thermoplasma acidophilum; Thermoplasma volcanium; Vibrio cholerae; Vibrio parahaemolyticus; и Vibrio vulnificus.

Клетки-хозяева, содержащие целевые полинуклеотиды, могут быть культивированы в соответствующей питательной среде (например, питательная смесь Хэма), модифицированной, как предназначено для активации промоторов, селекции трансформантов или амплифицированных генов. Условия культивирования, такие как температура, pH и т.п., те же, что прежде использовались для клеток-хозяев, отобранных для экспрессии, и будут очевидными для любого специалиста. Клетки обычно собирают путем центрифугирования, разрушают физическими или химическими способами, и полученный сырой экстракт сохраняют для дальнейшей очистки. Для композиций, секретированных клетками-хозяевами, надосадочную жидкость после центрифугирования отделяют и сохраняют для дальнейшей очистки. Микробные клетки, используемые в экспрессии белков, могут быть разрушены любым общепринятым способом, включая цикл замерзания-оттаивания, обработку ультразвуком, механическое разрушение, или использование агентов, вызывающих лизис клеток, все из которых хорошо известны специалистам. Варианты, которые включают клеточный лизис, могут повлечь за собой использование буферов, которые содержат ингибиторы протеаз, которые ограничивают деградацию после экспрессии химерной молекулы ДНК. Подходящие ингибиторы протеаз включают, не ограничиваясь ими, леупептин, пепстатин или апротинин. Супернатант затем может быть осажден при последовательно увеличивающихся концентрациях насыщенного сульфата аммония.

Экспрессия гена может быть измерена в образце непосредственно, например, общепринятыми способами Саузерн блоттинга, Нозерн блоттинга для количественной оценки транскрипции мРНК [Thomas, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77:5201-5205 (1980)], точечного блоттинга (ДНК анализ), или путем гибридизации in situ, используя соответствующим образом меченую пробу, основанную на последовательностях, предусмотренных настоящим документом. Альтернативно, могут быть использованы антитела, которые могут распознать специфические двухцепочечные молекулы, включая двухцепочечные ДНК, двухцепочечные РНК, и гибридные двухцепочечные ДНК-РНК или двойные цепи ДНК-белок. Антитела, в свою очередь, могут быть помечены, и может быть проведен анализ по выявлению того, где двойная цепь связана с поверхностью, присутствия антител, связанных с ней.

Экспрессия гена, альтернативно, может быть измерена иммунологическим или флуоресцентным способами, такими как иммуногистохимическое окрашивание клеток или срезов ткани, и анализ клеточной культуры или жидкостей тела или обнаружение выбираемых маркеров, чтобы непосредственно количественно оценить продукт экспрессии гена. Антитела, пригодные для иммуногистохимического окрашивания и/или анализа образца жидкостей могут быть или моноклональными или поликлональными, и могут быть подготовлены в организме любого млекопитающего. Общепринято, что антитела могут быть подготовлены против нативной последовательности полипептида ГР или против синтетического пептида на основе последовательностей ДНК, предусматриваемых в настоящем документе, или против экзогенной последовательности, присоединенной к ГР и кодирующей специфический эпитоп антитела. Примеры выбираемых маркеров хорошо известны специалисту и включают переносчики, такие как длинный зеленый флуоресцентный белок (EGFP), бета-галактозидаза (β-gal) или хлорамфеникол-ацетилтрансфераза (CAT).

Экспрессированный полипептидный продукт (продукты) ГР-XTEN может быть очищен способами, известные в уровне техники или способы, раскрытые в настоящем документе. Могут быть использованы такие методики, как гель-фильтрация, аффинная очистка, высаливание, ионообменная хроматография, эксклюзионная хроматография, гидроксилапатит-адсорбционная хроматография, хроматография гидрофобного взаимодействия и гель-электрофорез; каждая приспосабливается к получению и очистке гибридного белка, произведенного соответствующей клеткой-хозяином. Некоторые экспрессированные ГР-XTEN могут требовать рефолдинга в ходе выделения и очистки. Способы очистки описаны в работах Robert K. Scopes, Очистка белка: принципы и практика, Charles R. Castor (ed.), Springer-Verlag 1994, и Sambrook, et al., supra. Многоэтапная очистка и разделение также описаны в работах Baron, et al., Crit. Rev. Biotechnol. 10:179-90 (1990) и Below, et al., J. Chromatogr. A. 679:67-83 (1994).

VIII) Фармацевтические композиции

В настоящем изобретении предложены фармацевтические композиции, включающие ГР-XTEN. В одном воплощении фармацевтические композиции включают гибридный белок ГР-XTEN и по меньшей мере один приемлемый носитель. Полипептиды ГР-XTEN по данному изобретению могут быть включены в состав композиции, в соответствии с известными способами приготовления фармацевтически пригодных композиций, посредством чего полипептид комбинируется в смеси с фармацевтически приемлемым носителем, таким как водные растворы или буферы, фармацевтически приемлемые суспензии или эмульсии. Примеры неводных растворителей включают пропил-этиленгликоль, полиэтиленгликоль и растительные масла. Терапевтические фармацевтические препараты приготавливают для хранения путем смешивания активных ингредиентов, имеющих желательную степень чистоты, с возможными физиологически приемлемыми носителями, вспомогательными веществами или стабилизаторами, как описано в Remington's Pharmaceutical Sciences 16th Edition, Osol, A. Ed. (1980), в форме лиофилизированных препаратов или водных растворов.

Фармацевтические композиции могут быть введены пероральным путем, интраназально, парентеральным путем или с помощью ингаляционной терапии, и могут иметь форму таблеток, пастилок, гранул, капсул, пилюль, ампул, суппозиториев или аэрозоля. Они могут также иметь форму суспензий, растворов и эмульсий активного ингридиента в водных и неводных разбавителях, сиропов, крупинок или порошков. Дополнительно, фармацевтические композиции могут содержать также другие фармацевтически активные соединения или множество соединений по изобретению.

Более конкретно, данные фармацевтические композиции могут быть введены с целью терапии любым подходящим путем, включая пероральный, ректальный, назальный, местные (включая трансдермальный, аэрозольный, щечный и сублингвальный), вагинальный, парентеральный (включая подкожный, подкожный с помощью инфузионного насоса, внутримышечный, внутривенный или внутрикожный), интравитреальный и легочный. Будет также принято во внимание, что предпочтительный путь будет меняться в связи с состоянием и возрастом реципиента, и заболеванием, которого подвергается лечению.

В одном воплощении фармацевтическая композиция вводится подкожным путем. В этом варианте, композиция может быть приготовлена в виде лиофилизированного порошка, который может быть восстановлен непосредственно перед введением. Композиция может также быть приготовлена в жидкой форме, которая может быть прямо введена пациенту. В одном воплощении композиция приготавливается в виде жидкости, помещенной в заранее наполненный шприц, так что пациент может легко сам себе ввести композицию.

Расширенный выпуск лекарственных форм, используемый в настоящем изобретении, может быть представлен пероральной формой, включающей матрицу и оболочку. Подходящие для матрицы материалы могут включать воски (например, карнаубский воск, пчелиный воск, парафин, церезин, шеллаковый воск, жирные кислоты и жирные спирты), масла, отверждаемые масла или жиры (например, отверждаемое рапсовое масло, касторовое масло, говяжий жир, пальмовое масло и масло соевых бобов) и полимеры (например, гидроксипропил целлюлозу, поливинилпирролидон, гидроксипропил-метил целлюлозу и полиэтиленгликоль). Другие подходящие для матрицы таблетируемые материалы представлены микрокристаллической целлюлозой, порошковидной целлюлозой, гидроксипропилцеллюлозой, этилцеллюлозой, с другими носителями и наполнителями. Таблетки могут также содержать гранулы, покрытые порошки или пеллеты. Таблетки могут также быть многослойными. Многослойные таблетки обычно предпочтительны, когда активные ингредиенты имеют заметно различные фармакокинетические профили. По желанию, в окончательном виде таблетка может быть покрыта оболочкой или не иметь оболочки.

Композиции оболочки могут включать нерастворимую полимерную матрицу (основу) и/или водорастворимый материал. Водорастворимые материалы могут быть полимерами, такими как полиэтиленгликоль, гидроксипропил целлюлоза, гидроксипропил-метил целлюлоза, поливинилпирролидон, поливиниловый спирт, или мономерами, такими как сахара (например, лактоза, сахароза, фруктоза, маннит и и подобные), солями (например, натрия хлорид, калия хлорид или подобные), органическими кислотами (например, фумаровой кислотой, янтарной кислотой, молочной кислотой или винной кислотой) и смесями перечисленного. По желанию, в композицию оболочки может быть включен кишечнорастворимый полимер. Подходящие кишечнорастворимые полимеры включают гидроксипропил-метил целлюлозу, гидроксипропил-метил целлюлозы ацетат-сукцинат, фталат, поливинилацетатфталат, ацетилфталат целлюлозы ацетат тримеллитат целлюлозы, шеллак, зеин и полиметилакрилаты, которые содержат карбоксильные группы. Композиция оболочки может быть пластифицирована путем добавления подходящих пластификаторов, таких как, например, диэтилфталат, цитрат-эфиры, полиэтиленгликоль, глицерин, ацетилированные глицериды, ацетилированные цитрат-эфиры, дибутилсебацинат и касторовое масло. В состав композиции оболочки может быть включен наполнитель, который может быть нерастворимым материалом, таким как диоксид кремния, диоксид титана, тальк, каолин, алюминий, крахмал, порошковая целлюлоза, МСС или полакрилин калия. Композиция оболочки может применяться в виде раствора или эмульсии в органических растворителях или в водных растворителях или их смесях. Вода, низший спирт, низшие хлорированные углеводороды, кетоны или их смеси могут быть использованы в качестве растворителей.

Композиции по изобретению могут быть приготовлены с использованием различных вспомогательных веществ. Подходящие вспомогательные вещества включают микрокристаллическую целлюлозу (например, Avicel PH102, Avicel PH101), полиметакрилат, поли(этил)акрилат, метилметилакрилат, триметиламмониоэтил метилакрилат хлорид, (такой как Eudragit RS-30D), гидроксипропилметилцеллюлозу (Methocel K100M, Premium CR Methocel K100M, Methocel E5, Opadry®), стеарат магния, тальк, триэтилцитрат, водную дисперсию этилцеллюлозы (Surelease®) и сульфат протамина. Агент замедленного высвобождения может также включать носитель, который может включать, например, растворители, дисперсионные среды, оболочки, антибактериальные и противогрибковые агенты, изотонические и задерживающие абсорбцию агенты. Фармацевтически приемлемые соли также могут быть использованы в этих агентах медленного высвобождения, например, минеральные соли, такие как гидрохлориды, гидробромиды, фосфаты или сульфаты, как и соли органических кислот, такие как ацетаты, пропионаты, малонаты или бензоаты. Композиция также может включать жидкости, такие как вода, физиологический солевой раствор, глицерин и этанол, а также вещества, такие как смачивающие агенты, эмульгирующие агенты или pH-буферные агенты. Также в качестве носителя могут быть использованы липосомы.

В другом воплощении композиция по настоящему изобретению инкапсулирована в липосомах, которые показали применимость в доставке полезного агента контролируемым образом на пролонгированном отрезке времени. Липосомы представляют замкнутые двухслойные мембраны, которые содержат захваченный водный объем. Липосомы могут также быть однослойными везикулами, обладающими одной двухслойной мембраной, или многослойными везикулами с множеством двойных слоев мембраны, каждый отделен от другого водной прослойкой. Структура полученного мембранного двойного слоя такова, что гидрофобные (неполярные) "хвосты" липидов ориентированы к центру двойного слоя, тогда как гидрофильные (полярные) "головы" ориентированы в направлений водной фазы. В одном воплощении липосомы могут быть покрыты гибким водорастворимым полимером, который исключает поглощение органами мононуклеарной фагоцитарной системы, прежде всего печенью и селезенкой. Подходящие гидрофильные полимеры для оболочки липосом включают, без ограничения, полиэтиленгликоль (ПЭГ), поливинилпирролидон, поливинилметилэфир, полиметилоксазолин, полиэтилоксазолин, полигидроксипропилоксазолин, полигидроксипропилметакриламид, полиметилакриламид, полигидроксимелпропилакрилат, гидроксиметилцеллюлоза, гидроксиэтилцеллюлоза, полиэтиленгликоль, полиаспартамид и гидрофильные пептидные последовательности, как описано в патентах США № 6316024; 6126966; 6056973; 6043094, содержание которых включено полностью путем ссылки.

Липосомы могут включать любые липиды или комбинации липидов, известные в уровне техники. Например, липиды, формирующие везикулы, могут быть представлены встречающимися в природе или синтетическими липидами, включая фосфолипиды, такие как фосфатидилхолин, фосфатидилэтаноламин, фосфатидная кислота, фосфатидилсерин, фосфатидилглицерин, фосфатидилинозитол и сфингомиелин, как раскрыто в патентах США № 6056973 и 5874104. Формирующими везикулы липидами могут быть также гликолипиды, цереброзиды или катионные липиды, такие как 1,2-диолеилокси-3-(триметиламино)пропан (DOTAP); N-[1-(2,3-дитетрадецилокси)пропил]-N,N-диметил-N-гидроксиэтиламмония бромид (DMRIE); N-[1[(2,3-диолеилокси)пропил]-N,N-диметил-N-гидроксиэтиламмония бромид (DORIE); N-[1-(2,3-диолеилокси)пропил]-N,N,N-триметиламмония хлорид (DOTMA); 3-[N(N',N'-диметиламиноэтан)карбамоли]холестерол (DC-Chol); или диметилдиоктадециламмоний (DDAB) также раскрытые в патенте США № 6056973. Холестерин может также быть представлен в соответствующем диапазоне для придания стабильности везикулам, как раскрыто в патентах США № 5916588 и 5874104.

Дополнительные липосомные технологии описаны в патентах США № 6759057; 6406713; 6,352,716; 6316024; 6294191; 6126966; 6056973; 6043094; 5965156; 5916588; 5874104; 5215680 и 4684479, содержание которых включено в настоящий документ путем

ссылки. В этих патентах описаны липосомы и покрытые липидами микропузырьки и способы их производства. Таким образом, специалист, рассматривая как описание настоящего изобретения, так и описания других патентов, может получить липосомы для длительного высвобождения полипептидов по настоящему изобретению.

Для жидких препаратов желательным свойством является возможность созданной формы проходить сквозь иглы 25, 28, 30, 31, 32 калибра для внутривенного, внутримышечного, внутрисуставного или подкожного введения.

Введение путем трансдермальных препаратов может быть осуществлено с использованием способов, также известных в уровне техники, включая те, которые в основном описаны, например, в патентах США № 5186938 и 6183770, 4861800, 6743211, 6945952, 4284444 и WO 89/09051, включенных в настоящий документ путем ссылки. Трансдермальный пластырь является особенно применимым вариантом для полипептидов, имеющих проблемы с абсорбцией. Пластыри могут быть сделаны для контроля высвобождения проникающих через кожу ингредиентов по истечении 12-часового, 24-часового, 3-дневного и 7-дневного периода. В одном из примеров двукратный ежедневный избыток полипетида по настоящему изобретению помещен в неиспаряющуюся жидкость. Композиция по изобретению предусмотрена в

форме вязкой, неиспаряющейся жидкости. Проникновение через кожу специфических препаратов может быть измерено стандартными способами (например, Franz et al., J. Invest. Derm. 64:194-195 (1975)). Примерами подходящих пластырей являются пластыри для пассивного перехода через кожу, ионтофоретические кожные пластыри, или пластыри с микроиглами, такие как Никодерм.

В других вариантах, композиция может быть доставлена интраназальным путем, щечным или сублингвальным путями к мозгу, чтобы сделать возможным переход активных агентов через обонятельные проходы в ЦНС и уменьшить системное введение. Приспособления, обычно используемые для этого пути введения, включены в патент США № 6715485. Композиции, передаваемые таким путем, способны увеличить дозирование в ЦНС и уменьшить системные риски токсичности, связанные с отдельными лекарственные средствами. Приготовление фармацевтической композиции для доставки подкожно имплантированным устройством может быть осуществлено с использованием способов, известных в уровне техники, таких как те, которые описаны, например, в патентах США № 3992518; 5660848 и 5756115.

Осмотические насосы могут быть использованы как агенты медленного высвобождения в форме таблеток, пилюль, капсул или имплантируемых устройств. Осмотические насосы хорошо известны в области техники и легко доступны специалисту от компаний, обеспечивающих осмотические насосы для замедленного высвобождения лекарственных средств. Примерами являются ALZA's DUROS™; ALZA's OROS™; система Osmotica Pharmaceutical's Osmodex™; система Shire Laboratories' EnSoTrol™; и Alzet™. Патенты, которые описывают технологию осмотического насоса, являются патентами США № 6890918; 6838093; 6814979; 6713086; 6534090; 6514532; 6361796; 6352721; 6294201; 6284276; 6110498; 5573776; 42000984 и 4088864, содержание которых включено в настоящий документ путем ссылки. Специалист, рассматривая как описание этого изобретения, так и описания этих других патентов, может получить осмотический насос для замедленного высвобождения полипептидов по настоящему изобретению.

Шприцевые насосы могут также быть использованы как агенты медленного высвобождения. Такие приспособления описаны в патентах США № 4976696; 4933185; 5017378; 6309370; 6254573; 4435173; 4398908; 6572585; 5298022; 5176502; 5492534; 5318540 и 4988337, содержание которых включено в настоящий документ путем ссылки. Специалист, рассматривая как описание этого изобретения, так и описания этих других патентов, может получить шприцевой насос для замедленного высвобождения полипептидов по настоящему изобретению.

IX) Фармацевтические наборы

В другом аспекте в изобретении предложен набор, чтобы облегчить использование полипептидов ГР-XTEN. Набор включает фармацевтическую композицию, предусмотренную в настоящем документе, и инструкцию относительно хранения, восстановления и/или введения фармацевтических композиций субъекту. В одном воплощении набор включает предпочтительно (a) количество композиции гибридного белка ГР-XTEN, достаточное, чтобы лечить заболевание, состояние или расстройство при введении субъекту, нуждающемуся в этом; и (b) количество фармацевтически приемлемого носителя; вместе в составе препарата готового для инъекции или для восстановления со стерильной водой, буфером или декстрозой; вместе с этикеткой, определяющей лекарственное средство ГР-XTEN и условия его хранения и обращения с ним; и список утвержденных показаний для лекарственного средства, инструкции по восстановлению и/или введению лекарственного средства ГР XTEN, по использованию для предупреждения и/или лечения, согласно одобренных показаний, приемлемой дозы и информации о безопасности, и информации, идентифицирующей номер партии и срок препарата. В другом воплощении набор может включать второй контейнер, который может содержать подходящий разбавитель для композиции ГР-XTEN, который предоставит пользователю подходящую концентрацию ГР-XTEN, которая должна быть доставлена субъекту.

Примеры

Пример 1. Конструирование сегментов мотива XTEN_AD36.

Следующий пример описывает конструкцию сборки кодон-оптимизированных генов, кодирующих мотив последовательности из 36 аминокислот. В качестве первого шага, вставочный вектор pCW0359 был сконструирован на основе вектора pET и включает промотор T7. pCW0359 кодирует целлюлозосвязывающий домен (CBD) и сайт узнавания протеазы TEV, за которым следует вставочная последовательность, фланкированная сайтами BsaI, BbsI и KpnI. Сайты BsaI и BbsI были вставлены таким образом, что они образуют после расщепления совместимые липкие концы. За вставочной последовательностью помещается разрезанная версия гена GFP и тег His. Вставочная последовательность содержит стоп-кодоны, и при этом клетки E.coli, несущие вставочную плазмиду pCW0359, формируют не флуоресцентные колонии. Вставочный вектор pCW0359 был расщеплен по BsaI и KpnI, чтобы удалить вставочный сегмент, и полученный в результате фрагмент вектора был изолирован путем очистки на агарозном геле. Были созданы последовательности XTEN_AD36, отражающие семейство мотивов AD. Его сегменты имеют аминокислотную последовательность $[X]_3$, где X является 12-мерным пептидом с последовательностями: GESPGGSSGSES, GSEGSSGPGESS, GSSESGSSEGGP или GSGGEPSESGSS. Вставка была получена путем отжига следующих пар фосфорилированных синтетических олигонуклеотидов:

AD1for: AGGTGAATCTCCDGGTGGYTCYAGCGGTTCYGARTC
AD1rev: ACCTGAYTCRGAACCGCTRGARCCACCHGGAGATTC
AD2for: AGGTAGCGAAGGTTCTTCYGGTCCDGGYGARTCYTC
AD2rev: ACCTGARGAYTCRCCHGGACCRGAAGAACCTTCGCT
AD3for: AGGTTCYTCYGAAAGCGGTTCTTCYGARGGYGGTCC
AD3rev: ACCTGGACCRCCYTCRGAAGAACCGCTTTCRGARGA
AD4for: AGGTTCYGGTGGYGAACCDTCYGARTCTGGTAGCTC

Авторы также произвели отжиг фосфорилированного олигонуклеотида 3KpnIstopperFor: AGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC и нефосфорилированного олигонуклеотида pr_3KpnIstopperRev: CCTCGAGTGAAGACGA. После отжига олигонуклеотидные пары были лигированы, что привело к смеси продуктов с различной длиной, которые представляли различное число 12-мерных повторов, лигированных с сегментом BbsI/KpnI. Продукты, которые соответствовали длине в 36 аминокислот, были выделены из смеси путем препаративного агарозного гель-электрофореза и лигированы в расщепленный BsaI/KpnI вставочный вектор pCW0359. Большинство клонов в полученной библиотеке определенных LCW0401 проявили зеленую флуоресценцию после индукции, которая показала, что последовательность XTEN_AD36 была лигирована в рамку считывания (фрейм) с геном GFP и что большинство последовательностей XTEN_AD36 имели хорошие уровни экспрессии.

Авторы провели скрининг 96 изолятов из библиотеки LCW0401 с целью выявления высокого уровня флуоресценции путем помещения их на агаровые пластинки, содержащие IPTG. Те же изоляты были оценены с помощью ПЦР и 48 изолятов были идентифицированы как содержащие сегменты по 36 аминокислот, и обладающие высокой флуоресценцией. Эти изоляты были секвенированы и 39 клонов были идентифицированы, как содержащие корректные сегменты XTEN_AD36. Имена файлов нуклеотидов и аминокислотные конструкции этих сегментов приведены в табл. 8.

Таблица 8

ДНК и аминокислотные последовательности 36-мерных мотивов

Имя файла	Аминокислотная последовательность	Последовательность нуклеотидов
LCW0401_001_ GFP-N_A01.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGG SSGSESGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCA GGTGAATCTCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCA GGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCA
LCW0401_002_ GFP-N_B01.ab1	GSEGSSGPGESSGESPGG SSGSESGSSESGSSEGGP	GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAGTCTTCA GGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAATCA GGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA
LCW0401_003_ GFP-N_C01.ab1	GSSESGSSEGGPGSSESG SSEGGPGESPGGSSGSES	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCA GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCA
LCW0401_004_ GFP-N_D01.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESG SSEGGPGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGCGAACCGTCTGAATCTGGTAGCTCA GGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGTGGTCCA GGTTCTGGTGGTGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCA
LCW0401_007_ GFP-N_F01.ab1	GSSESGSSEGGPGSEGSS GPGESSGSEGSSGPGESS	GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAGTCTTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCTTCA
LCW0401_008_ GFP-N_G01.ab1	GSSESGSSEGGPGESPGG SSGSESGSEGSSGPGESS	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGTGGTCCA GGTGAATCTCCAGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGTGAATCCTCA
LCW0401_012_ GFP-N_H01.ab1	GSGGEPSESGSSGSGGEP SESGSSGSEGSSGPGESS	GGTTCTGGTGGTGAACCGTCTGAGTCTGGTAGCTCA GGTTCCGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAGTCTTCA
LCW0401_015_ GFP-N_A02.ab1	GSSESGSSEGGPGSEGSS GPGESSGESPGGSSGSES	GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCA GGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCA
LCW0401_016_ GFP-N_B02.ab1	GSSESGSSEGGPGSSESG SSEGGPGSSESGSSEGGP	GGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCA GGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA GGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA
LCW0401_020_ GFP-N_E02.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGSS GPGESSGSSESGSSEGGP	GGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCA GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCA
LCW0401_022_ GFP-N_F02.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESG SSEGGPGSGGEPSESGSS	GGTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCA GGTTCCGGTGGCGAACCTTCTGAATCTGGTAGCTCA
LCW0401_024_ GFP-N_G02.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESG SSEGGPGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCA GGTGAATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATCA
LCW0401_026_ GFP-N_H02.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGG SSGSESGSEGSSGPGESS	GGTTCTGGTGGCGAACCGTCTGAGTCTGGTAGCTCA GGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAATCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCTTCA
LCW0401_027_ GFP-N_A03.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGG SSGSESGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAGTCA GGTTCTGGTGGTGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCA
LCW0401_028_ GFP-N_B03.ab1	GSSESGSSEGGPGSSESG SSEGGPGSSESGSSEGGP	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCA GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTCCA
LCW0401_030_ GFP-N_C03.ab1	GESPGGSSGSESGSEGSS GPGESSGSEGSSGPGESS	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCGGGTGAGTCCTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGTGAGTCTTCA
LCW0401_031_ GFP-N_D03.ab1	GSGGEPSESGSSGSGGEP SESGSSGSSESGSSEGGP	GGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTTCCGGTGGTGAACCTTCTGAATCTGGTAGCTCA GGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA
LCW0401_033_ GFP-N_E03.ab1	GSGGEPSESGSSGSGGEP SESGSSGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGTGAACCTTCTGAATCTGGTAGCTCA GGTTCCGGTGGCGAACCATCCGAGTCTGGTAGCTCA GGTTCCGGTGGTGAACCATCCGAGTCTGGTAGCTCA
LCW0401_037_ GFP-N_F03.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESG SSEGGPGSEGSSGPGESS	GGTTCCGGTGGCGAACCTTCTGAATCTGGTAGCTCA GGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCA

		GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCGGGCGAGTCTTCA
LCW0401_038_ GFP-N_G03.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGSS GPGESSGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGTGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCGGGTGAGTCTTCA GGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA
LCW0401_039_ GFP-N_H03.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGG SSGSESGSGGEPSESGSS	GGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCA GGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCA
LCW0401_040_ GFP-N_A04.ab1	GSSESGSSEGGPGSGGEP SESGSSGSSESGSSEGGP	GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA GGTTCCGGTGGTGAACCATCTGAATCTGGTAGCTCA GGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCA
LCW0401_042_ GFP-N_C04.ab1	GSEGSSGPGESSGESPGG SSGSESGSEGSSGPGESS	GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGTGAGTCTTCA GGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAGTCCTCA
LCW0401_046_ GFP-N_D04.ab1	GSSESGSSEGGPGSSESG SSEGGPGSSESGSSEGGP	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCA GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCA GGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
LCW0401_047_ GFP-N_E04.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGG SSGSESGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCA GGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAGTCA GGTGAATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCA
LCW0401_051_ GFP-N_F04.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGSS GPGESSGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCATCTGAGTCTGGTAGCTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGCGAGTCTTCA GGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCA
LCW0401_053_ GFP-N_H04.ab1	GESPGGSSGSESGESPGG SSGSESGESPGGSSGSES	GGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCA GGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCA GGTGAATCTCCTGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATCA
LCW0401_054_ GFP-N_A05.ab1	GSEGSSGPGESSGSEGSS GPGESSGSGGEPSESGSS	GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCA GGTTCCGGTGGCGAACCATCTGAATCTGGTAGCTCA
LCW0401_059_ GFP-N_D05.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGSS GPGESSGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAATCTTCA GGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAATCA
LCW0401_060_ GFP-N_E05.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESG SSEGGPGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGTGGTCCA GGTTCCGGTGGTGAACCTTCTGAGTCTGGTAGCTCA
LCW0401_061_ GFP-N_F05.ab1	GSSESGSSEGGPGSGGEP SESGSSGSEGSSGPGESS	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCA GGTTCTGGTGGCGAACCATCTGAATCTGGTAGCTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCGGGTGAATCTTCA
LCW0401_063_ GFP-N_H05.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGSS GPGESSGSEGSSGPGESS	GGTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAGTCTTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCTTCA
LCW0401_066_ GFP-N_B06.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESG SSEGGPGSGGEPSESGSS	GGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAGTCTGGTAGCTCA GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCA GGTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA
LCW0401_067_ GFP-N_C06.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGG SSGSESGESPGGSSGSES	GGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCA GGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAATCA GGTGAATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAATCA
LCW0401_069_ GFP-N_D06.ab1	GSGGEPSESGSSGSGGEP SESGSSGESPGGSSGSES	GGTTCCGGTGGTGAACCATCTGAGTCTGGTAGCTCA GGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCA GGTGAATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAATCA
LCW0401_070_ GFP-N_E06.ab1	GSEGSSGPGESSGSSESG SSEGGPGSEGSSGPGESS	GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCGGGCGAATCCTCA GGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCA GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGTGAATCTTCA
LCW0401_078_ GFP-N_F06.ab1	GSSESGSSEGGPGESPGG SSGSESGESPGGSSGSES	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTCCA GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAATCA GGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCA
LCW0401_079_ GFP-N_G06.ab1	GSEGSSGPGESSGSEGSS GPGESSGSGGEPSESGSS	GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAGTCTTCA GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGCGAGTCTTCA
		GGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA

Пример 2. Конструирование сегментов XTEN_AE36.

Была сконструирована библиотека кодонов, кодирующих последовательности XTEN длиной 36 аминокислот. Последовательность XTEN была обозначена XTEN_AE36. Ее сегменты имеют последовательность аминокислот $[X]_3$ где X является 12-мерным пептидом с последовательностью: GSPAGSPTSTEE, GSEPATSGSE TP, GTSESA TPESGP или GTSTEPSEGSAP. Вставка была получена путем отжига следующих пар фосфорилированных синтетических олигонуклеотидных пар:

AE1for: AGGTAGCCCDGCWGGYTCTCCDACYTCYACYGARGA

AE1rev: ACCTTCYTCRGTRGARGTHGGAGARCCWGCHGGGCT

AE2for: AGGTAGCGAACCKGCWACYTCYGGYTCTGARACYCC

AE2rev: ACCTGGRGTYTCAGARCCRGARGTWGCMGGTTCGCT

AE3for: AGGTACYTCTGAAAGCGCWACYCCKGARTCYGGYCC

AE3rev: ACCTGGRCCRGAYTCMGGRGTWGCGCTTTCAGARGT

AE4for: AGGTACYTCTACYGAACCKTCYGARGGYAGCGCWCC

AE4rev: ACCTGGWGCGCTRCCYTCRGAMGGTTCRGTAGARGT

Также авторы произвели отжиг фосфорилированного олигонуклеотида 3KpnIstopperFor: AG-

GTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC и нефосфорилированного олигонуклеотида pr_3KpnIstopperRev: CCTCGAGTGAAGACGA. После отжига пары олигонуклеотидов были лигированы, что привело к смеси продуктов различной длины, которые представляют различное число 12-мерных повторов, лигированных с одним сегментом BbsI/KpnI. Продукты, соответствующие длине в 36 аминокислот были выделены из смеси путем препаративного гель-электрофореза с агарозой и лигированы в расщепленный по BsaI/KpnI вставочный вектор pCW0359. Большинство клонов полученной библиотеки, обозначенной LCW0402, проявили зеленую флуоресценцию после индукции, которая показала, что последовательность XTEN_AE36 была лигирована в рамку считывания (фрейм) с геном GFP, и большинство последовательностей XTEN_AE36 показали хорошую экспрессию.

Авторы провели скрининг 96 изолятов из библиотеки LCW0402 с целью поиска высокого уровня флуоресценции путем оттиска на агаровой пластинке, содержащей IPTG. Те же изоляты были оценены ПЦР и 48 изолятов были идентифицированы, как содержащие сегменты с 36 аминокислотами, как и сильной флуоресценцией. Эти изоляты были секвенированы, и были идентифицированы 37 клонов, содержащих правильные сегменты XTEN_AE36 segments. Имена файлов нуклеотидных и аминокислотных конструкций для этих сегментов перечислены в табл. 9.

Таблица 9

ДНК аминокислотные последовательности для 36-мерных мотивов

Имя файла	Аминокислотная последовательность	Последовательность нуклеотидов
LCW0402_002_GFP-N_A07.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCA
LCW0402_003_GFP-N_B07.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_004_GFP-N_C07.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP	GGTACCTCTACCGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCTGGCCCA
LCW0402_005_GFP-N_D07.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCA
LCW0402_006_GFP-N_E07.ab1	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGAGGAA
LCW0402_008_GFP-N_F07.ab1	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_009_GFP-N_G07.ab1	GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSEPATSGSETP	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAAGAAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCA
LCW0402_011_GFP-N_A08.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCA
LCW0402_012_GFP-N_B08.ab1	GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCA
LCW0402_013_GFP-N_C08.ab1	GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCA
LCW0402_014_GFP-N_D08.ab1	GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCTACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCTGAGGGTAGCGCACCA
LCW0402_015_GFP-N_E08.ab1	GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGP	GGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCTGGCCCA
LCW0402_016_GFP-N_F08.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP	GGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCA
LCW0402_020_GFP-N_G08.ab1	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCAACTTCTACTGAAGAA
LCW0402_023_GFP-N_A09.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETP	GGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCA
LCW0402_024_GFP-N_B09.ab1	GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAA
LCW0402_025_GFP-N_C09.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	GGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_026_GFP-N_D09.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETP	GGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCA
LCW0402_027_GFP-N_E09.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCA

LCW0402_032_ GFP-N_H09.ab1	GSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPT STEE	GGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGT ACCTCTGAAAGCGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGC CCTGCAGGTTCTCCTACCTCCACTGAGGAA
LCW0402_034_ GFP-N_A10.ab1	GTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTEPSE GSAP	GGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGT ACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACT TCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_036_ GFP-N_C10.ab1	GSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSE GSAP	GGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGT ACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACC TCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCA
LCW0402_039_ GFP-N_E10.ab1	GTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSTEPSE GSAP	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGT ACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGGTACT TCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_040_ GFP-N_F10.ab1	GSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGTSTEPSE GSAP	GGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGT ACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACT TCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
LCW0402_041_ GFP-N_G10.ab1	GTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSE GSAP	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGT AGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACT TCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCA
LCW0402_050_ GFP-N_A11.ab1	GSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSEPATSG SETP	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGC GAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAAACCCCA
LCW0402_051_ GFP-N_B11.ab1	GSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSEPATSG SETP	GGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGC GAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCA
LCW0402_059_ GFP-N_E11.ab1	GSEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSE GSAP	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACTCCAGGT AGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACT TCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCA
LCW0402_060_ GFP-N_F11.ab1	GTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATSG SETP	GGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGT AGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGC GAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCA
LCW0402_061_ GFP-N_G11.ab1	GTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSESATP ESGP	GGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGT ACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACT TCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCA
LCW0402_065_ GFP-N_A12.ab1	GSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGTSESATP ESGP	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGT ACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACT TCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGTCCA
LCW0402_066_ GFP-N_B12.ab1	GSEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSE GSAP	GGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGT AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACC TCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCA
LCW0402_067_ GFP-N_C12.ab1	GSEPATSGSETPGTST EPSEGSAPGSEPATSG SETP	GGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACTCCAGGT ACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC GAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACTCCA
LCW0402_069_ GFP-N_D12.ab1	GTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGSEPATSG SETP	GGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGT ACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC GAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCA
LCW0402_073_ GFP-N_F12.ab1	GTSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGSPAGSPT STEE	GGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGT AGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGC CCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAA
LCW0402_074_ GFP-N_G12.ab1	GSEPATSGSETPGSPA GSPTSTEEGTSESATP ESGP	GGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAGACTCCAGGT AGCCCAGCTGGTTCTCCAACCTCTACTGAGGAAGGTACT TCTGAAAGCGCTACCCCTGAATCTGGTCCA
LCW0402_075_ GFP-N_H12.ab1	GTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATP ESGP	GGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGT AGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACC TCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCA

Пример 3. Конструирование сегментов XTEN_AF36.

Была сконструирована библиотека кодонов, кодирующих последовательности XTEN длиной 36 аминокислот. Последовательность XTEN была обозначена XTEN_AF36. Ее сегменты имеют последовательность аминокислот $[X]_3$ где X является 12-мерным пептидом с последовательностью: GSTSESPSGTAP, GTSTPESGSASP, GTSPSGESSTAP, или GSTSSTAESPGP. Вставка была получена путем отжига следующих пар фосфорилированных синтетических олигонуклеотидных пар:

AF1for: AGGTTCTACYAGCGAATCYCCKTCTGGYACYGCWCC

AF1rev: ACCTGGWGCRGTRCCAGAMGGRGATTCGCTRGTAGA

AF2for: AGGTACYTCTACYCCKGAAAGCGGYTCYGCWTCTCC

AF2rev: ACCTGGAGAWGCRGARCCGCTTTCMGGRGTAGARGT

AF3for: AGGTACYTCYCCKAGCGGYGAATCTTCTACYGCWCC

AF3rev: ACCTGGWGCRGTAGAAGATTCRCCGCTMGGRGARGT

AF4for: AGGTTCYACYAGCTCTACYGCWGAATCTCCKGGYCC

AF4rev: ACCTGGRCCMGGAGATTCWGCRGTAGAGCTRGTRGA

Также авторы произвели отжиг фосфорилированного олигонуклеотида 3KpnIstopperFor: AGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC и нефосфорилированного олигонуклеотида pr_3KpnIstopperRev: CCTCGAGTGAAGACGA. После отжига пары олигонуклеотидов были лигированы, что привело к смеси продуктов различной длины, которые представляют различное число 12-мерных повторов, лигированных с одним сегментом BbsI/KpnI. Продукты, соответствующие длине в 36 аминокислот, были выделены из смеси путем препаративного гель-электрофореза с агарозой и лигированы в расщепленный по BsaI/KpnI вставочный вектор pCW0359. Большинство клонов полученной библиотеки, обозначенной

LCW0403, проявили зеленую флуоресценцию после индукции, которая показала, что последовательность XTEN_AF36 была лигирована в рамку считывания (фрейм) с геном GFP, и большинство последовательностей XTEN_AE36 показали хорошую экспрессию.

Авторы провели скрининг 96 изолятов из библиотеки LCW0403 с целью поиска высокого уровня флуоресценции путем оттиска на агаровой пластинке, содержащей IPTG. Те же изоляты были оценены ПЦР и 48 изолятов были идентифицированы, как содержащие сегменты с 36 аминокислотами, как и сильной флуоресценцией. Эти изоляты были секвенированы, и были идентифицированы 44 клона, содержащих правильные сегменты XTEN_AF36 segments. Имена файлов нуклеотидных и аминокислотных конструкций для этих сегментов перечислены в табл. 10.

Таблица 10

ДНК и аминокислотные последовательности для 36-мерных мотивов

Имя файла	**Аминокислотная последовательность**	**Последовательность нуклеотидов**
LCW0403_004_GFP-N_A01.ab1	GTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAP	GGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCA
LCW0403_005_GFP-N_B01.ab1	GTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCA
LCW0403_006_GFP-N_C01.ab1	GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASP	GGTTCCACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCA
LCW0403_007_GFP-N_D01.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTTCTACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCA
LCW0403_008_GFP-N_E01.ab1	GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA
LCW0403_010_GFP-N_F01.ab1	GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAP	GGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCA
LCW0403_011_GFP-N_G01.ab1	GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA
LCW0403_012_GFP-N_H01.ab1	GSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAP	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCA
LCW0403_013_GFP-N_A02.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCA
LCW0403_014_GFP-N_B02.ab1	GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAP	GGTTCCACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCA
LCW0403_015_GFP-N_C02.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCA
LCW0403_017_GFP-N_D02.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGP	GGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCA
LCW0403_018_GFP-N_E02.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP	GGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGTCCA
LCW0403_019_GFP-N_F02.ab1	GSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGTCCA
LCW0403_023_GFP-N_H02.ab1	GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP	GGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCA
LCW0403_024_GFP-N_A03.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP	GGTTCCACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTTCCACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCA
LCW0403_025_GFP-N_B03.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTTCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCA
LCW0403_028_GFP-N_D03.ab1	GSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCA
LCW0403_029_GFP-N_E03.ab1	GTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGP	GGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCA
LCW0403_030_GFP-N_F03.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASP	GGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCA
LCW0403_031_GFP-N_G03.ab1	GTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESG	GGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTACTT

	SASP	CTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCA
LCW0403_033_ GFP-N_H03.ab1	GSTSESPSGTAPGSTS STAESPGPGSTSSTAE SPGP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCACCAGGT TCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTTCC ACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCA
LCW0403_035_ GFP-N_A04.ab1	GSTSSTAESPGPGSTS ESPSGTAPGSTSSTAE SPGP	GGTTCCACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGT TCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCT ACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCA
LCW0403_036_ GFP-N_B04.ab1	GSTSSTAESPGPGTSP SGESSTAPGTSTPESG SASP	GGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGT ACTTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACT TCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCA
LCW0403_039_ GFP-N_C04.ab1	GSTSESPSGTAPGSTS ESPSGTAPGTSPSGES STAP	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGT TCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACT TCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCA
LCW0403_041_ GFP-N_D04.ab1	GSTSESPSGTAPGSTS ESPSGTAPGTSTPESG SASP	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGT TCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACT TCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCA
LCW0403_044_ GFP-N_E04.ab1	GTSTPESGSASPGSTS STAESPGPGSTSSTAE SPGP	GGTACCTCTACTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGT TCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCT ACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCA
LCW0403_046_ GFP-N_F04.ab1	GSTSESPSGTAPGSTS ESPSGTAPGTSPSGES STAP	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACTGCACCAGGT TCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACCGCACCAGGTACT TCTCCGAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCA
LCW0403_047_ GFP-N_G04.ab1	GSTSSTAESPGPGSTS STAESPGPGSTSESPS GTAP	GGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGT TCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCT ACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACCGCTCCA
LCW0403_049_ GFP-N_H04.ab1	GSTSSTAESPGPGSTS STAESPGPGTSTPESG SASP	GGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGT TCTACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACC TCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCATCTCCA
LCW0403_051_ GFP-N_A05.ab1	GSTSSTAESPGPGSTS STAESPGPGSTSESPS GTAP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCAGGT TCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCT ACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCA
LCW0403_053_ GFP-N_B05.ab1	GTSPSGESSTAPGSTS ESPSGTAPGSTSSTAE SPGP	GGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGT TCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCCA CCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCA
LCW0403_054_ GFP-N_C05.ab1	GSTSESPSGTAPGTSP SGESSTAPGSTSSTAE SPGP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGT ACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTA CCAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCA
LCW0403_057_ GFP-N_D05.ab1	GSTSSTAESPGPGSTS ESPSGTAPGTSPSGES STAP	GGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGT TCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACT TCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCA
LCW0403_058_ GFP-N_E05.ab1	GSTSESPSGTAPGSTS ESPSGTAPGTSTPESG SASP	GGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGT TCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACC TCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCA
LCW0403_060_ GFP-N_F05.ab1	GTSTPESGSASPGSTS ESPSGTAPGSTSSTAE SPGP	GGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGT TCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCT ACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCA
LCW0403_063_ GFP-N_G05.ab1	GSTSSTAESPGPGTSP SGESSTAPGTSPSGES STAP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGGT ACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTT CTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCA
LCW0403_064_ GFP-N_H05.ab1	GTSPSGESSTAPGTSP SGESSTAPGTSPSGES STAP	GGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGT ACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACC TCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCA
LCW0403_065_ GFP-N_A06.ab1	GSTSSTAESPGPGTST PESGSASPGSTSESPS GTAP	GGTTCCACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGT ACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCT ACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCA
LCW0403_066_ GFP-N_B06.ab1	GSTSESPSGTAPGTSP SGESSTAPGTSPSGES	GGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCTCCAGGT ACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTT
	STAP	CCCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCA
LCW0403_067_ GFP-N_C06.ab1	GSTSESPSGTAPGTST PESGSASPGSTSSTAE SPGP	GGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGT ACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCC ACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCA
LCW0403_068_ GFP-N_D06.ab1	GSTSSTAESPGPGSTS STAESPGPGSTSESPS GTAP	GGTTCCACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGT TCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCT ACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCA
LCW0403_069_ GFP-N_E06.ab1	GSTSESPSGTAPGTST PESGSASPGTSTPESG SASP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGT ACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCAGGTACT TCTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCA
LCW0403_070_ GFP-N_F06.ab1	GSTSESPSGTAPGTST PESGSASPGTSTPESG SASP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGT ACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCT CTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA

Пример 4. Конструирование XTEN_AG36.

Была сконструирована библиотека кодонов, кодирующих последовательности XTEN длиной 36 аминокислот. Последовательность была обозначена XTEN_AG36. Ее сегменты имеют последовательность аминокислот $[X]_3$, где X является 12-мерным пептидом с последовательностью: GTPGSGTASSSP, GSSTPSGATGSP, GSSPSASTGTGP или GASPGTSSTGSP. Вставка была получена путем отжига следующих пар фосфорилированных синтетических олигонуклеотидных пар:

AG1for: AGGTACYCCKGGYAGCGGTACYGCWTCTTCYTCTCC

AG1rev: ACCTGGAGARGAAGAWGCRGTACCGCTRCCMGGRGT

AG2for: AGGTAGCTCTACYCCKTCTGGTGCWACYGGYTCYCC

AG2rev: ACCTGGRGARCCRGTWGCACCAGAMGGRGTAGAGCT

AG3for: AGGTTCTAGCCCKTCTGCWTCYACYGGTACYGGYCC

AG3rev: ACCTGGRCCRGTACCRGTRGAWGCAGAMGGGCTAGA

AG4for: AGGTGCWTCYCCKGGYACYAGCTCTACYGGTTCTCC

AG4rev: ACCTGGAGAACCRGTAGAGCTRGTRCCMGGRGAWGC

Также авторы произвели отжиг фосфорилированного олигонуклеотида 3KpnIstopperFor: AGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC и нефосфорилированного олигонуклеотида pr_3KpnIstopperRev: CCTCGAGTGAAGACGA. После отжига пары олигонуклеотидов были лигированы, что привело к смеси продуктов различной длины, которые представляют различное число 12-мерных повторов, лигированных с одним сегментом BbsI/KpnI. Продукты, соответствующие длине в 36 аминокислот, были выделены из смеси путем препаративного гель-электрофореза с агарозой и лигированы в расщепленный по BsaI/KpnI вставочный вектор pCW0359. Большинство клонов полученной библиотеки, обозначенной LCW0404, проявили зеленую флуоресценцию после индукции, которая показала, что последовательность XTEN_AG36 была лигирована в рамку считывания (фрейм) с геном GFP, и большинство последовательностей XTEN_AG36 показали хорошую экспрессию.

Авторы провели скрининг 96 изолятов из библиотеки LCW0404 с целью поиска высокого уровня флуоресценции путем оттиска на агаровой пластинке, содержащей IPTG. Те же изоляты были оценены ПЦР и 48 изолятов были идентифицированы, как содержащие сегменты с 36 аминокислотами, как и сильной флуоресценцией. Эти изоляты были секвенированы, и были идентифицированы 44 клона, содержащих правильные сегменты XTEN_AF36 segments. Имена файлов нуклеотидных и аминокислотных конструкций для этих сегментов перечислены в табл. 11.

Таблица 11

ДНК и аминокислотные последовательности для 36-мерных мотивов

Имя файла	**Аминокислотная последовательность**	**Последовательность нуклеотидов**
LCW0404_001_GFP-N_A07.ab1	GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP	GGTGCATCCCCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_003_GFP-N_B07.ab1	GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACCGGTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_006_GFP-N_C07.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTGCATCTCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACTGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCCCCA
LCW0404_007_GFP-N_D07.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACTGGTTCCCCAGGTGCATCCCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_009_GFP-N_E07.ab1	GTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSRPSASTGTGP	GGTACCCCTGGCAGCGGTACTGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCCCCTGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGACCTTCTGCATCCACCGGTACTGGTCCA
LCW0404_011_GFP-N_F07.ab1	GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTGCATCTCCTGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTGCTTCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_012_GFP-N_G07.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCA
LCW0404_014_GFP-N_H07.ab1	GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP	GGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_015_GFP-N_A08.ab1	GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_016_GFP-N_B08.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP	GGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTTCCCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCA
LCW0404_017_GFP-N_C08.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_018_GFP-N_D08.ab1	GTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTACTCCTGGTAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACCGGTACCGGTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA
LCW0404_023_GFP-N_F08.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSP	GGTGCTTCCCCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCA
LCW0404_025_GFP-N_G08.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTGCTTCTCCGGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_029_GFP-N_A09.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP	GGTACCCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCA

LCW0404_030_GFP-N_B09.ab1	GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSP	GGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTACTCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCTTCTCCA
LCW0404_031_GFP-N_C09.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTACCCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_034_GFP-N_D09.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTGCATCCCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_035_GFP-N_E09.ab1	GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP	GGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGTTCTCCA
LCW0404_036_GFP-N_F09.ab1	GSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP	GGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACTGGTTCCCCAGGTACCCCTGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCA
LCW0404_037_GFP-N_G09.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCA
LCW0404_040GFP-N_H09.ab1	GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTGCATCCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA
LCW0404_041_GFP-N_A10.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP	GGTACCCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCATCTTCTTCTCCA
LCW0404_043_GFP-N_C10.ab1	GSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGCTCTCCA
LCW0404_045_GFP-N_D10.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGP	GGTGCTTCTCCTGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACTGGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACTGGTACTGGTCCA
LCW0404_047_GFP-N_F10.ab1	GTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP	GGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_048_GFP-N_G10.ab1	GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA
LCW0404_049_GFP-N_H10.ab1	GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA
LCW0404_050_GFP-N_A11.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTGCATCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACCGGTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_051_GFP-N_B11.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACTGGCTCTCCA
LCW0404_052_GFP-N_C11.ab1	GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSP	GGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCTGGCAGCGGTACTGCATCTTCCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_053_GFP-N_D11.ab1	GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCCACTGGTACCGGTCCAGGTGCTTCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_057_GFP-N_E11.ab1	GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP	GGTGCATCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACCGGTACTGGTCCA
LCW0404_060_GFP-N_F11.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGTTCCCCAGGTGCTTCTCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCA

LCW0404_062_GFP-N_G11.ab1	GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTACTCCTGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCCCCA
LCW0404_066_GFP-N_H11.ab1	GSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP	GGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_067_GFP-N_A12.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSNPSASTGTGP	GGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTCTAACCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCA
LCW0404_068_GFP-N_B12.ab1	GSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_069_GFP-N_C12.ab1	GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTTCCTCTCCA
LCW0404_070_GFP-N_D12.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACTGGCTCTCCA
LCW0404_073_GFP-N_E12.ab1	GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP	GGTGCTTCTCCTGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCTGGTAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTTCCCCA
LCW0404_075_GFP-N_F12.ab1	GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACTGGTACTGGTCCA
LCW0404_080_GFP-N_G12.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGP	GGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACTGGTACTGGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACTGGTACTGGTCCA
LCW0404_081_GFP-N_H12.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSP	GGTGCTTCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACCGGTCCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCA

Пример 5. Конструирование XTEN_AE864.

XTEN_AE864 был сконструирован путем серийной димеризации XTEN_AE36 к AE72, 144, 288, 576 и 864. Подборка сегментов XTEN_AE72 была сконструирована из 37 различных сегментов XTEN_AE36. Культуры E.coli использовались в качестве хозяев для всех 37 различных 36-аминокислотных сегментов, где происходило смешивание для выделения плазмид. Этот плазмидный пул был расщеплен по BsaI/NcoI, чтобы создать небольшой фрагмент в качестве вставки. Тот же плазмидный пул был расщеплен по BbsI/NcoI, чтобы создать крупный фрагмент в качестве вектора. Фрагменты вставки и вектора были лигированы, что привело к удвоению длины, и смесь после лигирования была трансформирована в клетках BL21Gold(DE3) для получения колоний XTEN_AE72.

Данная библиотека сегментов XTEN_AE72 была обозначена LCW0406. Все клоны из LCW0406 были совмещены и димеризованы снова, используя тот же процесс, который был описан выше, для получения библиотеки LCW0410 XTEN_AE144. Все клоны из LCW0410 были совмещены и димеризованы снова, используя тот же процесс, что был описан выше, для получения библиотеки LCW0414 XTEN_AE288. Два изолята LCW0414.001 и LCW0414.002 были случайным образом выбраны из библиотеки и секвенированы для верификации идентичности. Все клоны из LCW0414 были совмещены и димеризованы снова, используя тот же процесс, что был описан выше, для получения библиотеки LCW0418 XTEN_AE576. Авторы провели скрининг 96 изолятов из библиотеки LCW0418 для выявления высокого уровня флуоресценции GFP. 8 изолятов с правильным размером вставок по данным ПЦР и сильной флуоресценцией были секвенированы, и на основе данных секвенирования и экспрессии 2 изолята (LCW0418.018 и LCW0418.052) были выбраны для будущего использования.

Специфический клон XTEN_AE864 pCW0432 был сконструирован путем комбинирования LCW0418.018 XTEN_AE576 и LCW0414.002 XTEN_AE288, используя тот же процесс димеризации, который описан выше.

Пример 6. Конструирование XTEN_AM144.

Подборка сегментов XTEN_AM144 было сконструирована, начиная с 37 различных сегментов XTEN_AE36, 44 сегментов XTEN_AF36 и 44 сегментов XTEN_AG36.

Культуры E.coli служили хозяевами всем 125 различным 36-аминокислотным сегментам, которые были смешаны для выделения плазмид. Этот плазмидный пул был расщеплен по BsaI/NcoI, чтобы создать небольшой фрагмент в качестве вставки. Тот же плазмидный пул был расщеплен по BbsI/NcoI, чтобы создать крупный фрагмент в качестве вектора. Фрагменты вставки и вектора были лигированы, что привело к удвоению длины, и смесь после лигирования была трансформирована в клетках BL21Gold(DE3) для получения колоний XTEN_AM72.

Эта библиотека сегментов XTEN_AM72 была обозначена LCW0461. Все клоны из LCW0461 были комбинированы и димеризованы снова, используя тот же процесс, который описан выше, для получения библиотеки LCW0462. 1512 изолятов из библиотеки LCW0462 были подвергнуты скринингу с целью выявления экспрессии белка. Индивидуальные колонии были перемещены в 96-луночные планшеты и культивированы с вечера в качестве стартерной культуры. Эти стартерные культуры были разбавлены в свежей среде с автоиндукцией и культивированы в течение 20-30 ч. Измерение экспрессии проводилось с использованием флуоресцентного ридера, с длиной возбуждающей волны 395 нм и эмиссией 510 нм. 192 изолята показали высокий уровень экспрессии и были подвергнуты секвенированию ДНК. Большин-

ство клонов библиотеки LCW0462 показали хорошую экспрессию и сходные физико-химические свойства, позволяющие предположить, что большинство комбинаций сегментов XTEN_AM36 дадут пригодные последовательности XTEN. 30 изолятов из LCW0462 были выбраны в качестве предпочтительной подборки сегментов XTEN_AM144 для конструирования многофункциональных белков, которые содержат множество сегментов XTEN. Имена файлов нуклеотидных и аминокислотных конструкций этих сегментов приведены в табл. 12.

Таблица 12

ДНК и аминокислотные последовательности для сегментов AM144

Клон	**Сокращенная последовательность**	**Последовательность белка**
LCW462_r1	GGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAG GTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGG TAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGT AGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTA CTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTAC CTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTTCT AGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCTA GCCCGTCTGCTTCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCTTCT CCGGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTA CCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTAC TGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACC GGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCA	GTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGS PAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGSSP SASTGTGPGSSPSASTGTG PGASPGTSSTGSPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETP
LCW462_r5	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACTGCACCAG GTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACCGCACCAGG TACTTCTCCGAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGT ACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTA CCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAC TTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTGCA TCTCCTGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTC TACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTGCTTCCC CGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTACTAG CGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGC GAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCC CTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCA	GSTSESPSGTAPGSTSESP SGTAPGTSPSGESSTAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSESATPESGPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPG TSTPESGSASP
LCW462_r9	GGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAG GTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGG TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGT ACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTA CTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTAC TTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACT TCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCG AACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCC GGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAAGGTGCTTCT CCTGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCC CTTCTGCTTCTACCGGTACTGGTCCAGGTTCTAGCCCT TCTGCATCCACTGGTACTGGTCCA	GTSTEPSEGSAPGTSESAT PESGPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGSEPATSGSET PGSPAGSPTSTEEGASPGT SSTGSPGSSPSASTGTGPG SSPSASTGTGP
LCW462_r10	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAG GTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGG TACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGTCCAGGT TCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTT CTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTAC TTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTGCA TCTCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAG CCCTTCTGCTTCCACTGGTACCGGCCCAGGTAGCTCT ACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCCCCAGGTAGCTCTA CTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTAC TCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTG GCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA	GSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGTSESATPESGPGS TSESPSGTAPGSTSESPSG TAPGTSPSGESSTAPGASP GTSSTGSPGSSPSASTGTG PGSSTPSGATGSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGATGSP GASPGTSSTGSP
LCW462_r15	GGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAG GTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTCCAGG TAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTA GCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAG CGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACT TCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTACCT CTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTC TACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACCTCT ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTA	GASPGTSSTGSPGSSPSAS TGTGPGSSTPSGATGSPG TSESATPESGPGSEPATSG SETPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETP

	CTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACC GGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCA	
LCW462_r16	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAG GTAGCCCGGCAGGTTCTCCTACTTCCACTGAGGAAGG TACTTCTACCGAACCTTCTGAGGGTAGCGCACCAGGT ACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTA GCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC CTCTGAAAGCGCAACCCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGC CCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTT CTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTC TACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGA ACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACTCCAGGTACTTCTA CCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAAC CTGCTACTTCTGGTTCTGAAACTCCA	GTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGSEPAT SGSETPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETP
LCW462_r20	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAG GTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGG TACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGT ACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTA CCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTAC CTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACT TCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTC TGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCT ACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAAC CTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGC TGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAA	GTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGSEPATSGSETPG SPAGSPTSTEE
LCW462_r23	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAG GTACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGG TACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT TCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTC TACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACT TCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTAGCG AACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTC TGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCT ACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTA CTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGA AAGCGCAACCCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGA AAGCGCAACCCCCGGAGTCCGGCCCA	GTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGS TSESPSGTAPGSTSESPSG TAPGTSTPESGSASPGSEP ATSGSETPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPG TSESATPESGP
LCW462_r24	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAG GTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACCGGTCCAGG TAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTA GCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAG CCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACT TCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTGCTT CCCCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAG CCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTACTCCG GGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTTCTACTAG CTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTCCTA GCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCTACTCC GGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA	GSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGSSTPSGATGSPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGASP GTSSTGSPGSSPSASTGTG PGTPGSGTASSSPGSTSST AESPGPGTSPSGESSTAPG TSTPESGSASP
LCW462_r27	GGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAG GTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGG TACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT ACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTA CTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTAC CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACT CCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTC TCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTC	GTSTEPSEGSAPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGTPG SGTASSSPGASPGTSSTGS PGASPGTSSTGSPGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAP

	CGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCCCTGC TGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCT GGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCG AACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCA	
LCW462_r28	GGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAG GTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGG TACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGT ACCTCTACCGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTA CCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCCGGTCCAGGTAC TTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCTGGCCCAGGTACC CCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCT CTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCT CCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCTCTA CTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGA AAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACT GAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA	GSPAGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAP
LCW462_r38	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAG GTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGG TAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGT AGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTA CTCCTGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGC TCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCCCCAGGTGCAT CTCCTGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCT ACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTGCTTCCCC GGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCGAACCT GCTACTTCTGGTTCTGAAACTCCAGGTACTTCTACCG AACCGTCCGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTG CTACTTCTGGTTCTGAAACTCCA	GSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGS STPSGATGSPGTPGSGTAS SSPGSSTPSGATGSPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGSEPAT SGSETPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETP
LCW462_r39	GGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAG GTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAG GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGG TAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGT AGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTA CTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAG CCCGGCTGGTTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACC TCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACCT CTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTGCTTC CCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGC CCGTCTGCTTCTACTGGTACTGGTCCAGGTTCTAGCCC TTCTGCTTCCACTGGTACTGGTCCA	GTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGASPGT SSTGSPGSSPSASTGTGPG SSPSASTGTGP
LCW462_r41	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAG GTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGT AGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTA GCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTAC CTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGC GAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTGCAT CTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCT ACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTTCTAGCC CTTCTGCATCTACCGGTACTGGTCCAGGTTCTACCAG CGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGC GAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCTACCC CTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCA	GSSTPSGATGSPGASPGTS STGSPGSSTPSGATGSPGS PAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGSEPATSGSETPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGS PGSSPSASTGTGPGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPG TSTPESGSASP
LCW462_r42	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAG GTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGG TACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGT ACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTA CCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAC TTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACC	GSTSESPSGTAPGSTSESP SGTAPGTSPSGESSTAPGT SESATPESGPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGSSTPS

	TCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTC TACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCT ACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTGCTTCTCC TGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACC CCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA	GATGSPGASPGTSSTGSP GSSTPSGATGSP
LCW462_r43	GGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAG GTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGG TACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTT CTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTC TACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACT TCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACTT CTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACC AGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTA CCCCGGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAG CTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGC GAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTA GCGGTGAATCTTCTACTGCACCA	GSTSSTAESPGPGTSPSGE SSTAPGTSPSGESSTAPGS TSSTAESPGPGSTSSTAES PGPGTSTPESGSASPGTSP SGESSTAPGSTSSTAESPG PGTSTPESGSASPGSTSST AESPGPGSTSESPSGTAPG TSPSGESSTAP
LCW462_r45	GGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAG GTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGG TTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCAGGT ACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTA CCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAC TTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACC TCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCT CTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTC TACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT GAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTACCTCTA CCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTAC TGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCC	GTSTPESGSASPGSTSESP SGTAPGSTSSTAESPGPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAP
LCW462_r47	GGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAG GTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG TAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGT ACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTA CTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTAC CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTGC ATCTCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTA GCCCTTCTGCTTCCACTGGTACCGGCCCAGGTAGCTC TACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCCCCAGGTAGCTCT ACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTA CTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCT GGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA	GTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGASP GTSSTGSPGSSPSASTGTG PGSSTPSGATGSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGATGSP GASPGTSSTGSP
LCW462_r54	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACTCCAG GTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGG TACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT AGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTA CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTAC TTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGC TCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTC TACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTGCTTCTC CGGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTAC CCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTGCTTCTCCTG GTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCC GTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA	GSEPATSGSETPGSEPATS GSETPGTSTEPSEGSAPGS EPATSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGSST PSGATGSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGASPGTSSTGSP GSSTPSGATGSP
LCW462_r55	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAG GTACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGG TACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTA	GTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGSTS

	CCTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTAC TTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTTCT ACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCTCCAGGTACTT CTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCC CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCCCGG CTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGA AAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACT GAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCA	ESPSGTAPGTSPSGESSTA PGTSPSGESSTAPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAP
LCW462_r57	GGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAG GTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGG TAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAAGGT AGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTA CTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAC CTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACC TCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCT CTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTC TGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCTCT ACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCC CGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCC GGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCA	GTSTEPSEGSAPGSEPATS GSETPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSA PGTSESATPESGPGSSTPS GATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSP
LCW462_r61	GGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAGACTCCAG GTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACCGAAGAAGG TACCTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCTGGCCCAGGT ACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTA CCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAC TTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACC TCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTTCTA CCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTAC TAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCT GAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTACCTCTA CCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTAC TGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCA	GSEPATSGSETPGSPAGSP TSTEEGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSESATPESGPGTST PESGSASPGSTSESPSGTA PGSTSSTAESPGPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAP
LCW462_r64	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAG GTACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGG TACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT ACCTCTACCGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTA CCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCCGGTCCAGGTAC TTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCTGGCCCAGGTACT CCTGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCT CTACTCCGTCTGGTGCAACTGGTTCCCCAGGTGCTTCT CCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCCACCA GCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTCCT AGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCC TGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCA	GTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGSTSST AESPGPGTSPSGESSTAPG TSTPESGSASP
LCW462_r67	GGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGG TACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT ACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTA GCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTAC TTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTAGC CCGGCTGGTTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCT CTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACCTC TACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCT ACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTA CTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTAC TGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCA	GSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAP
LCW462_r69	GGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAG GTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGG	GTSPSGESSTAPGSTSSTA ESPGPGTSPSGESSTAPGT

	TACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGT ACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTA CCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAC TTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTCT AGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTAGCT CTACTCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTGCTTCT CCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTTCTA CTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCC TAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTA GCGGCGAATCTTCTACTGCTCCA	SESATPESGPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGSSP SASTGTGPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGTSTPE SGSASPGTSPSGESSTAPG TSPSGESSTAP
LCW462_r70	GGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAG GTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG TACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT AGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTA GCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAC TTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTTCT AGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCT CTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCT ACTCCTTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCGAAC CGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGA AAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCT GCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCA	GTSESATPESGPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGSSP SASTGTGPGSSTPSGATGS PGSSTPSGATGSPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPG SEPATSGSETP
LCW462_r72	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAG GTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGG TACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGT AGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTG CTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGC TCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACTTC TGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGA ACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTCTACTA GCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAG CGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACC CCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCA	GTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGS STPSGATGSPGASPGTSST GSPGSSTPSGATGSPGTSE SATPESGPGSEPATSGSET PGTSTEPSEGSAPGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPG TSTPESGSASP
LCW462_r73	GGTACCTCTACTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAG GTTCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCAGG TTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTT CTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTAG CTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTGCTT CTCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCGA ACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCT GAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGG CAGGTTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTTCTACTAG CGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGC GAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCC CTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCC	GTSTPESGSASPGSTSSTA ESPGPGSTSSTAESPGPGS SPSASTGTGPGSSTPSGAT GSPGASPGTSSTGSPGSEP ATSGSETPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPG TSTPESGSASP
LCW462_r78	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAG GTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGG TACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGT TCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTT CTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTAC TTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTACC TCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCC CGGCAGGTTCTCCTACTTCCACTGAGGAAGGTACTTC TACCGAACCTTCTGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCGA ACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCT GAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTA CTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA	GSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGS TSESPSGTAPGSTSESPSG TAPGTSPSGESSTAPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTE EGTSTEPSEGSAPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAP

LCW462_r79	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAG GTAGCCCGGCAGGTTCTCCTACTTCCACTGAGGAAGG TACTTCTACCGAACCTTCTGAGGGTAGCGCACCAGGT ACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTA CCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAC CTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCT ACCAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTA CCAGCGAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACTTC TACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTAGCGAA CCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTG AAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTAC TGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA	GTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGT SPSGESSTAPGTSPSGESS TAPGTSPSGESSTAPGSTS ESPSGTAPGSTSESPSGTA PGTSTPESGSASPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAP
LCW462_r87	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAG GTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGG TACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGTCCAGGT ACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTT CTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTAC TTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTA CTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTC CCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACC AGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTAGCTCTA CTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTAC CCCTTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACC CCTTCTGGTGCAAACTGGCTCTCC	GSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGTSESATPESGPGT SPSGESSTAPGSTSSTAES PGPGTSPSGESSTAPGSTS ESPSGTAPGTSPSGESSTA PGSTSSTAESPGPGSSTPS GATGSPGSSTPSGATGSP GSSTPSGANWLS
LCW462_r88	GGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAG GTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGG TACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGT ACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTA CCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAC TTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTGCA TCTCCTGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTC TACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTGCTTCCC CGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTAC CCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCGGGC AGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCC TTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA	GSPAGSPTSTEEGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSESATPESGPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSP
LCW462_r89	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAG GTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGG TAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTA GCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTAC TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACC TCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTACCT CTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGA ACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCT GAAAGCGCAACCCCCGGAATCTGGTCCAGGTACTTCTA CTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGA AAGCGCAACCCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGA AAGCGCAACCCCCGGAGTCCGGCCCA	GSSTPSGATGSPGTPGSGT ASSSPGSSTPSGATGSPGS PAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPG TSESATPESGP

Пример 7. Конструирование XTEN_AM288.

Библиотека LCW0462 была целиком димеризована, как описано в примере 6, с получением в результате библиотеки клонов XTEN_AM288, обозначенной LCW0463. 1512 изолятов из библиотеки LCW0463 были подвергнуты скринингу, используя протокол, описанный в примере 6. 176 клонов с высокой экспрессией были секвенированы и 40 предпочтительных сегментов XTEN_AM288 были выбраны для конструирования многофункциональных белков, которые содержат многочисленные сегменты XTEN из 288 аминокислотных остатков.

Пример 8. Конструирование XTEN_AM432.

Авторы создали библиотеку сегментов XTEN_AM432 путем рекомбинации сегментов из библиотеки LCW0462 сегментов XTEN_AM144 и сегментов из библиотеки LCW0463 сегментов XTEN_AM288. Эта новая библиотека сегментов XTEN_AM432 была обозначена LCW0464. Плазмиды были выделены из культур E.coli, служивших хозяевами для LCW0462 и LCW0463 соответственно. 1512 изолятов из библиотеки LCW0464 были подвергнуты скринингу, используя протокол, описанный в примере 6. 176 клонов с высокой экспрессией были секвенированы и 39 предпочтительных сегментов XTEN_AM432 были выбраны для конструирования более длинных XTEN для конструирования многофункциональных белков, которые содержат множество сегментов XTEN с 432 аминокислотными остатками.

Параллельно авторы сконструировали библиотеку LMS0100 сегментов XTEN_AM432, используя предпочтительные сегменты XTEN_AM144 и XTEN_AM288. Скрининг этой библиотеки дал 4 изолята, которые были выбраны для дальнейшего конструирования.

Пример 9. Конструирование XTEN_AM875.

Вставочный вектор pCW0359 был расщеплен по BsaI и KpnI для удаления вставочного сегмента, и полученный в результате фрагмент вектора был выделен путем очистки на агарозном геле.

Авторы провели отжиг фосфорилированного олигонуклеотида BsaI-AscI-KpnIforP:

AGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC

и нефосфорилированного олигонуклеотида BsaI-Ascl-KpnIrev:

CCTCGAGTGAAGACGAACCTCCCGTGCTTGGCGCGCCGCTTGCGCTTGC

для введения острова последовательности A (SI-A), который кодирует аминокислоты GASAS-GAPSTG и имеет сайт узнавания рестрикционного фермента AscI внутри последовательности нуклеотидов GGCGCGCC inside. Пары олигонуклеотидов после отжига были лигированы с расщепленным по BsaI и KpnI вставочным вектором pCW0359, приготовленным выше, чтобы получить pCW0466, содержащую SI-A. Авторы затем создали библиотеку сегментов XTEN_AM443 путем рекомбинирования 43 предпочтительных сегментов XTEN_AM432 из примера 8 и SI-A сегментов из pCW0466 на t C-конце, используя тот же процесс димеризации, который описан в примере 5. Новая библиотека сегментов XTEN_AM443 была обозначена LCW0479.

Авторы создали библиотеку сегментов XTEN_AM875 путем рекомбинирования сегментов из библиотеки LCW0479 сегментов of XTEN_AM443 и 43 предпочтительных сегмента XTEN_AM432 из примера 8, используя тот же процесс димеризации, который описан в примере 5. Эта новая библиотека сегмента XTEN_AM875 была обозначена LCW0481.

Пример 10. Конструирование XTEN_AM1318.

Авторы произвели отжиг фосфорилированного олигонуклеотида BsaI-FseI-KpnIforP:

AGGTCCAGAACCAACGGGGCCGGCCCCAAGCGGAGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC

и нефосфорилированного олигонуклеотида BsaI-FseI-KpnIrev:

CCTCGAGTGAAGACGAACCTCCGCTTGGGGCCGGCCCCGTTGGTTCTGG

для введения в остров последовательности B (SI-B), который кодирует аминокислоты GPEP-TGPAPSG и имеет внутри распознаваемую рестрикционным ферментом FseI нуклеотидную последовательность GGCCGGCC. Пары олигонуклеотидов после отжига были лигированы с BsaI и KpnI расщепленным вставочным вектором pCW0359, как использовано в примере 9 для получения pCW0467, содержащей SI-B. Авторы затем создали библиотеку сегментов XTEN_AM443 путем рекомбинирования 43 предпочтительных сегментов XTEN_AM432 из примера 8 и сегментов SI-B из pCW0467 на C-конце, используя тот же процесс димеризации, который описан в примере 5. Эта новая библиотека сегментов XTEN_AM443 была обозначена LCW0480.

Авторы создали библиотеку сегментов XTEN_AM1318 путем рекомбинирования сегментов из библиотеки LCW0480 сегментов XTEN_AM443 и сегментов из библиотеки LCW0481 сегментов XTEN_AM875, используя тот же процесс димеризации, который описан в примере 5. Эта новая библиотека сегментов XTEN_AM1318 была обозначена LCW0487.

Пример 11. Конструирование XTEN_AD864

Используя несколько последовательных раундов димеризации, авторы собрали подборку последовательностей XTEN_AD864, начиная с сегментов XTEN_AD36, перечисленных в примере 1. Эти последовательности были собраны, как описано в примере 5. Некоторые изоляты из XTEN_AD864 были оценены и обнаружено, что они показывают хорошую экспрессию и отличную растворимость при физиологических условиях. Одна из промежуточных конструкций XTEN_AD576 была секвенирована. Этот клон был оценен в фармакокинетическом эксперименте на обезьянах макаках, и был измерен период полувыведения продолжительностью примерно 20 ч.

Пример 12. Конструирование XTEN_AF864.

Используя несколько последовательных раундов димеризации, авторы собрали подборку последовательностей XTEN_AF864, начиная с сегментов XTEN_AD36, перечисленных в примере 3. Эти последовательности были собраны, как описано в примере 5. Некоторые изоляты из XTEN_AF864 были оценены и обнаружено, что они показывают хорошую экспрессию и отличную растворимость при физиологических условиях. Одна из промежуточных конструкций XTEN_AF540 была секвенирована. Этот клон был оценен в фармакокинетическом эксперименте на обезьянах макаках, и был измерен период полувыведения продолжительностью примерно 20 ч. Полноразмерный клон XTEN_AF864 имел отличную растворимость и показал увеличение периода полувыведения до 60 ч в организме обезьян макак. Второй набор последовательностей XTEN_AF был собран, включая острова последовательностей, как описано в примере 9.

Пример 13. Конструирование XTEN_AG864.

Используя несколько последовательных раундов димеризации, авторы собрали подборку последовательностей XTEN_AG864, начиная с сегментов XTEN_AD36, перечисленных в примере 1. Эти последовательности были собраны, как описано в примере 5. Некоторые изоляты из XTEN_AG864 были оценены и обнаружено, что они показывают хорошую экспрессию и отличную растворимость при физиологических условиях. Полноразмерный клон XTEN_AG864 имел отличную растворимость и показал увеличение периода полувыведения до 60 ч в организме обезьян макак.

Пример 14. Конструирование N-концевых надстроек XTEN-. Конструирование и скрининг дополнительных библиотек 12-меров.

Этот пример детализирует этап оптимизации N-концов белка XTEN для запуска инициации трансляции, чтобы позволить экспрессию гибридов XTEN на N-конце гибридного белка без присутствия хелперного домена. Исторически экспрессия белков с XTEN на N-конце была слабой, давая значения, кото-

рые по существу не обнаруживаются флуоресцентным GFP анализом (<25% экспрессии с N-конца хелперного домена CBD). Чтобы создать разнообразие на уровне кодона, были выбраны и подготовлены с разнообразием кодонов 7 аминокислотных последовательностей. Семь пар олигонуклеотидов, кодирующих 12 аминокислот с разнообразием кодонов, были созданы, подвергнуты отжигу и лигированы в расщепленный рестрикционным ферментом NdeI/BsaI вставочный вектор pCW0551 (Stuffer-XTEN_AM875-GFP), и ими трансформировали компетентные клетки E.coli BL21Gold(DE3) для получения колоний семи библиотек. Полученные в результате клоны имели N-концевой 12-мерный XTEN, слитый в рамку с XTEN_AM875-GFP, чтобы позволить использование GFP -флуоресценции для скрининга экспрессии. Индивидуальные колонии из семи созданных библиотек были выбраны и выращивались с вечера до насыщения в 500 мкл питательной среды супербульон в 96-луночных планшетах. Число собранных колоний находится в диапазоне от примерно половины до трети теоретического разнообразия библиотеки (см. табл. 13).

Таблица 13

Теоретическое разноообразие и число собранных проб для дополнительной библиотеки 12-меров. Аминокислотные остатки с рандомизированными кодонами подчеркнуты

Библио-тека	**Семейство мотивов**	**Аминокислотная последовательность**	**Теоретическое разнообразие**	**Выявленное количество**
LCW546	AE12	MASPAGSPTSTEE	572	2 планшета (168)
LCW547	AE12	MATSESATPESGP	1536	5 планшетов (420)
LCW548	AF12	MATSPSGESSTAP	192	2 планшета (168)
LCW549	AF12	MESTSSTAESPGP	384	2 планшета (168)
LCW552	AG12	MASSTPSGATGSP	384	2 планшета (168)
LCW553	AG12	MEASPGTSSTGSP	384	2 планшета (168)
LCW554	(CBD-подобный)	MASTPESGSSG	32	1 планшет (84)

Насыщенные с вечера культуры были использованы для инокуляции свежих 500 мкл культур в среде с автоиндукцией, в которой они росли в течение ночи при температуре 26°C.

Эти экспрессионные культуры затем анализировали, используя флуоресцентный ридер (длина возбуждающей волны 395 нм, эмиссия 510 нм) для определения количества присутствующего репортера GFP (см. фиг. 9 с результатами экспрессионных анализов). Эти результаты, графически отображенные в виде 2 прямоугольников с линиями, показывают, что тогда как медианные уровни экспрессии составляли примерно половину от экспрессионных уровней, по сравнению с "меткой" N-концевого хелперного домена CBD, лучшие клоны из библиотеки были очень близко к меткам, указывая на то, что дальнейшая оптимизация вокруг этих последовательностей была гарантирована. Это контрастирует с предыдущими версиями XTEN, уровни экспрессии которых были <25% от уровней экспрессии N-концевой метки CBD. Результаты также показывают, что библиотеки, начинающиеся с аминокислот MA, имеют лучшие уровни экспрессии, чем те, которые начинаются с ME. Это было наиболее очевидно при просмотре лучших клонов, те, которые были ближе к меткам, преимущественно начинались с MA. Из 176 клонов внутри 33% относящихся к метке CBD-AM875, 87% начинаются с MA, где только 75% последовательностей в библиотеках, начинающихся с MA, наблюдается явное превышение представленности наибольших значений экспрессии у клонов, начинающихся с MA. 96 из лучших клонов были секвенированы, чтобы подтвердить идентичность, и двенадцать последовательностей (см. табл. 14), 4 из LCW546, 4 из LCW547 и 4 из LCW552 были выбраны для дальнейшей оптимизации.

Таблица 14

Продвинутые 12-мерные нуклеотидные последовательности ДНК

Клон	**Нуклеотидная последовательность ДНК**
LCW546_02	ATGGCTAGTCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACT
LCW546_06	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACT
LCW546_07	ATGGCTAGTCCAGCAGGCTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACT
LCW546_09	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACT
LCW547_03	ATGGCTACATCCGAAAGCGCAACCCCTGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACT
LCW547_06	ATGGCTACATCCGAAAGCGCAACCCCTGAATCTGGTCCAGGTACTTCTACT
LCW547_10	ATGGCTACGTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACTTCTACT
LCW547_17	ATGGCTACGTCCGAAAGCGCTACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTACT
LCW552_03	ATGGCTAGTTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTACTTCTACT
LCW552_05	ATGGCTAGCTCCACTCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTACTTCTACT
LCW552_10	ATGGCTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACTGGTTCCCCAGGTACTTCTACT
LCW552_11	ATGGCTAGTTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTTCTACT

Пример 15. Конструирование N-концевых надстроек XTEN-конструирование и скрининг библиотек оптимизированных кодонов 3 и 4.

Этот пример детализирует этап оптимизации N-концов белка XTEN для запуска инициации трансляции, чтобы позволить экспрессию гибридов XTEN на N-конце гибридного белка без присутствия хелперного домена. С установленными преимуществами для двух первых кодонов (см. пример supra), третий и четвертый кодоны были рандомизированы для определения преимуществ. Три библиотеки, основанные на лучших клонах из LCW546, LCW547 и LCW552, были сконструированы с третьим и четвертым остатками, модифицированными таким образом, чтобы все комбинации допустимых кодонов XTEN

были представлены в этих позициях (см. фиг. 10). Чтобы включить все допустимые кодоны XTEN для каждой библиотеки, были созданы девять пар олигонуклеотидов, кодирующих по 12 аминокислот с разнообразием кодонов в третьем и четвертом остатках, прошли отжиг и лигированы в расщепленный рестрикционным ферментом NdeI/BsaI вставочный вектор pCW0551 (Stuffer-XTEN_AM875-GFP), и трансформированы в E.coli BL21Gold(DE3), компетентных клетках для получения колоний трех библиотек LCW0569-571. С 24 кодонами XTEN теоретическое разнообразие каждой библиотеки представляет 576 уникальных клонов. Все 504 индивидуальных колонии из трех созданных библиотек были выбраны и росли в течение ночи до насыщения в 500 мкл среды супер бульон в планшетах с 96 глубокими лунками. Этим обеспечивается достаточная полнота охвата для понимания относительного качества библиотек и преимуществ последовательностей. Насыщенные ночные культуры были использованы для инокуляции новых 500 мкл культур в среду с автоиндукцией, в которой они росли в течение ночи при температуре 26°C. Эти экспрессионные культуры затем анализировали, используя флуоресцентный ридер (длина возбуждающей волны 395 нм, эмиссия 510 нм) для определения количества присутствующего репортера GFP (см. фиг. 9 с результатами экспрессионных анализов). Лучшие 75 клонов, по данным скрининга, были секвенированы и перепроверены на экспрессию репортерного гена GFP против тестовых образцов. (фиг. 11). 52 клона дали приемлемые данные о последовательностях и были использованы для последующего анализа. Результаты были разбиты по библиотекам и показали, что высшей была библиотека. Результаты представлены в табл. 15. Удивительно было обнаружить, что базовая линия флуоресценции для лучших клонов была~900 AU, тогда как N-концевая метка CBD была только ~600 AU. Это указывает на то, что эта библиотека была устроена с примерно 33% улучшения по сравнению с лучшими клонами из предыдущей библиотеки, которые были примерно равными по уровню экспрессии N-концевого CBD (пример 14).

Таблица 15

Композиция библиотеки с третьим и четвертым оптимизированными кодонами

	LCW569	LCW570	LCW571
N	21	15	16
Средняя флуоресценция (AU)	628	491	537
SD	173	71	232
CV	28%	15%	43%

Дальнейшие тренды наблюдались в данных, показывающих преимущества для отдельных кодонов в третьей и четвертой позициях. В библиотеке LCW569 кодон глутаминовой кислоты GAA в третьей позиции и кодон треонина ACT были связаны с более высокой экспрессией, как видно в табл. 16.

Таблица 16

Предпочтительные третий и четвертый кодоны в LCW569

	3 =GAA	Rest	4 = ACT	остаток
N	8	13	4	17
Средняя флуоресценция (AU)	749	554	744	601
SD	234	47	197	162
CV	31%	9%	26%	27%

Дополнительная перепроверка лучших 75 клонов показала, что некоторые из них теперь превосходили клоны метки (тестовые клоны).

Пример 16. Конструирование N-концевых надстроек XTEN-конструирование и скрининг комбинаторных библиотек 12- и 36-меров.

Этот пример детализирует этап оптимизации N-конца белка XTEN для того, чтобы стимулировать инициацию трансляции и позволить экспрессию гибридов XTEN у N-конца белков без присутствия хелперного домена. С установленными преимуществами для первых двух кодонов (см. пример выше), N-конец был протестирован в широком диапазоне, путем комбинирования 12 выбранных 12-мерных последовательностей (см. пример выше) непосредственно у N-конца, затем 125 предварительно сконструированных 36-мерных сегмента (см. пример выше), следуя принципам комбинаторики. Тем самым созданы новые 48-меры на N-конце белка XTEN и проведена оценка влияния отдаленных взаимодействий на N-конце на экспрессию более длинных последовательностей (фиг. 12). Методики, сходные с димеризацией, используются для сборки 36-меров (см. пример ниже), плазмиды, содержащие 125 выбранных 36-мерных сегментов, были расщеплены рестрикционными ферментами BbsI/NcoI, и подходящий фрагмент был очищен на геле. Плазмида из клона AC94 (CBD-XTEN_AM875-GFP) была также расщеплена BsaI/NcoI, и подходящие фрагменты были очищены на геле. Эти фрагменты были лигированы вместе и трансформированы в компетентных клетках E.coli BL21Gold(DE3) для получения колоний библиотеки LCW0579, которая также служила вектором для дальнейшего клонирования 12 выбранных 12 меров, ближайших к N-концу Плазмиды библиотеки LCW0579 были расщеплены NdeI/EcoRI/BsaI, и подходящие фрагменты были очищены на геле. Были созданы 12 пар олигонуклеотидов, кодирующих 12 выбранных 12-мерных последовательностей, подвергнуты отжигу и лигированы с расщепленным NdeI/EcoRI/BsaI вектором LCW0579 и затем ими трансформированы компетентные клетки E.coli BL21Gold(DE3) для получения колоний библиотеки LCW0580. С теоретическим разнообразием, составляющим 1500 уникальных кло-

нов, все 1512 индивидуальных колоний из созданной библиотеки были выбраны и выращены в течение ночи до насыщения в 500 мкл среды супер бульон в планшете с 96 глубокими лунками. Это обеспечило достаточный охват для понимания относительного качества библиотек и преимуществ последовательностей. Насыщенные ночные культуры были использованы для инокуляции новых 500 мкл культур в среду с автоиндукцией, в которой они росли в течение ночи при температуре 26°C. Эти экспрессионные культуры затем анализировали, используя флуоресцентный планшетный ридер (длина возбуждающей волны 395 нм, эмиссия 510 нм) для определения количества присутствующего репортера GFP. Лучшие 90 клонов были секвенированы и перепроверены на экспрессию репортерного гена GFP. 83 клона дали приемлемые данные о последовательностях и были использованы для последующего анализа. Данные секвенирования были использованы для определения лидирующего 12-мера, который был представлен в каждом клоне, и проведения оценки влияния каждого из 12-меров на экспрессию. Клоны LCW546_06 и LCW546_09 выделялись как наивысшие среди N-концевых (см. табл. 17).

Таблица 17

Относительная результативность клонов, начиная с LCW546 06 и LCW459 09

	LCW546_06	Все остальные	LCW546_09	Все остальные
N	11	72	9	74
Средняя флуоресценция (AU)	1100	752	988	775
SD	275	154	179	202
CV	25%	20%	18%	26%

Секвенирование и повторный тест также показали некоторые случаи независимой репликации одной и той же последовательности в данных, производящие сходные результаты, тем самым увеличивая достоверность анализа. Дополнительно, 10 клонов с 6 уникальными последовательностями были выше по сравнению с тестовым клоном. Они представлены в табл. 18. Было отмечено, что это были только экземпляры этих последовательностей, и ни в каком случае одна из этих последовательностей не уступила эталонному клону. Эти шесть последовательностей были направлены для дальнейшей оптимизации.

Таблица 18

Комбинаторные 12-мерные и 36-мерные клоны, превосходящие эталонный клон

Название клона	**Первые 60 кодонов**	**Название 12-мера**	**Название 36-мера**
LCW580_51	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACT GAGGAAGGTGCATCCCCGGGCACCAGCTCTACC GGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCT ACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGT GCTACTGGCTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA	LCW546_06	LCW0404_040
LCW580_81	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACT GAGGAAGGTGCATCCCCGGGCACCAGCTCTACC GGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCT ACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGT GCTACTGGCTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA	LCW546_06	LCW0404_040
LCW580_38	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACT GAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGT AGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACC TCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC GAGGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA	LCW546_06	LCW0402_041
LCW580_63	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACT	LCW546_09	LCW0402_020

	GAGGAAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGC AGCGCACCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGT TCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCA ACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA		
LCW580_06	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACT GAGGAAGGTACCCCGGGTAGCGGTACTGCTTCT TCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAA CCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCT CTACCGGTTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGT CTGAAGGCAGCGCA	LCW546_06	LCW0404_031
LCW580_35	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACT GAGGAAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGC AGCGCACCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGT TCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCA ACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA	LCW546_09	LCW0402_020
LCW580_67	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACT GAGGAAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCT ACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCT TCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAA TCTTCTACCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA	LCW546_09	LCW0403_064
LCW580_13	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACT GAGGAAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCC GCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCT GGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCT GAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA	LCW546_09	LCW0403_060
LCW580_88	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACT GAGGAAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCT ACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCT TCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAA TCTTCTACCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA	LCW546_09	LCW0403_064
LCW580_11	ATGGCTAGTCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACT GAGGAAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCC GCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCT GGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCT GAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCG TCTGAAGGCAGCGCA	LCW546_09	LCW0403_060

Пример 17. Конструирование N-концевых надстроек XTEN-. Конструирование и скрининг комбинаторных 12-мерных и 36-мерных библиотек для XTEN-AM875 и XTEN-AE864.

Этот пример детализирует этап оптимизации N-конца белка XTEN для того, чтобы стимулировать инициацию трансляции и позволить экспрессию гибридов XTEN у N-конца белков без присутствия хелперного домена. С установленными преимуществами для первых четырех кодонов (см. пример выше) и для лучшего спаривания N-концевых 12-меров и 36-меров (см. пример выше) был применен комбинаторный подход, чтобы изучить сочетание этих предпочтений. Были созданы новые 48-меры N-концевого белка XTEN и проведено тестирование для проверки предварительных заключений. Дополнительно, была оценена способность этих лидерных последовательностей играть роль универсального раствора для всех белков XTEN путем помещения новых 48-меров напротив XTEN-AE864 и XTEN-AM875. Вместо использования всех 125 клонов 36-мерных сегментов плазмиды из 6 выбранных клонов 36-мерных сегментов с лучшей экспрессией гена GFP в комбинаторной библиотеке были расщеплены NdeI/EcoRI/BsaI, и подходящие фрагменты очищены на геле. Плазмиды из клонов AC94 (CBD-XTEN_AM875-GFP) и AC104 (CBD-XTEN_AE864-GFP) были расщеплены NdeI/EcoRI/BsaI, и подходящие фрагменты были очищены на геле. Эти фрагменты были лигированы вместе и трансформировали компетентные клетки E.coli BL21Gold(DE3) для получения колоний библиотек LCW0585 (-XTEN_AM875-GFP) и LCW0586 (-XTEN_AE864-GFP), которые могли также служить в качестве векторов для дальнейшего клонирования 8 выбранных 12-меров, близких к N-концу плазмиды LCW0585 и LCW0586 были расщеплены NdeI/EcoRI/BsaI, и подходящие фрагменты были очищены на геле. Были созданы 8 пар олигонуклеотидов, кодирующих 8 выбранных 12-мерных последовательностей с лучшей экспрессией GFP в предварительном (генерация 2) скрининге, подвергнуты отжигу и лигированы с расщепленными NdeI/EcoRI/BsaI векторами LCW0585 и LCW0586, и продуктами лигирования трансформировали компетентные клетки E.coli BL21Gold(DE3) для получения колоний конечных библиотек LCW0587 (XTEN_AM923-GFP) и LCW0588 (XTEN_AE912-GFP). С теоретическим разнообразием, составляющим 48 уникальных клонов, все 252 индивидуальных колоний из созданных библиотек были выбраны и выращивались в течение ночи до насыщения в 500 мкл среды супер бульон в планшете с 96 глубокими лунками. Это обеспечило достаточный охват для понимания относительного качества библиотек и преимуществ последовательностей. Насыщенные ночные культуры были использованы для инокуляции новых 500 мкл культур в среду с автоиндукцией, в которой они выращивались в течение ночи при температуре 26°C. Эти экспрессионные культуры затем анализировали, используя флуоресцентный планшетный ридер (длина возбуждающей волны 395 нм, эмиссия 510 нм) для определения количества присутствующего репортера GFP. Луч-

шие 36 клонов были секвенированы и перепроверены на экспрессию репортерного гена GFP 36 клонов дали приемлемые данные о последовательностях и были использованы для последующего анализа. Данные секвенирования были использованы для определения 12-мера, третьего кодона, четвертого кодона и 36-мера, представленного в клоне, и было выявлено, что многие клоны имели независимую репликацию одной и той же последовательности. Дополнительно, результаты повторной проверки этих клонов близки по значению, указывая на надежность результатов скрининга. Были выявлены преимущества для отдельных комбинаций на N-конце и получение устойчиво высоких уровней флуоресценции примерно на 50% выше, чем у эталонного контроля (см. табл. 19 и 20). Эти данные поддерживают заключение, что включение последовательностей, кодирующих оптимизированный N-концевой XTEN в гибридный белок, способствует заметному усилению экспрессии гибридных белков.

Таблица 19

Предпочтительные N-концевые комбинации для XTEN-AM875

Название клона	Номер репликата	12-мер	36-мер	Среднее	SD	CV
CBD-AM875	NA	NA	NA	1715	418	16%
LCW587_08	7	LCW546_06_3=GAA	LCW404_40	2333	572	18%
LCW587_17	5	LCW546_09_3=GAA	LCW403_64	2172	293	10%

Таблица 20

Предпочтительные N-концевые комбинации для XTEN-AE864

Название клона	Номер репликата	12-мер	36-мер	Среднее	SD	CV
AC82	NA	NA	NA	1979	679	24%
LCW588_14	8	LCW546_06_opt3	LCW404_31	2801	240	6%
LCW588_27	2	LCW546_06_opt34	LCW404_40	2839	556	15%

Заслуживает внимания, что предпочтительная комбинация N-конца для XTEN-AM875 и предпочтительная комбинация для XTEN-AE864 не являются одинаковыми (табл. 19 и 20), указывая на более сложные взаимодействия далее чем в 150 основаниях от сайта инициации, оказывающие влияния на уровни экспрессии. Последовательности из числа предпочтительных нуклеотидных последовательностей перечислены в табл. 21, а предпочтительные клоны были проанализированы способом электрофореза на полиакриламидном геле для независимого подтверждения экспрессии (см. фиг. 13). Завершенные последовательности XTEN_AM923 и XTEN_AE912 были выбраны для дальнейшего анализа.

Таблица 21

Предпочтительные нуклеотидные последовательности ДНК для первых 48 аминокислотных остатков N-концевых XTEN-AM875 и XTEN-AE864

Название клона	**XTEN модификация**	**Нуклеотидная последовательность ДНК**
LCW587_08	AM875	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCATCCCC GGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTA CCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGT ACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCA
LCW587_17	AM875	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACCTCCCC TAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTT CTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGT ACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCA
LCW588_14	AE864	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCCCGG GTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCA ACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGG TAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAG
LCW588_27	AE864	ATGGCTGAAACTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCATCCC CGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCT ACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGG TAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAG

Пример 18. Способы получения и оценки ГР-XTEN; XTEN-чГР как пример.

Общая схема получения и оценки композиций ГР-XTEN представлена на фиг. 6, и формирует основу для общего описания этого примера. Используя раскрытые способы и те, которые известны обычному специалисту, вместе с руководством, предусмотренным в иллюстративных примерах, специалист может создать и оценить уровень гибридных белков ГР-XTEN, включающих XTEN, ГР и варианты ГР, известные в уровне техники. Пример, таким образом, должен быть истолкован как, скорее, иллюстративный, и не ограничивающий способы никоим образом; множество вариаций будет очевидно для обычного специалиста. В этом примере будет получен ГР-XTEN путем присоединения человеческого гормона роста к XTEN, принадлежащему к семейству мотивов AE.

Общая схема для получения полинуклеотидов, кодирующих XTEN, представлена на фиг. 4 и 5. Фиг. 5 представляет блок-схему типичных этапов сборки полинуклеотидной конструкции XTEN в одном воплощении по изобретению. Индивидуальные олигонуклеотиды 501 отжигают в мотивы последовательности 502 такие как мотив 12 аминокислот ("12-мер"), который последовательно лигируют с олигонуклеотидами, содержащими сайты рестрикции BbsI и KpnI 503. Библиотеки мотивов могут быть огра-

ничены специфическими семействами последовательностей XTEN, например, последовательности AD, AE, AF, AG, AM, или AQ табл. 1. В этом случае мотивы семейства AE могут быть использованы как библиотека мотивов, которые отжигаются к 12-меру для создания "строительных блоков", например, сегмента, который кодирует 36 аминокислот. Ген, кодирующий последовательность XTEN, может собираться путем лигирования или мультимеризации "строительных блоков", пока желательная длина гена XTEN 504 не будет достигнута. Как проиллюстрировано на фиг. 5, длина XTEN в этом случае составляет 48 аминокислотных остатков, но в процессе могут быть достигнуты большие длины. Например, мультимеризация может происходить путем лигирования, перекрывающей достройки, сборки ПЦР или сходных техник клонирования, известных в уровне техники. Ген XTEN клонируют во вставочный вектор. В примере, иллюстрируемом фиг. 5, вектор может кодировать последовательность Флага 506 за которой следует вставочная последовательность, фланкированная сайтами BsaI, BbsI и KpnI 507 и геном ГР (например, чГР) 508, что в результате кодирует ГР-XTEN 500, который в этом случае кодирует гибридный белок в конфигурации, от N- к С-концу, XTEN-чГР.

Последовательность ДНК, кодирующая ГР, может быть общепринятым образом получена по стандартным методикам, известным в науке, из библиотеки кДНК, подготовленной из подходящего клеточного источника, из библиотеки геномов, или может быть создана синтетическим путем (например, путем автоматизированного синтеза нуклеиновых кислот), используя последовательности ДНК, полученные из баз данных открытого доступа, патентов или литературных ссылок. Ген или полинуклеотид, кодирующий часть белка ГР, может быть затем клонирован в конструкцию, такую как описана в настоящем документе, которая может быть плазмидой или другим вектором под контролем подходящих транскрипционной и трансляционной последовательностей длоя высокого уровня экспрессии белка в биологической системе. Второй ген или полинуклеотид, кодирующий часть XTEN (в случае фиг. 5 иллюстрирует AE с 48 аминокислотными остатками) может быть генетически слит с нуклеотидом, кодирующим N-концевой ген чГР путем клонирования его в конструкции, смежной с ним и связанной в рамку считывания с геном, кодирующим чГР, путем лигирования или мультимеризации. Таким путем, в конструкции может быть создана химерная молекула ДНК, кодирующая гибридный белок XTEN-чГР-ГР-XTEN (или молекула, комплементарная ей). По желанию, может быть вставлен ген, кодирующий второй XTEN, и лигирован в рамку считывания с нуклеотидами, кодирующими С-конец гена XTEN-чГР, что приводит к конструкции, кодирующей гибридный белок XTEN-чГР-XTEN. Конструкция может быть создана в различных конфигурациях, кодируя различные перестановки в партнере по гибридизации как мономерном полипептиде. Например, ген, который может быть создан для кодирования гибридного белка (в ориентации от N- к С-концу): чГР-XTEN; XTEN-чГР; чГР-XTEN-чГР; XTEN-чГР-XTEN; как и мультимеров вышеуказанного. По желанию, химерная молекула ДНК может быть перенесена или клонирована в другую конструкцию, которая является более подходящим экспрессионным вектором. С этой точки зрения, клетка-хозяин, способная к экспрессии химерной молекулы ДНК может быть трансформирована химерной молекулой ДНК. Векторы, которые содержат целевые сегменты ДНК, могут быть перенесена в клетку-хозяина хорошо известными способами, в зависимости от типа клетки-хозяина, как описано выше.

Клетки-хозяева, которые содержат экспрессионный вектор XTEN-ГР, могут быть культивированы в подходящей питательной среде, модифицированной для создания условий для активации промотора. Условия культивирования, такие как температура, pH и подобные, являются теми же, которые прежде использовались по отношению к клеткам-хозяевам, выбранным для экспрессии, и будут очевидны рядовому специалисту. После экспрессии гибридного белка, клетки собирают путем центрифугирования, разрушают физическими или химическими способами, и полученный в результате сырой экстракт оставляют для очистки гибридного белка, как описано ниже. Для композиций ГР-XTEN, секретируемых клетками-хозяевами, супернатант после центрифугирования может быть отделен и сохранен для дальнейшей очистки.

Экспрессия гена может быть измерена в образце непосредственно, например, общепринятыми Саузерн-блоттингом, Нозерн-блоттингом, для количественной оценки транскрипции мРНК [Thomas, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77:5201-5205 (1980)], точечным блоттингом (анализ ДНК) или гибридизацией in situ, используя подходящий меченый зонд, основанный на последовательностях, раскрытых в настоящем документе. В альтернативном случае, экспрессия генов может быть измерена иммунологическими или флуоресцентными методами, такими, как иммуногистохимическое окрашивание клеток, обеспечивающее прямой количественный анализ экспрессии генетического продукта. Антитела, используемые для иммуногистохимического окрашивания и/или анализа образцов жидкостей могут быть или моноклональными, или поликлональными, и могут быть подготовлены в любом млекопитающем. Общепринято, что антитела могут быть подготовлены против последовательности полипептида чГР, используя синтетический пептид, основанный на последовательностях, предусмотренных в настоящем документе, или против экзогенной последовательности, слитой с чГР и кодирующей специфический эпитоп антитела. Примеры выбираемых маркеров хорошо известны специалистам и включают репортеры, такие как длинный зеленый флуоресцентный белок (EGFP), бета-галактозидазу (β-gal) или хлорамфеникоацетилтрансферазу (CAT).

Полипептидный продукт XTEN-чГР может быть очищен способами, известными в области техни-

ки. Методики такие, как гель-фильтрация, аффинная очистка, высаливание, ионообменная хроматография, эксклюзионная хроматография, хроматография с абсорбцией на гидроксилапатите, хроматография гидрофобного взаимодействия или гель-электрофорез, могут быть использованы в очистке. Специфические способы очистки описаны в книге: Robert K. Scopes, Protein Purification: Principles and Practice, Charles R. Castor, ed., Springer-Verlag 1994, и Sambrook, et al., supra. Многоэтапная очистка белка разделением также описана в источниках: Baron, et al., Crit. Rev. Biotechnol. 10:179-90 (1990), and Below, et al., J. Chromatogr. A. 679:67-83 (1994).

Как иллюстрирует фиг. 6, выделенные гибридные белки XTEN-чГР могут затем быть охарактеризованы по их химическим свойствам и активности. Выделенный гибридный белок может быть охарактеризован, например, по его последовательности, чистоте, кажущемуся молекулярному весу, растворимости и стабильности, используя способы, известные в уровне техники. Гибридный белок, который отвечает ожидаемым стандартам, может затем быть оценен по активности, которачя может быть измерена in vitro или in vivo путем измерения одного из параметров, связанных с гормоном роста, описанных в настоящем документе, используя один или более видов анализа, раскрытых в настоящем документе, или используя тесты примеров или табл. 34.

Дополнительно, гибридный белок XTEN-чГР может быть введен одному или более видов животных для определения стандартных фармакокинетических параметров, как описано в примерах 30-32.

Путем итеративного процесса производства, экспрессии и получения конструкций XTEN-чГР, сопровождаемых их характеристикой с использованием способов, раскрытых в настоящем документе или других известных в уровне техники, композиции ГР-XTEN, включающие чГР и XTEN, могут быть произведены и оценены любым рядовым специалистом для подтверждения ожидаемых свойств, таких как увеличенная растворимость, усиленная устойчивость, улучшенная фармакокинетика и сниженная иммуногенность, ведущие к общему усилению терапевтической активности по сравнению с соответствующим негибридизированным чГР Для тех гибридныхх белков, которые не обладают желательными свойствами, должна быть сконструирована, экспрессирована, выделена и оценена этими способами новая последовательность, чтобы получить композицию с желательными свойствами.

Пример 19. Конструирование генов и векторов чГР, соединенных с K и Y XTEN последовательностями.

K серии конструкций ГР-XTEN.

Вектор pET-серий был сконструирован с промотором T7, который экспрессирует белок, содержит целлюлозо-связывающий домен CBD) на N-конце, затем сайт расщепления протеазой вируса табачной мозаики (Tomato Etch Virus, TEV), затем последовательность, кодирующая чГР, и между ними кодирующая последовательность K288: CBD-K288-чГР. Последовательность K288 является повторяющейся $(GEGGGEGGE)_{32}$. Использование последовательности CBD показано в Swissprot file Q06851, и очистка гибридных белков CBD описана в работе Ofir, K. et al. (2005), Proteomics 5:1806. Сайтом расщепления последовательности TEV является ENLYFQ/X; G был использован в позиции X. Эта конструкция была трансформирована в штамме BL21(DE3)-star E.coli и выращена при условиях, способствующих экспрессии. Клетки были собраны и деструктированы. Клеточный супернатант был нанесен на гранулированную целлюлозу (Perloza 100), промыт буфером A (25 мМ Трис pH 8.0) и элюирован через колонку 20 мМ NaOH. pH поддерживали путем титрования образца 1 M буфером Трис pH 8.0. Чистота белка была оценена величиной свыше 90%. Элюированный белок был расщеплен очищенной протеазой TEV в течение ночи при температуре 4°C, и расщепленный образец был нанесен на гранулированную целлюлозу (Perloza 100). CBD был оставлен в колонке и K288-чГР был найден в проточной фракции. Собранная проточная фракция была помещена в ионообменную колонку (Q-sepharose, Pharmacia), промыта буфером A (25 мМ Трис pH 8.0) и элюирована из колонки, используя пологий линейный градиент того же буфера с 1 M NaCl. Элюированный гибридный белок был собран, диализован против буфера A, концентрирован и очищен путем эксклюзионной хроматографии как окончательной стадии очистки. Чистота белка была оценена величиной свыше 98%. Конечный белок представляет собой K288-чГР Данные электрофоретического анализа образцов на полиакриламидном геле на всем протяжении процесса очистки показаны на фиг. 20.

Y серии конструкций ГР-XTEN.

Ген, кодирующий чГР, был амплифицирован путем полимеразной цепной реакции (ПЦР), которая ввела рестрикционные сайты BbsI и HindIII, совместимые с BbsI и HindIII сайтами, которые фланкируют вставку в целевом векторе XTEN. Плазмида pCBD-XTEN является pET30, произведенной Novagen, в формате целлюлозо-связывающего домена (CBD)-XTEN-Stuffer, где Stuffer (вставочная последовательность) представляет собой зеленый флуоресцентный белок (GFP) и XTEN может быть любой длины, от 36 до 576 или более. Конструкции были созданы путем замещения вставочной последовательности в pCBD-XTEN фрагментом, кодирующим чГР (фиг. 7B). pCBD-XTEN отличается промотором T7, предшествующим CBD, за которым идет последовательность XTEN, введенная во фрейм выше вставочной последовательности. Используемые последовательности XTEN принадлежат к семейству XTEN_Y и кодируют отрезки длиной, которая включает 36, 72, 144, 288 и 576 аминокислот. Вставочный фрагмент был удален путем рестрикционного расщепления, используя эндонуклеазы BbsI и HindIII. Расщепленный

рестрикцией фрагмент чГР ДНК был лигирован в расщепляемый вектор pCBD-XTEN, используя ДН-N-лигазу Т4, и электропорирован в BL21(DE3) Gold (Stratagene). Трансформанты были подвергнуты скринингу путем ДН-N-miniprep и желательная конструкция была подтверждена данными секвенирования ДНК. Конечный вектор дает ген CBD_XTEN_чГР под контролем промотора Т7. Результирующие последовательности ДНК кодируют ГР, связанный с XTEN с длинами 36, 72, 144 и 288 аминокислот соответственно.

Пример 20. Конструирование генов и векторов чГР-XTEN, используя последовательности AE и AM XTEN.

Ген, кодирующий чГР, был амплифицирован путем полимеразной цепной реакции (ПЦР), которая ввела рестрикционные сайты NdeI и BbsI, совместимые с NdeI и BbsI сайтами, которые фланкируют вставку в целевом векторе XTEN. Плазмида pXTEN представляет собой pET30, полученную от Novagen в формате Stuffer-XTEN, где Stuffer (вставочная последовательность) может быть или зеленым флуоресцентным белком (GFP) или CBD, и XTEN может быть любой длины от 36 до 1318 аминокислот или более (фиг. 7). Конструкции были созданы путем замещения вставочной последовательности в pXTEN фрагментом гена, кодирующего чГР pXTEN отличается промотором Т7, предшествующим вставочной последовательности, за которым идет последовательность XTEN, введенная во фрейм ниже вставочной последовательности. Используемые последовательности XTEN принадлежат к семейству AE или AM и кодируют отрезки длиной, которая включает 36, 72, 144, 288, 576, 864, 875 и 1318 аминокислот. Вставочный фрагмент был удален путем рестрикционного расщепления, используя эндонуклеазы NdeI и BsaI. Расщепленный рестрикцией фрагмент чГР ДНК был лигирован в расщепляемый вектор pXTEN, используя ДН-N-лигазу Т4, и электропорирован в BL21(DE3) Gold (Stratagene). Трансформанты были подвергнуты скринингу путем ДН-N-miniprep и желательная конструкция была подтверждена данными секвенирования ДНК. Конечный вектор дает ген чГР-XTEN под контролем промотора Т7 и может быть использован для экспрессии гибридного белка с чГР на N-конце.

Пример 21. Конструирование XTEN-чГР и генов и векторов XTEN-чГР, используя последовательности AE и AM XTEN.

Ген, кодирующий чГР, был амплифицирован путем полимеразной цепной реакции (ПЦР), которая ввела рестрикционные сайты BbsI и HindIII, совместимые с BbsI и HindIII сайтами, которые фланкируют вставку в целевом векторе XTEN. Плазмида pCBD-XTEN является pET30, произведенной Novagen, в формате целлюлозо-связывающего домена (CBD)-XTEN-Stuffer, где Stuffer (вставочная последовательность) представляет собой зеленый флуоресцентный белок (GFP) и XTEN может быть любой длины, от 36 до 1318 или более (фиг. 7). Конструкции были созданы путем замещения вставочной последовательности в pCBD-XTEN фрагментом, кодирующим чГР (фиг. 7B). pCBD-XTEN отличается промотором Т7, предшествующим CBD, за которым идет последовательность XTEN, введенная во фрейм выше вставочной последовательности. Используемые последовательности XTEN принадлежат к семейству XTEN_AE и XTEN_AM и кодируют отрезки длиной, которая включает 36, 72, 144, 288, 576, 864, 875 и 1318 аминокислот. Вставочный фрагмент был удален путем рестрикционного расщепления, используя эндонуклеазы BbsI и HindIII. Расщепленный рестрикцией фрагмент чГР ДНК был лигирован в расщепляемый вектор pCBD-XTEN, используя ДН-N-лигазу Т4, и электропорирован в BL21(DE3) Gold (Stratagene). Трансформанты были подвергнуты скринингу путем ДН-N-miniprep и желательная конструкция была подтверждена данными секвенирования ДНК. Полученный в результате вектор дает ген CBD_XTEN_чГР под контролем промотора Т7, и может быть использован для экспрессии гибридного белка с чГР на С-конце.

Пример 22. Конструирование генов и векторов XTEN-AE_чГР_ГР-XTEN-AE.

Ген, кодирующий чГР, был амплифицирован путем полимеразной цепной реакции (ПЦР), которая ввела рестрикционные сайты BsaI и HindIII, совместимые с BsaI и HindIII сайтами, которые фланкируют вставку в целевом векторе XTEN. Плазмида pCBD-XTEN является pET30, произведенной Novagen, в формате N-концевой экспрессионной последовательности XTEN длиной 48 аминокислот-XTEN-Stuffer, где Stuffer (вставочная последовательность) представляет собой зеленый флуоресцентный белок (GFP) и XTEN может быть любой длины, от 36 до 576 или более. Конструкции были созданы путем замещения вставочной последовательности в pNTS-XTEN фрагментом, кодирующим чГР pNTS-XTEN отличается промотором Т7 выше NTS, за которым идет последовательность XTEN, введенная во фрейм выше вставочной последовательности. pCBD-XTEN отличается промотором Т7, предшествующим CBD, за которым идет последовательность XTEN, введенная во фрейм выше вставочной последовательности. Используемые последовательности XTEN принадлежат к семейству XTEN_Y и кодируют отрезки длиной, которая включает 36, 72, 144, 288, 576, 864 и 1296 аминокислот. Вставочный фрагмент был удален путем рестрикционного расщепления, используя эндонуклеазы BbsI и HindIII. Расщепленный рестрикцией фрагмент чГР ДНК был лигирован в расщепляемый вектор pNTS-XTEN, используя ДН-N-лигазу Т4, и электропорирован в BL21(DE3) Gold (Stratagene). В некоторых случаях используется вторая последовательность XTEN_AE длиной 144 или 288 аминокислот, лигированных к С-концу гена, кодирующего чГР, этап, который иллюстрирует фиг. 8. Ген, кодирующий чГР, был амплифицирован путем полимеразной цепной реакции (ПЦР), которая ввела рестрикционные сайты BsaI HindIII (с дополнительным BbsI перед HindIII), которые совместимы с сайтами BbsI и HindIII, фланкурующими вставочную последователь-

ность в целевом векторе pNTS-XTEN. После расщепления рестрикционными ферментами, лигирования и трансформации результирующая промежуточная плазмида имела формат pNTS-XTEN-чГР с рестрикционными сайтами BbsI/HindIII на С-конце чГР. Промежуточная плазмида была далее расщеплена BbsI и HindIII, лигирована с о второй последовательностью XTEN_AE из 144 или 288 аминокислот, фланкированной BsaI и HindIII, с AE144 или AE288, кодирующими последовательности на С-конце гена XTEN-чГР, и трансформированная в BL21(DE3)Gold. Трансформанты были подвергнуты скринингу с ДНК miniprep, и желательная конструкция была подтверждена секвенированием ДНК. Конечные векторы, описанные выше, дают геы в конфигурациях или NTS_XTEN_чГР или NTS_XTEN_чГР_XTEN, под контролем промотора T7, как показано на фиг. 7C и 7D.

Пример 23. Очистка конструкций ГР-XTEN_AE.

Экспрессия белка.

Плазмиды, описанные выше, были трансформированы в BL21(DE3)-Gold штамм E.coli (Novagen) и помещены на LB-агаровую пластину с подходящими антибиотиками и выращивались ночь при температуре 37°C. Одна колония была инокулирована в 5 мл среды TB125 и выращивалась в течение ночи при температуре 37°C. На следующий день инокулят был трансформирован в сосуде емкостью 2 л с 500 мл среды TB125, и выращивался до достижения OD=0.6, затем продолжал расти при температуре 26°C в течение 16 ч с 0,1 мМ IPTG.

Клетки были собраны путем центрифугирования, и клеточный осадок ресуспендировали в 50 мл Буфера, содержавшего 5 мМ Трис pH 8.0, 100 мМ NaCl. Клетки были деструктированы, используя гомогенизатор APV-2000. pH лизата был доведен до pH 4,5 с помощью уксусной кислоты, чтобы осадить загрязняющие белки клетки-хозяина, и был последовательно осветлен путем центрифугирования. Осветленный, обработанный кислотой лизат был затем помещен в колонку DE52 анионообменной хроматографии и элюирован NaCl. Элюированная фракция была далее подкислена до pH 4.2 и нанесена на колонку MacroCapSP катионообменной хроматографии. Продукт был элюирован NaCl. Дополнительный шаг хроматографии использовал Macrocap Q, примененный для удаления связанных с продуктом агрегатов и остаточных примесей клеток-хозяев (например, эндотоксина, ДНК, белка клеток-хозяев).

Чистота белка была оценена величиной свыше 98%. Количество элюированного гибридного белка было определено путем электрофореза на полиакриламидном геле и путем измерения общей концентрации. Высокое количество элюированного гибридного белка ГР-XTEN отражает высокую степень растворимости гибридного белка относительно чГР, не связанного с XTEN (см., например, Singh, S.M., et al. (2005), J. Biosci Bioeng, 99: 303; Patra, A.K., et al. (2000), Protein Expr Purif, 18: 182), как и способность сохранять растворимость в условиях подкисления, которые приводят к осаждению белка клеток-хозяев.

Окончательное приготовление и хранение.

Прошедшие реакции буферного катионного обмена белки были затем концентрированы, используя 10K MWCO Vivacell 100 установку центрифужной ультрафильтрации до концентрации не менее чем 15 мг/мл. Концентрат был стерильно профильтрован, используя 0,22 нм шприцевой фильтр. Конечный раствор был расфасован аликвотами и хранился при температуре -80°C.

Пример 24. Изучение характеристик конструкций ГР-XTEN.

Электрофорез в полиакриламидном геле в присутствии додецилсульфата натрия 5 мкг конечного очищенного белка ГР-XTEN ГР, связанного с Y576 (или N- или С-концевой Y576) было подвергнуто несокращенному и сокращенному электрофорезу в полиакриламидном геле, используя NuPAGE 4-12% бис-Трис гель (Invitrogen), в соответствии со спецификациями производителя. Полученный в результате гель показан на фиг. 20.

Аналитическая эксклюзионная хроматография.

Эксклюзионная хроматография была выполнена с использованием колонки TSKGel-G4000 SWXL (7.8 мм×30 см). 20 мкг очищенного белка при концентрации 1 мг/мл были разделены в потоке 0.6 мл/мин в 20 мМ фосфате при pH 6.8, 114 мМ NaCl. Хроматографический профиль прослеживался, используя OD214нм и OD280нм. Калибровка колонки была выполнена, используя калибровочный стандарт для эксклюзионой хроматографии фирмы BioRad, маркеры включали тироглобулин (670 кДа), бычий гаммаглобулин (158 кДа), овальбумин цыпленка (44 кДа), лошадиный миоглобин (17 кДа) и витамин B12 (1,35 кДа). Хроматографические профили Y576-FP были созданы и показали, что кажущийся молекулярный вес каждой конструкции значительно больше, чем ожидаемый для глобулярного белка, по сравнению со стандартными белками, использованными в том же анализе (данные не показаны).

Аналитическая обращенно-фазовая ВЭЖХ.

Аналитическая обращенно-фазовая ВЭЖХ была выполнена, используя колонку C4 (7.8 мм×20 см). Колонка была уравновешена 100% Ацетоннитрилом с 0,1% TFA в подвижной фазе при скорости потока 1 мл/мин. Двадцать микрограммов очищенного белка, с денатурацией или без нее, при концентрации 0,2 мг/мл было инъецировано раздельно. Белок был разделен и элюирован линейным градиентом от 5% до 60% буфера, содержащего H20 (соответствующий стандарту ВЭЖХ) плюс 0,1% TFA, за 15 мин. Профили хроматограмм отслеживались, используя OD214нм и OD280нм. Хроматографические профили нативного и денатурированного Y576-FP показаны наложением на фиг. 21.

Пример 25. Иммуноферментный анализ (ИФА).

XTEN, гибридизированный с ГР, были протестированы стандартным иммуноферментным анализом, чтобы оценить ихх способность связываться с рецептором ГР. Анализ был проведен, используя формат сэндвича ИФА, в котором лунки планшета покрывают рекомбинантным рецептором чГР (чГР-Fc). Затем лунки были блокированы, отмыты, и затем проводилась инкубация образцов ГР-XTEN при различных разбавлениях, позволяющих улавливать ГР-XTEN. Лунки были обильно промыты, и связанный белок был определен, используя биотинилирование поликлональных или моноклональных анти-ГР или анти-ГР-XTEN антител, и стрептавидин HRP. Фракция связанного белка может быть рассчитана путем сопоставления колориметрического ответа при каждом разбавлении сыворотки и стандартной кривой не модифицированного ГР. В первом анализе сравниваемый чГР, связанный с K288, сравнивали с рекомбинантным чГР, результаты, показанные на фиг. 15, демонстрируют способность ГР-XTEN связываться с рецептором чГР. Во втором анализе две конфигурации ГР-XTEN; AM864-чГР и чГР-AM864; сравнивались с рекомбинантным чГР Результаты, показанные на фиг. 16, указывают на явные величины EC50 по отношению к нативному чГР, составляющие 0,0701 нМ, AM864-чГР составляет 0.3905, и чГР-AM864 составляет 2,733. В третьем опыте рекомбинантный чГР сравнивался с AE912-чГРAE144, чтобы показать способность уменьшать сродство при добавлении С-концевого XTEN к компоненту чГР гибридного белка ГР-XTEN, и результаты (фиг. 18) показывают уменьшение сродства к рецептору примерно в 17 раз по сравнению с чГР.

Пример 26. Влияние тепловой обработки на стабиольность чГР и ГР-XTEN.

Была исследована способность XTEN придавать структурную стабильность присоединенной терапевтической молекуле. Образцы чГР и AM864-чГР были инкубированы при температуре 25°C и 80°C, и затем проанализированы путем гель-электрофореза и окрашивания по Coomassie. фиг. 17A представляет результаты гель-электрофореза двух препаратов, выдержанных при температурах 25°C и 80°C в течение 15 мин, в то время как фиг. 17B показывает соответствующий процент активности связывания с рецептором образца, выдержанного при 80°C относительно образца, выдержанного при 25°C. Результаты указывают на то, что чГР подвергается денатурации при данных условиях обработки, тогда как конструкция ГР-XTEN сохраняет высокую стабильность при условиях эксперимента, удерживая примерно 80% активности связывания с рецептором.

Заключения. Компонент XTEN гибридного белка ГР-XTEN придает свойства увеличенной растворимости и стабильности гибридному белку по сравнению с чГР, не связанным с XTEN.

Пример 27. Сравнительные эффекты чГР и AM864-hGH на секрецию IGF-1.

Способность ГР-XTEN сохранять фармакологическую действенность была оценена с использованием измеряемого параметра циркулирующего IGF-1 в ответ на введение соединения. Фиг. 24 показывает эффекты ежедневного введения чГР (0,071 мг/кг в день) или единичной дозы AM864-чГР (5 мг/кг; эквивалентна 1,1 мг/кг) на уровни циркулирующего IGF-1 в организме обезьян макак (n=4/группу), изображенные как процент изменения по сравнению с базовой линией. Результаты показывают усиленную активность конструкции ГР-XTEN, несмотря на то, что доза была только однократно в начале эксперимента.

Пример 28. Сравнительные эффекты чГР и AM864-чГР на прирост массы тела.

Была оценена способность ГР-XTEN сохранять фармакологическую действенность, используя измеряемый параметр прирост массы тела гипоксированных крыс в ответ на введение соединения. Фиг. 25 показывает эффекты введения чГР или AM864-чГР в показательных дозах и частоты дозирования на массу тела гипоксированных крыс. Результаты показывают сохранение биологической активности конструкциями ГР-XTEN, которые эквиваленты по действенности сопоставимым дозам чГР, только с менее частым дозированием. Увеличенная доза AM864-чГР привела к увеличению приростов массы тела, показывая усиление фармакодинамических свойств ГР-XTEN по сравнению с чГР при тех же условиях.

Пример 29. Сравнительные эффекты чГР и AM864-чГР на костный хрящ.

Способность ГР-XTEN сохранять фармакологическую действенность была оценена, используя измеряемый параметр увеличение ширины эпифизарной пластины берцовой кости у гипоксированных крыс. Фиг. 26 показывает сравнительные эффекты от введения плацебо, чГР и AM864-чГР, показанные на гистологических срезах берцовой кости крыс через 9 дней после обработки, с краями, обведенными точечными линиями. Группы те же, что показаны на фиг. 26. Фиг. 26A показывает, что группа плацебо имела среднюю ширину сечения пластины 344±38.6 мкм после 9 дней. Фиг. 26B показывает, что группа чГР (Юмкг ежедневно) имела среднюю ширину сечения 598±8.5 мкм после 9 дней. Фиг. 26C показывает, что AM864-чГР (15 мг/кг раз в три дня) имела среднюю ширину сечения 944±8.5 мкм после 9 дней. Результаты показывают усиление активности конструкции, несмотря на введение доз с менее частыми интервалами.

Пример 30. Анализ ФК (фармакокинетических параметров) гибридных белков ГР-XTEN.

ГР-Y576 и Y576h-ГР (в этом случае указыванет на N- к С-концу порядок ГР и XTEN) были инъецированы обезьянам-макакам, чтобы определить in vivo фармакокинетические параметры. Композиции были представлены в водном буфере и были введены внутривенным путем отдельным животным в дозе

0,15 мг/кг. Образцы сыворотки были собраны в различные моменты времени после введения и проанализированы для определения концентраци в сыворотке введенных белков. Анализ был выполнен с использованием ИФА формата "сэндвич". Поликлональные антитела кролика анти-XTEN (по отношению к Y-типу XTEN) были нанесены на поверхность лунок планшета ИФА. Образцы сыворотки затем инкубировали в лунках при различных разбавлениях, чтобы уловить захват соединения покрывающими антителами. Лунки были затем обильно промыты, и связанный белок был определен, используя биотинилирование для подготовки поликлональных антител анти-XTEN и стрептавидин HRP. Концентрации белка в сыворотке были рассчитаны для каждой временной отметки путем сравнения колориметрического ответа при каждом разбавлении сыворотки и стандартной кривой. Фармакокинетические параметры были рассчитаны, используя пакет программного обеспечения WinNonLin.

Фиг. 22 показывает концентрационный профиль двух конструкций ГР, введенных внутривенно обезьянам-макакам. После IV введения, был рассчитан период полувыведения 7 ч для чГР-Y576 и 10,5 ч для Y576-чГР. Для ссылки, опубликованный период полувыведения немодифицированного ГР хорошо описан в литературе и составляет 10-15 мин в организме взрослых людей (см., например, Hindmarch, P.C., et al., Клиническая эндокринология (2008), 30(4): 443-450). Результаты показывают, что ориентация чГР, связанного с XTEN (N- против C-концевой) не оказывает эффекта на клиренс гибридных белков, и что добавление Y576 значительно удлиняет период полужизни гибридного белка.

Другое фармакокинетическое исследование обезьян-макак было выполнено, используя конструкцию AM864-чГР. Фиг. 23 показывает фармакокинетический профиль после единичной дозы 5 мг/кг AM864-чГР, введеной подкожно обезъянам-макакам, с выведенной эквивалентной концентрацией чГР, которая показана жирной линией.

Заключения. Компонент XTEN гибридного белка ГР-XTEN придает усиленные фармакокинетические свойства гибридному белку по сравнению с чГР, не связанным с XTEN, при тех же условиях.

Пример 31. Анализ ФК гибридных полипептидов чГР XTEN в организме крыс.

Гибридные белки ГР-XTEN AE912-чГР, AM864-чГР (синоним для AM875-чГР для этого и последующих примеров), AE912-чГР-AE144 и AE912-чГР-AE288 были оценены в организме крыс, чтобы определить in vivo фармакокинетические параметры полипептидов чГР-XTEN. Все композиции были предоставлены в водном буфере и введены подкожным путем отдельным животным, используя единичные дозы 1,5 мг/кг. Были собраны образцы плазмы в различные моменты времени после введения и проанализированы на содержание определяемых веществ. Анализ был выполнен с использованием ИФА формата "сэндвич". Лунки планшета были покрыты рекомбинантным рецептором чГР (чГР-Fc). Лунки были блокированы, промыты и образцы плазмы затем инкубировали в лунках при различных разбавлениях, чтобы уловить захват соединения покрывающими антителами. Лунки были затем обильно промыты, и связанный белок был определен, используя биотинилирование для подготовки поликлональных антител анти-чГР и стрептавидин HRP. Концентрации определяемого вещества были рассчитаны для каждой временной отметки путем сравнения колориметрического ответа при каждом разбавлении сыворотки и стандартной кривой. Фармакокинетические параметры были рассчитаны, используя пакет программного обеспечения WinNonLin.

На фиг. 27 показаны концентрационные профили четырех конструкций чГР XTEN после подкожного введения. Рассчитанный период полувыведения для AE912-чГР был 7,5 ч, 6,8 ч для AM864-чГР (синоним для AM875-чГР), 12,4 ч для AE912-чГР-AE144 и 13,1 ч для AE912-чГР-AE288. Для сравнения, немодифицированный чГР, использованный параллельно в таком же эксперименте, показал драматически более короткий период полувыведения.

Заключения. Введение различных последовательностей XTEN в гибридные белки, включающие чГР, приводит к значительному усилению фармакокинетических параметров для всех четырех композиций по сравнению с немодифицированным чГР, при тех же условиях, как показала модель с грызунами. Добавление второго белка XTEN к C-концу конструкций AE-чГР привело к дальнейшему увеличению периода полувыведения по сравнению с конструкциями с одним XTEN; по-видимому, благодаря снижению рецептор-опосредованного клиренса.

Пример 32. Анализ ФК гибридных полипептидов чГР-XTEN в организме обезьян макак.

Гибридные белки ГР-XTEN, содержащие одну или две молекулы XTEN (AE912-чГР, AM864-чГР, и AE912-чГР-AE144) были оценены в организме обезьян-макак, чтобы определить эффект включения второго XTEN на in vivo фармакокинетические параметры полипептидов чГР-XTEN. Все композиции были предоставлены в водном буфере и были введены подкожным путем отдельным животным, используя единичные дозы 1,5 мг/кг. Были собраны образцы плазмы в различные моменты времени после введения и проанализированы на содержание определяемых веществ. Анализ был выполнен с использованием ИФА формата "сэндвич". Лунки планшета были покрыты рекомбинантным рецептором чГР (чГР-Fc). Лунки были блокированы, промыты, и образцы плазмы затем инкубировали в лунках при различных разбавлениях, чтобы уловить захват соединения покрывающими антителами. Лунки были затем обильно промыты, и связанный белок был определен, используя биотинилирование для подготовки поликлональных антител анти-чГР и стрептавидин HRP. Концентрации определяемого вещества были рассчитаны для каждой временной отметки путем сравнения колориметрического ответа при каждом разбавлении

сыворотки и стандартной кривой. Фармакокинетические параметры были рассчитаны, используя пакет программного обеспечения WinNonLi, и фиг. 28 показывает концентрационные профили трех конструкций чГР-XTEN после подкожного введения по истечении периода 336 ч. Средний период полувыведения для гибридных белков составлял 33 ч для AM864-чГР, 44 ч для AE912-чГР и 110 ч для AE912-чГР-AE 144 (содержащих два XTEN, присоединенных к N- и C-концам чГР).

Заключения. Введение различных последовательностей XTEN в гибридные белки, включающие чГР, приводит к значительному усилению фармакокинетических параметров для всех трех композиций при тех же условиях, как показала модель с макаками; сравнение с конструкцией, содержащей второй XTEN, присоединенный к C-концу чГР, показывает увеличение более чем в два раза периода полувыведения по сравнению с конструкциями с одним XTEN на N-конце.

Пример 33. Оценка фармакодинамических эффектов AE912-чГР-AE144 ГР-XTEN путем измерения ответа IGF-1 в организме обезьян-макак.

AE912-чГР-AE144 был введен самцу и самке макак подкожно (ПК) в количествах 0,3, 1,5 и 7,5 мг/кг и объемах дозы в диапазоне от 0,80 до 1,13 мл. Образцы крови (1,0 мл) были собраны в предварительно гепаринизированные пробирки до введения, 2, 4, 8, 24, 48, 72, 96, 120, 168, 216, 264, 336, 388, 432, 504 ч после введения как временные метки (16), и обработаны плазмой. ФК были измерены посредством ИФА, используя для захвата антитела анти-XTEN и биотинилированные анти-чГР для детекции. Образцы IGF-1 были отправлены и проанализированы Millipore. Фармакокинетические параметры были рассчитаны, используя пакет программного обеспечения WinNonLi, и показаны в таблице внизу. Концентрационные профили в плазме трех доз ГР-XTEN и уровни IGF-1 показаны на фиг. 29 и 30 соответственно IGF-1 (открытые кружки = 0,3 мг/кг; квадраты =1,5 мг/кг; треугольники = 7,5 мг/кг). Результаты показывают, что введение AE912-чГР-AE144 приводит к устойчивому увеличению уровней IGF-1, связанного с обоими биологическими путями действия гормона роста, и продолжительному периоду полувыведения в плазме AE912-чГР-AE144.

Таблица 22

ФК параметры в организме обезьян-макак

	0,3 мг/кг	**1,5 мг/кг**	**7,5 мг/кг**
Путь	ПК	ПК	ПК
T ½ (ч)	84.4	97.5	101.1
Cmax (нМ)	41	910	340
AUC (нМ*ч)	5,170	162,000	64,100

Пример 34. Сравнительная биодоступность AE912-чГР-AE144 при подкожном и внутримышечном введении обезьянам-макакам.

AE912-чГР-AE144 был введен самцу и самке макак из расчета 1,5 мг/кг внутривенным (ВВ), подкожным и внутримышечным (ВМ) путями. Образцы крови (1.0 мл) были собраны в предварительно гепаринизированные пробирки до введения, 2, 4, 8, 24, 48, 72, 96, 120, 168, 216, 264, 336, 388, 432, 504 ч после введения как временные метки (16), и обработаны плазмой. Уровни в плазме в каждой временной точке были измерены путем ИФА, используя анти-XTEN улавливающее антитело и биотинилированные анти-чГР для детекции. ФК и биодоступность были рассчитаны, используя пакет программного обеспечения WinNonLi, и показаны в таблице ниже. Концентрационные профили в плазме показаны на фиг. 31 (открытые кружки = подкожное введение; треугольники = ВВ; квадраты = внутримышечное введение). Биодоступность была рассчитана с использованием площади под кривой (AUC) для внутривенного введения, и оказалась близка к 100%. Результаты показывают, что AE912-чГР-AE144 проявляет высокую биодоступность и распределяется быстро от места инъекции в разные отделы кровеносной системы после инъекции.

Таблица 23

ФК параметры в организме обезьян-макак

	1,5 мг/кг	**1,5 мг/кг**	**1,5 мг/кг**
Путь	ПК	ВВ	ВМ
T ½ (ч)	97.5	107.7	102.2
Cmax (нМ)	910	462	245
AUC (нМ*ч)	162,000	60,300	43,200
Биодоступность	~100%	100%	72%

Пример 35. Определение терапевтического окна для AE912-чГР-AE144.

Специфическая активность ГР-XTEN AE912-чГР-AE144 была оценена, используя измеренный параметр прироста массы тела гипофизэктомированных (гипоксированных) крыс в ответ на введение соединения. Фиг. 32 показывает эффекты введения носителя (открытые кружки), рекомбинантного чГР в дозе 5 нмоль/кг/день (закрытые кружки), ГР-XTEN AE912-чГР-AE144 в различных дозах и при разной

частоте дозирования (закрытые треугольники = 0,5 нмоль/кг/день; открытые треугольники =1,5 нмоль/день; квадраты = 3 нмоль/кг/2 дня) на массу тела гипоксированных крыс. Результаты показывают, что доза ГР-XTEN AE912-чГР-AE144 столь низкая как 1,5 нмоль/кг/день дает сопоставимый рост по сравнению с одним чГР. Однако более низкая доза 0,5 нмоль/кг/день не усиливает рост этихживотных. Основываясь на фармакокинетических профилях, определенных в организме крыс, была построена модель для уровней в плазме после повторного дозирования, как показано на фиг. 33 (отдельные группы как на фиг. 32). Модель ясно дифференцирует эффективность доз, начиная с не-эффективной более низкой дозы. Результаты показывают, что концентрации в плазме AE912-чГР-AE144 в общем должны оставаться выше примерно 1 нмоль/л, чтобы поддерживать оптимальный рост в модели с гипофизэктомированными крысами.

Пример 36. Клинические испытания на человеке, проведенные для оценки ГР-XTEN.

Клинические испытания могут быть организованы так, что эффективность и преимущества композиций ГР-XTEN, относительно соответствующего гормона роста биологического происхождения, могут быть верифицированы на людях. Например, гибридные конструкции ГР-XTEN, включающие гормон роста, как описано в примерах выше, могут быть использованы в клинических испытаниях для характеристики эффективности этих композиций. Испытания могут быть проведены в случае одного или более связанных с гормоном роста заболеваний, расстройств или состояний, которые могут быть улучшены, смягчены или ингибированы путем введения гормона роста. Такие исследования на взрослых пациентах включают три фазы. Первое, Фаза 1 - изучение безопасности и фармакокинетики у взрослых пациентов проводится, чтобы определить максимальную допустимую дозу, фармакокинетику и фармакодинамику в людях (или нормальных субъектах, или пациентах с заболеванием или состоянием, связанным с ростом), как идля того, чтобы определить потенциальную токсичность и неблагоприятные явления, которые должны быть отслежены в будущих исследованиях. Изучение проводится в таких единичных возрастающих дозах композиции, которые вводятся с последующим измерением биохимических, ФК и клинических парметров. Это позволяет определит максимально допустимую дозу и установить пороговую и максимальную концентрацию в дозе и циркулирующем лекарстве, что создает терапевтическое окно для соответстующих компонентов. После этого клинические испытания проводятся на пациентах с заболеванием, расстройством или состоянием.

Фазы II и III клинических испытаний.

Фаза II изучения дозирования, где изучается фармакодинамика и другие физиологические показатели гормона роста в крови, ФК, безопасность и клинические параметры (такие как перечислены ниже), проводится на пациентах, подходящих для клинических испытаний, с такими заболеваниями как обратимая низкорослость из-за дефицита гормона роста у пациентов-детей, лечение синдрома Тернера, хронической почечной недостаточности, синдрома Прадера-Вилли, внутриутробной задержки роста, или улучшение состава массы тела (увеличение безжировой массы тела, уменьшение массы жира) у взрослых пациентов (таких как HIV+ или пациенты с приобретенной опухолью гипофиза). Параметры и клинические целевые точки измеряются как функции от дозирования композиций гибридных белков, давая информацию о диапазоне доз для следующей, Фазы III испытаний, в дополнение к сбору информации о безопасности и неблагоприятных явлениях. ФК параметры коррелируют с физиологическими, клиническими и параметрами безопасности, чтобы установить терапевтическое окно или терапевтический режим дозирования для композиции ГР-XTEN, позволяя врачу установить подходящие диапазоны доз для композиции ГР-XTEN. Наконец, в фазе III изучение эффективности проводится там, где пациентам будут вводить композицию ГР-XTEN в режиме дозирования, при позитивном контроле (таком, как коммерчески доступный, официально одобренный гормон роста) или плацебо, вводимые ежедневно или используя другой график дозирования, считающийся приемлемым, с точки зрения данных фармакокинетических и фармакодинамических свойств контрольной композиции, со всеми агентами, введенными за период времени подходящей протяженности, для достижения целей исследования. Параметры, мониторинг которых может проводиться, включают ГР, IGF-1, и концентрации IGFBP3, изменения скорости роста, массы тела без жира, общей массы жира, жира туловища, параметров, связанных с синдромом устойчивости к инсулину, измерение скорости деления и размножения хондроцитов, и/или изменение плотности костей, и/или костного роста; параметры, которые должны прослеживаться относительно плацебо или позитивной контрольной группы. Выходы эффективности будут определяться, используя стандартные статистические методы. Токсичность и маркеры неблагоприятных событий также будут прослеживаться в этом исследовании, чтобы подтвердить, что соединение безопасно, когда используется описанным образом.

Пример 37. Аналитическая эксклюзионная хроматография гибридных белков XTEN fc с различными полезными нагрузками.

Эксклюзионная хроматография была выполнена на гибридных белках, содержащих различные терапевтические белки, и лишенных структуры рекомбинантных белках увеличенной длины. Примерный анализ использовал колонку TSKGel-G4000 SWXL (7.8 мм×30 см), в которой 40 мкг очищенного гибридного белка глюкагона при концентрации 1 мг/мл было разделено при скорости потока 0.6 мл/мин в 20 мМ фосфатном буфере pH 6.8, 114 мМ NaCl. Хроматографические профили были изучены, используя OD214нм и OD280нм. Калибровка колонки для всех анализов была проведена с использованием стан-

дарта для эксклюзионной хроматографии фирмы BioRad; маркеры включали тироглобулин (670 кДа), бычий гамма-глобулин (158 кДа), овальбумин цыпленка (44 кДа), лошадиный миоглобин (17 кДа) и витамин B12 (1,35 кДа). Репрезентативные хроматографические профили Glucagon-Y288, Glucagon-Y144, Glucagon-Y72, Glucagon-Y36 Y576-FP показаны наложением на фиг. 34. Данные показывают, что кажущийся молекулярный вес каждой конструкции пропорционален длине прикрепленной последовательности XTEN. Однако, данные также показывают, что кажущийся молекулярный вес каждой конструкции значительно больше, чем ожидался бы у глобулярного белка (как показано путем сравнения со стандартными белками, прошедшими тот же анализ). Базируясь на результатах эксклюзионной хроматографии, для оценки всех конструкций, включая композицию ГР.XTEN, величины кажущегося молекулярного веса, фактора кажущегося молекулярного веса (выражающегося отношением кажущегося молекулярного веса к вычисленному молекулярному весу) и гидродинамический радиус (R_H в нм) показаны в табл. 24. Результаты указывают, что включение различных XTEN по 576 аминокислот или больше придает кажущийся молекулярный вес гибридному белку примерно от 339 кДа до 760, и XTEN длиной в 864 аминокислоты или больше придает кажущийся молекулярный вес более чем примерно 800 кДа. Результаты пропорционального увеличения кажущегося молекулярного веса по отношению к действительному молекулярному весу имеют последовательный характер для гибридных белков, созданных с XTEN из нескольких различных семейств мотивов; т.е., AD, AE, AF, AG, и AM, с увеличением по меньшей мере в 4 раза до величины столь высокой, как в 17 раз. Дополнительно, включение гибридных партнеров XTEN с 576 аминокислотами или больше в гибридные белки с различными полезными нагрузками (и 288 остатками в случае глюкагона, присоединенного к Y288) приводит к гидродинамическому радиусу в 7 нм или больше, это превышает размер гломерулярных пор. С размером 3-5 нм. Соответственно, ожидается, что гибридные белки, включающие гормон роста и XTEN имеют сниженный почечный клиренс, что вносит вклад в увеличение периода полувыведения и улучшение терапевтических или биологических эффектов относительно соответствующего не-гибридизированного биологического полезного белка.

Таблица 24

Результаты эксклюзионной хроматографии различных полипептидов

Название конструкции	XTEN или гибридный партнер	Терапевтический белок	Действительный МВ (кДа)	Кажущийся МВ (кДа)	Фактор кажущегося молекулярного веса	R_H(нм)
AC14	Y288	Глюкагон	28.7	370	12.9	7.0
AC28	Y144	Глюкагон	16.1	117	7.3	5.0
AC34	Y72	Глюкагон	9.9	58.6	5.9	3.8
AC33	Y36	Глюкагон	6.8	29.4	4.3	2.6
AC89	AF120	Глюкагон	14.1	76.4	5.4	4.3
AC88	AF108	Глюкагон	13.1	61.2	4.7	3.9
AC73	AF144	Глюкагон	16.3	95.2	5.8	4.7
AC53	AG576	GFP	74.9	339	4.5	7.0
AC39	AD576	GFP	76.4	546	7.1	7.7
AC41	AE576	GFP	80.4	760	9.5	8.3
AC52	AF576	GFP	78.3	526	6.7	7.6
AC85	AE864	Эксендин-4	83.6	938	11.2	8.9
AC114	AM875	Эксендин-4	82.4	1344	16.3	9.4
AC143	AM875	чГР	100.6	846	8.4	8.7
AC227	AM875	IL-1ra	95.4	1103	11.6	9.2
AC228	AM1318	IL-1ra	134.8	2286	17.0	10,5

Пример 38. Фармакокинетика вытянутых полипептидов, присоединенных к GFP в организме обезьян-макак.

Фармакокинетика GFP-L288, GFP-L576, GFP-XTEN_AF576, GFP-XTEN_Y576 и XTEN_AD836-GFP была протестирована на обезьянах-макаках, чтобы определить эффект композиции и длины бесструктурного полипептида на ФК параметры. Образцы крови отбирали в различное время после инъекции и концентрация GFP в плазме и была измерена путем ИФА. Используя поликлональное антитело против GFP для захвата и биотинилированную подготовку для такого же поликлонального антитела для детекции. Результаты суммированы в фиг. 35. Они показывают неожиданное увеличение периода полувыведения с увеличением длины последовательности XTEN. Например, период полувыведения 10 ч был определен для GFP-XTEN_L288 (с 288 аминокислотными остатками в XTEN). Удвоение длины бесструктурного полипептидного партнера по гибридизации до 576 аминокислот увеличило период полувыведения до 20-22 ч для многих гибридных белковых конструкций; т.е., GFP-XTEN_L576, GFP-XTEN_AF576, GFP-XTEN_Y576. Дальнейшее увеличение длины бесструктурного полипептидного партнера по гибридизации до 836 остатков приводит к периоду полувыведения 72-75 ч для XTEN_AD836-GFP. Таким образом, увеличение длины полимера с 288 остатков до 576 остатков увеличило in vivo период полувыведения примерно на 10 ч. Однако увеличение длины полипептида на 260 остатков с 576 остатков до 836 остатков увеличило период полувыведения более чем на 50 ч. Эти результаты показывают, что сущест-

вует неожиданный порог длины бесструктурного полипептида, который приводит к более чем пропорциональному приросту in vivo периода полувыведения. Таким образом, гибридные белки, включающие вытянутые, бесструктурные полипетиды, как ожидается, должны иметь свойство усиленной фармакокинетики по сравнению с полипептидами более короткой длины.

Пример 39. Сывороточная устойчивость XTEN.

Гибридный белок, содержащий XTEN_AE864, присоединенный к N-концу GFP был инкубирован в плазме обезьяны и почечном лизате крысы вплоть до 7 дней при 37°C. Образцы были отобраны в начальный момент, в первый день и на седьмой день и проанализированы путем электрофореза в полиакриламидном геле, последующей детекцией, используя Вестерн-анализ и детекцию с антителами против GFP, как показано на фиг. 14. Последовательность XTEN_AE864 показала незначительные признаки деградации по истечении 7 дней в плазме. Однако XTEN_AE864 была быстро деградирована в лизате почек крысы по истечении 3 дней. Стабильность in vivo гибридного белка была протестирована в образцах плазмы, где GFP_AE864 был осажден иммунным путем и проанализирован методом электрофореза в полиакриламидном геле, как описано выше. Образцы, которые были отобраны вплоть до 7 дней после инъекции, показали очень немного признаков деградации. Результаты показывают устойчивость ГР-XTEN к деградации из-за сывороточных протеаз; фактор усиления фармакокинетических свойств гибридных белков ГР-XTEN.

Пример 40. Анализ ФК гибридного белка Ex4-XTEN во множестве видов и предсказанный период полувыведения у человека.

Чтобы определить предсказанный фармакокинетический профиль терапевтического белка, присоединенного к XTEN, у людей, выполнялось исследование с использованием эксендина-4, соединенного с AE864 XTEN как единый гибридный полипептид. Конструкция Ex4-XTEN была введена четырем различным видам животных в количестве 0,5-1,0 мг/кг, подкожным и внутривенным путями. Образцы сыворотки были собраны с интервалами после введения, при определении концентраций в сыворотке, используя стандартные методы. Был определен период полувыведения для каждого вида и отображен в табл. 25. Результаты были использованы для предсказания периода полувыведения у человека, используя аллометрическое масштабирование периода полувыведения, объемного распределения, уровней клиренса на основе средней массы тела. фиг. 36A показывает график измеренного периода полувыведения против массы тела видов животных, с предсказанным $T_{1/2}$ у человека с массой тела 75 кг, составляющим 140 ч, по сравнению с периодом полувыведения эксенатида, составляющим, согласно сообщению (Bond, A. Proc (Bayl Univ Med Cent) 19(3): 281-284. (2006)) 2.4 ч. Фиг. 36B показывает измеренный клирен лекарственные средства против массы тела, с предсказанным уровнем клиренса 30 мл/ч для человека с массой тела 75 кг. Фиг. 36C показывает измеренный объем распределения против массы тела, с предсказанным значением 5970 мл у человека с массой тела 75 кг.

Заключения. Из результатов можно заключить, что добавление XTEN к глюкозо-регулирующему пептиду, такому как эксендин-4, может значительно увеличить период полувыведения по сравнению с пептидом, не связанным с XTEN.

Таблица 25

Период полувыведения Ex4-XTEN

Виды	**Период полувыведения- (ч)**
Мышь	13.5
Крыса	31.7
Обезьяна	60.7
Собака	72.8
Человек	140*

* Предсказанное значение, основанное на аллометрическом масштабировании.

Пример 41. Увеличение растворимости и стабильности пептидной полезной нагрузки благодаря соединению с XTEN.

Чтобы оценить способность XTEN усиливать физические/химические свойства растворимости и стабтильности, гибридные белки глюкагон плюс XTEN короткой длины были подготовлены и оценены. Образцы для тестирования были приготовлены в Трис-буферном солевом растворе при нейтральном pH, и характеристика раствора Gcg-XTEN была получена путем обращенно-фазовой ВЭЖХ и эксклюзионной хроматографии, чтобы подтвердить, что белок был гомогенным и не агрегированным в растворе. Данные представлены в табл. 26. Для целей сравнения, был измерен предел растворимости не модифицированного глюкагона в ом же буфере, составивший 60 мкМ (0.2 мг/мл), и результат показывает, что для всех длин добавленных последовательностей XTEN было достигнуто существенное увеличение растворимости. Важно, что в большинстве случаев гибридные белки глюкагон-XTEN были приготовлены для достижения целевых концентраций и не было попытки оценить пределы максимальной растворимо-

сти данной конструкции. Однако, в случае глюкагона, присоединенного к AF-144 XTEN, предел растворимости был определен, и в результате достигнуто увеличения растворимости в 60-раз, по сравнению с глюкагоном, не связанным с XTEN. Дополнительно, была оценена стабильность глюкагон-AP144 GHX-TEN и было обнаружено, что он оставался стабильным в жидком препарате по меньшей мере 6 месяцев в условиях холодильника и примерно один месяц при 37°C (данные не показаны).

Заключения. Данные поддерживают заключение, что присоединение полипептидов XTEN короткой длины к биологически активному белку, такому как глюкагон, может значительно усилить свойства растворимости белка посредством большей растворимости результирующего гибридного белка, и придает стабильность при более высокой концентрации.

Таблица 26

Растворимость конструкций глюкагон-XTEN

Тестовый образец	Растворимость
Глюкагон	60 мкМ
Глюкагон-Y36	>370 мкМ
Глюкагон-Y72	>293 мкМ
Глюкагон-AF108	>145 мкМ
Глюкагон-AF120	>160 мкМ
Глюкагон-Y144	>497 мкМ
Глюкагон-AE144	>467 мкМ
Глюкагон-AF144	>3600мкМ
Глюкагон-Y288	>163 мкМ

Пример 42. Характеристика вторичной структуры гибридного белка XTEN.

Гибридный белок Ex4-AE864 был оценен по степени выраженности вторичной структуры путем спектроскопиии кругового дихроизма. Спектроскопия КД была выполнена на спектрополяриметре Jasco J-715 (Jasco Corporation, Токио, Япония), оборудованном контроллером температуры Jasco Peltier (TPC-348WI). Концентрация белка была доведена до 0,2 мг/мл в 20 мМ фосфате натрия с pH 7.0, 50 мМ NaCl. Эксперименты были проведены, используя кварцевые ячейки HELLMA с оптической длиной 0,1 см. КД-спектроскопия была проведена при углах 5, 25, 45 и 65°C с использованием J-700 версии 1.08.01 (Build 1) Jasco ПО для Windows. Образцы были уравновешены при каждой температуре в течение 5 мин перед осуществлением измерений КД. Все спектры были записаны в двойной повторности с 300 нм до 185 нм, используя ширину полосы 1 нм константу времени 2 сек., при скорости сканирования 100 нм/мин. Спектр КД показан на фиг. 37, показывающей отсутствие признаков стабильной вторичной структуры и консистенцию лишенного структуры полипетида.

Пример 43. Поиск вторичной структуры последовательностей способом предсказательных алгоритмов.

Аминокислотные последовательности могут быть оценены в отношении вторичной структуры с применением определенных компьютерных программ или алгоритмов, таких как хорошо известный алгоритм Чоу-Фасмана (Chou, P.Y., et al. (1974), Биохимия, 13: 222-45) и алгоритм Garnier-Osguthorpe-Robson, или метод "GOR" (Gamier J, Gibrat JF, Robson B. (1996). Метод GOR для предсказания вторичной структуры белка, исходя из аминокислотной последовательности. (Methods Enzymol 266:540-553). Для данной последовательности алгоритмы могут предсказать, существует ли некоторая вторичная структура или она отсутствует вообще, выражая результат в общем содержании или проценте остатков последовательности, которые формируют, например, альфа-спирали или бета-листы или процент остатков последовательности, предсказывающих наличие случайной клубковой формации.

Некоторые репрезентативные последовательности из "семейств" XTEN были изучены, используя два алгоритма - алгоритм Чоу-Фасмана и метод GOR, чтобы определить степень вторичной структуры этих последовательностей. Инструмент Чоу-Фасмана был предоставлен William R. Pearson и университетом Вирджинии, на "Biosupport" интернет-сайте, URL размещен в World Wide Web по адресу: .fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_www.cgi?rm=miscl как это существовало на 19 июня 2009 года. Инструмент GOR был предоставлен Pole Informatique Lyonnais в Network Protein Sequence Analysis internet site, URL расположенном на World Wide Web по адресу:.npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/secpred_gor4.pl как это существовало на 19 июня 2008 г.

На первом шаге анализа одна последовательность XTEN была проанализирована в двух алгоритмах. Композиция AE864 представляет собой XTEN с 864 аминокислотными остатками, созданная из множеств копий четырех 12-аминокислотных мотивов последовательности, состоящих из аминокислот G, S, T, E, P, и A. Мотивы последовательности охарактеризованы фактом, что существует ограниченная повторяемость внутри мотивов и внутри последовательности в целом, где последовательность из любых двух смежных аминокислот не повторяется более чем дважды в любом одном 12-аминокислотном мотиве, и что нет трех смежных аминокислот в полноразмерной последовательности XTEN, которые идентичны. Достаточно длинные части последовательности AF 864 с N-конца были проанализированы алго-

ритмами Чоу-Фасмана и GOR (позднее требуется минимальная длина 17 аминокислот). Последовательность был проанализирована путем входа в FASTA format sequences, в инструменты предсказания и прохождения процедуры анализа. Результаты анализа представлены в табл. 27.

Результаты указывают на то, что согласно вычислениям Чоу-Фасмана, четыре мотива семейства AE (табл. 1) не имеют ни альфа-спиралей, ни бета-листов. Последовательность до 288 остатков была сходным образом найдена не имеющей ни альфа-спиралей, ни бета-листов. Последовательность из 432 остатков, согласно предсказанию, должна иметь малую долю вторичной структуры, с только двумя аминокислотами, которые вносят вклад в формирование альфа-спиралей с общим процентом 0,5%. Полноразмерный полипептид AF864 имеет те же две аминокислоты, которые вносят вклад в формирование альфа-спиралей с общим процентом 0.2%. Расчеты для случайной клубковой формации выявили, что с увеличением длины последовательности процент случайной клубковой формации увеличивается. Первые 24 аминокислоты последовательности имели 91% случайной клубковой формации, который увеличивается с увеличением длины последовательности до 99.77% для полноразмерной последовательности.

Многочисленные последовательности XTEN длиной 500 аминокислот или длиннее из других семейств мотивов были также проанализированы и выявлено, что большинство имеет больше чем 95% случайной клубковой формации. Исключениями являются те последовательности, где присутствуют один или более случаев трех смежных остатков серина, которые приводят к предсказанию формирования бета-листов. Однако, даже эти последовательности все еще имеют примерно 99% случайной клубковой формации.

В противоположность, полипептидные последовательности из 84 остатков, ограниченные аминокислотами A, S и P были проанализированы по алгоритму Чоу-Фасмана, который предсказал высокую степень альфа-спиралей. Последовательность, которая имееет многократный повтор "AA" "AAA" последовательностей, имеет общий предсказанный процент структуры альфа-спиралей 69%. Алгоритм GOR предсказывает 78.57% случайной клубковой формации; гораздо меньше, чем любая последовательность, состоящая из 12 аминокислотных мотивов, состоящих из G, S, T, E, P, проанализированная в настоящем примере.

Заключения. Анализ поддержал заключение, что: 1) XTEN, созданный из множества мотивов последовательностей из G, S, T, E, P, и A, которые имеют ограниченную степень повторяемости по отношению к смежным аминокислотам, согласно предсказанию, имеют низкое количество альфа-спиралей и бета-листов; 2) что увеличение длины последовательности XTEN не увеличивает заметно возможности формирования альфа-спиралей и бета-листов; и 3) прогрессивное увеличение длины последовательности XTEN путем добавления не повторяющихся 12-меров, состоящих из аминокислот G, S, T, E, P, и A, приводит к увеличению процента случайной клубковой конформации. В противоположность этому, полипептиды, созданные из аминокислот, ограниченных A, S и P, которые имеют высокую степень внутренней повторяемости, согласно предсказанию алгоритма Чоу-Фасмана, будут иметь высокий процент альфа-спиралей, как и случайной клубковой формации. На основе оцененных этими методами многочисленных последовательностей, было заключено, что XTEN создан из мотивов последовательностей из G, S, T, E, P, и A, которые имеют ограниченную повторяемость (определенную как не более чем две идентичных смежных аминокислоты в любом из мотивов), более чем примерно 400 аминокислотных остатков в длину как ожидается, имеют очень ограниченную степень вторичной структуры. За исключением мотивов, которые содержат три смежных остатка серина, можно быть уверенным, что любой порядок или комбинация мотивов последовательности из табл. 1 могут быть использованы для создания полипептида XTEN длиной более чем примерно 400 остатков, который будет приводить в результате, к последовательности XTEN, по существу лишенной вторичной структуры. Такие последовательности, как ожидается, должны иметь характеристики, описывающие ГР-XTEN вариантов изобретения, раскрытого в настоящем документе.

Таблица 27

ЧОУ-ФАСМАН и GOR предсказательные вычисления для полипептидных последовательностей

Название SEQ	**Последовательность**	**Номера остатков**	**Вычисления по Чоу-Фасман**	**Вычисления по GOR**
	GSTSESPSGTAP	12	Общий остаток*: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	Не определено
	GTS TPESGSASP	12	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	Не определено
	GTSPSGESSTAP	12	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	Не определено
	GSTSSTAESPGP	12	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	Не определено
	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGP	24	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	91.67 %
	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAP	36	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	94.44%
	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE	48	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	93.75%
	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAP	60	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	96.67%
	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSE TPGSEPATSGSETP	108	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	97.22%
	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAP	216	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	99.07%
	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	432	Общий остаток: H: 2 E: 3 процент: H: 0,5 E : 0.7	99.54%
AE864	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA	864	Общий остаток: H: 2 E: 3 процент: H: 0.2 E: 0.3	99.77%

	PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSET PGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAP			
AD 576	GSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSG SSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSS ESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSE SGSSEGGPGESPGGSSGSESGSEGS SGPGESSGSSESGSSEGGPGSSESGS SEGGPGSSESGSSEGGPGSGGEPSE SGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSG SESGSGGEPSESGSSGSSESGSSEG GPGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGS SGSEGSSGPGESSGESPGGSSGSES GSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSG SGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGE SPGGSSGSESGESPGGSSGSESGESP GGSSGSESGESPGGSSGSESGESPG GSSGSESGSSESGSSEGGPGSGGEP SESGSSGSEGSSGPGESSGSSESGSS EGGPGSGGEPSESGSSGSSESGSSE GGPGSGGEPSESGSSGESPGGSSGS ESGESPGGSSGSESGSSESGSSEGG PGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGP GSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSG ESPGGSSGSESGSEGSSGPGESSGSS ESGSSEGGPGSEGSSGPGESS	576	Общий остаток: H: 7 E: 0 процент: H: 1.2 E: 0,0	99.65%
AE576	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS	576	Общий остаток: H: 2 E: 0 процент: H: 0.4 E: 0,0	99.65%

	APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTE7EGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAP			
AF540	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGS TSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGSTS STAESPGPGTSTPESGSASPGSTSES PSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPS GTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESST APGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGS TSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTST PESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPE SGSASPGSTSSTAESPGPGSTSSTAE SPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSA SPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGS TSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTS STAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPE SGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPS GTAPGTSTPESGSASPGSTSESPSGT APGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP GTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGT SPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTST PESGSASPGSTSESPSGTAP	540	Общий остаток: H: 2 E: 0 процент: H: 0.4 E: 0,0	99.65
AF504	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPG SSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGSNPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTA SSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GSNPSASTGTGPGSSPSASTGTGPG SSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGT SSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGT ASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATG SPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG	504	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	94.44%

	SSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGASPGTSSTGSP			
AE864	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSET PGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	864	Общий остаток: H: 2 E: 3 процент: H: 0.2 E: 0.4	99.77%
AF864	GSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGS TSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTST PESGSASPGTSTPESGSASPGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGES STAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESST APGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGP GTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGS TSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTST PESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSES PSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAE SPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGT APGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGP GTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGS TSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTS STAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSG ESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPS GTAPGTSTPESGPXXXGASASGAP STXXXXSESPSGTAPGSTSESPSGT APGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGT	875	Общий остаток: H: 2 E: 0 процент: H: 0.2 E: 0,0	95.20%

	STPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSP SGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSG ESSTAPGTSTPESGSASPGSTSESPS GTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESST APGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGT STPESGSASPGSTSSTAESPGPGSTS ESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSG ESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGES STAPGTSTPESGSASPGTSPSGESST APGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAP GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGT SPSGESSTAPGSSPSASTGTGPGSST PSGATGSPGSSTPSGATGSP			
AG864	GGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTG TGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGSPGSNPSASTGTG PGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGT PGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGAS PGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTP SGATGSPGSNPSASTGTGPGSSPSA STGT7GPGSSTPSGATGSPGSSTPSG ATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS SSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGS PGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGP GTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSS TPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS SSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGS PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGT PGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSST PSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPS ASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSG TASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAST GTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATG SPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP GSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGA SPGTSSTGSP	868	Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0,0 E: 0,0	94.70%
AM875	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPG SPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTS TPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSE SPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPES GSASPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSTEPSEGSA	875	Общий остаток: H: 7 E: 3 процент: H: 0.8 E: 0.3	98.63%

	PGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGA TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GASASGAPSTGGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSTS STAESPGPGSTSESPSGTAPGTSPSG ESSTAPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP GTSPSGESSTAPGSEPATSGSETPGS EPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSTS STAESPGPGTSTPESGSASPGSTSES PSGTAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSSTPSGAT GSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTG SPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAP			
AM1318	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPG SPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTS TPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSE SPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPES GSASPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGA TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GPEPTGPAPSGGSEPATSGSETPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSP TSTEEGSPAGSPTSTEEGSTSSTAES PGPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTA PGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPG TSPSGESSTAPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA	1318	Общий остаток: H: 7 E: 0 процент: H: 0.7 E: 0,0	99.17%

	TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSPSGES STAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESST APGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTE EGTSTEPSEGSAPGSSPSASTGTGP GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPG SSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGA SPGTSSTGSPGASASGAPSTGGTSP SGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSG ESSTAPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSSPSASTG TGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTG SPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAP GTSPSGESSTAPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSTS ESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPE SGSASPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPG SSTPSGATGSPGSTSESPSGTAPGTS PSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSSTP SGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSG TASSSPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAP			
AM923	MAEPAGSPTSTEEGASPGTSSTGSP GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPG TSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTP ESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESP SGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGS ASPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSESATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATS GSETPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGA TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GASASGAPSTGGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSTS STAESPGPGSTSESPSGTAPGTSPSG ESSTAPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP GTSPSGESSTAPGSEPATSGSETPGS EPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSTS STAESPGPGTSTPESGSASPGSTSES PSGTAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSSTPSGAT GSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTG	924	Общий остаток: H: 4 E: 3 процент: H: 0.4 E: 0.3	98.70%

	SPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAP			
AE912	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPG SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGSEPATS GSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSET PGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	913	Общий остаток: H: 8 E: 3 процент: H: 0.9 E: 0.3	99.45%
BC 864	GTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAG SEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGSE PATSGTEPSGSEPATSGTEPSGSEP ATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEP SEPGSAGSEPATSGTEPSGTSTEPSE PGSAGSEPATSGTEPSGSEPATSGT EPSGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGS AGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPS GTSEPSTSEPGAGSGASEPTSTEPG TSEPSTSEPGAGSEPATSGTEPSGSE PATSGTEPSGTSTEPSEPGSAGTSTE PSEPGSAGSGASEPTSTEPGSEPATS GTEPSGSEPATSGTEPSGSEPATSG TEPSGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPG SAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTE		Общий остаток: H: 0 E: 0 процент: H: 0 E: 0	99.77%

	PGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPS GSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAG SGASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGS GASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGSG ASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPA TSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPS EPGSAGSEPATSGTEPSGTSTEPSEP GSAGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPG SAGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGS AGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSA GTSTEPSEPGSAGTSEPSTSEPGAG SGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGTS TEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSEP ATSGTEPSGSGASEPTSTEPGSEPA TSGTEPSGSEPATSGTEPSGSEPATS GTEPSGSEPATSGTEPSGTSEPSTSE PGAGSEPATSGTEPSGSGASEPTST EPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPS GSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSA			
	ASPAAPAPASPAAPAPSAPAAAPA SPAPAAPSAPAPAAPSAASPAAPSA PPAAASPAAPSAPPAASAAAPAAA SAAASAPSAAA	84	Общий остаток: H: 58 E: 0 процент: H: 69.0 E: 0,0	78.57%

H: альфа-спираль.

E: бета-лист.

Пример 44. Анализ полипептидных последовательностей для выявления повторяемости.

Аминокислотные последовательности полипептидов могут быть оценены по их повторяемости путем определения, сколько раз более короткая последовательность появляется внутри целого полипептида. Например, полипептид из 200 аминокислотных остатков имее 192 перекрывающихся аминокислотных последовательности (или 9-мерных "рамок"), но число уникальных 9-мерных последовательностей будет зависеть от количества повторяемости внутри последовательности. В настоящем анализе различные последовательности будут оценены по их повторяемости путем суммирования встречаемости всех уникальных 3-мерных субпоследовательностей для каждой рамки из трех аминокислот среди первых 200 аминокислот части полимера, разделенной на абсолютное число 3-мерных субпоследовательностей внутри последовательности из 200 аминокислотных остатков. Полученный в результате балл будет отражением степени повторяемости внутри полипептида.

Результаты, показанные в табл. 28, указывают, что бесструктурные полипептиды, состоящие из аминокислот 2 или 3 типов, имеют высокие баллы субпоследовательностей, тогда как те, которые состоят из 12 аминокислотных мотивов из 6 аминокислот G, S, T, E, P и A, с низкой степенью внутренней повторяемости, имеют баллы субпоследовательностей менее чем 10, в некоторых случаях менее чем 5. Например, последовательность L288 имеет два типа аминокислот и короткую, с высокой степенью повторяемости последовательность, что приводит к баллу субпоследовательностей 50,0. Полипептид J288 имеет аминокислоты трех типов, но также имеет короткую повторяющуюся последовательность, что приводит к баллу субпоследовательностей 33.3. Y576 также имеет аминокислоты трех типов, но здесь не создано внутренних повторов, что отражается в балле субпоследовательностей 15.7 на первые 200 аминокислот. W576 состоит из четырех аминокислот, но имеет высокую степень внутренней повторяемости, например, "GGSG", что дает в результате балл субпоследовательностей 23.4. AD576 состоит из четырех типов мотивов из 12 аминокислот, каждый мотив состоит из четырех типов аминокислот. Из-за низкой степени внутренней повторяемости индивидуальных мотивов, балл всей последовательности на первые 200 аминокислот составляет 13.6. В противоположность, последовательности XTEN состоят из 4 мотивов, содержащих шесть типов аминокислот, каждый с низкой степенью внутренней повторяемости, поэтому они имеют более низкие баллы субпоследовательностей, т.е. AE864 (6.1), AF864 (7.5) и AM875 (4.5).

Заключения. Результаты указывают, что комбинация из 12 аминокислотных мотивов последовательности, каждый состоит из 4-6 типов аминокислот, которые, по существу, являются не повторяющимися, в более длинный полипептид XTEN приводит к последовательности, которая целиком является не повторяющейся. Это происходит, несмотря на тот факт, что каждый мотив субпоследовательности может быть использован на протяжении последовательности много раз. В противоположность, полимеры, созданные из меньшего числа типов аминокислот, приводят к более высоким баллам субпоследовательностей, хотя реальная последовательность может быть создана так, чтобы снизить степень повторяемости, что проявится в более низких баллах субпоследовательностей.

Таблица 28

Вычисления балла субпоследовательностей полипептидных последовательностей

Название SEQ	Аминокислотная последовательность	Балл
J288	GSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGG SGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGS GGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSG GEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGG EGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGEGGSGGE GGSGGEGGSGGEG	33.3
K288	GEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEG GEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEG GEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEG GEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEG GEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEGGEGEGGGEG GEGEGGGEGGEGEGGG	46.9
L288	SSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESS ESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSS ESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSE SSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESSESSSSESSSESS SSESSSESSESSSSESSSESSESSSSES	50,0
Y288	GEGSGEGSEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGGSEGSEGEGGSEGSEGEGGSEGSEGEG SGEGSEGEGGSEGSEGEGSGEGSEGEGSEGGSEGEGGSEGSEGEGSGEGSEGEGGEG	26.8

	GSEGEGSEGSGEGEGSGEGSEGEGSEGSGEGEGSGEGSEGEGSEGSGEGEGSEGSGE GEGGSEGSEGEGSEGSGEGEGGEGSGEGEGSGEGSEGEGGGEGSEGEGSGEGGEGE GSEGGSEGEGGSEGGEGEGSEGSGEGEGSEGGSEGEGSEGGSEGEGSEGSGEGEGSE GSGE	
Q576	GGKPGEGGKPEGGGGKPGGKPEGEGEGKPGGKPEGGGKPGGGEGGKPEGGKPEGE GKPGGGEGKPGGKPEGGGGKPEGEGKPGGGGGKPGGKPEGEGKPGGGEGGKPEG KPGEGGEGKPGGKPEGGGEGKPGGGKPGEGGKPGEGKPGGGEGGKPEGGKPEGEG KPGGGEGKPGGKPGEGGKPEGGGEGKPGGKPGEGGEGKPGGGKPEGEGKPGGGKP GGGEGGKPEGEGKPGGKPEGGGEGKPGGKPEGGGKPEGGGEGKPGGGKPGEGGKP GEGEGKPGGKPEGEGKPGGEGGGKPEGKPGGGEGGKPEGGKPGEGGKPEGGKPGE GGEGKPGGGKPGEGGKPEGGGKPEGEGKPGGGGKPGEGGKPEGGKPEGGGEGKPG GGKPEGEGKPGGGEGKPGGKPEGGGGKPGEGGKPEGGKPGGEGGGKPEGEGKPGG KPGEGGGGKPGGKPEGEGKPGEGGEGKPGGKPEGGGEGKPGGKPEGGGEGKPGGG KPGEGGKPEGGGKPGEGGKPGEGGKPEGEGKPGGGEGKPGGKPGEGGKPEGGGEG KPGGKPGGEGGGKPEGGKPGEGGKPEG	18.5
U576	GEGKPGGKPGSGGGKPGEGGKPGSGEGKPGGKPGSGGSGKPGGKPGEGGKPEGGS GGKPGGGGKPGGKPGGEGSGKPGGKPEGGGKPEGGSGGKPGGKPEGGSGGKPGGK PGSGEGGKPGGGKPGGEGKPGSGKPGGEGSGKPGGKPEGGSGGKPGGKPEGGSGG KPGGSGKPGGKPGEGGKPEGGSGGKPGGSGKPGGKPEGGGSGKPGGKPGEGGKPG SGEGGKPGGGKPGGEGKPGSGKPGGEGSGKPGGKPGSGGEGKPGGKPEGGSGGKP GGGKPGGEGKPGSGGKPGEGGKPGSGGGKPGGKPGGEGEGKPGGKPGEGGKPGGE GSGKPGGGGKPGGKPGGEGGKPEGSGKPGGGSGKPGGKPEGGGGKPEGSGKPGGG GKPEGSGKPGGGKPEGGSGGKPGGSGKPGGKPGEGGGKPEGSGKPGGGSGKPGGK PEGGGKPEGGSGGKPGGKPEGGSGGKPGGKPGGEGSGKPGGKPGSGEGGKPGGKP GEGSGGKPGGKPEGGSGGKPGGSGKPGGKPEGGGSGKPGGKPGEGGKPGGEGSGK PGGSGKPG	
W576	GGSGKPGKPGGSGSGKPGSGKPGGGSGKPGSGKPGGGSGKPGSGKPGGGSGKPGSG KPGGGGKPGSGSGKPGGGKPGGSGGKPGGGSGKPGKPGSGGSGKPGSGKPGGGSG GKPGKPGSGGSGGKPGKPGSGGGSGKPGKPGSGGSGGKPGKPGSGGSGGKPGKPGS GGSGKPGSGKPGGGSGKPGSGKPGSGGSGKPGKPGSGGSGKPGSGKPGSGSGKPGS GKPGGGSGKPGSGKPGSGGSGKPGKPGSGGGKPGSGSGKPGGGKPGSGSGKPGGG KPGGSGGKPGGSGGKPGKPGSGGGSGKPGKPGSGGGSGKPGKPGGSGSGKPGSGKP GGGSGKPGSGKPGSGGSGKPGKPGSGGSGGKPGKPGSGGGKPGSGSGKPGGGKPGS GSGKPGGGKPGSGSGKPGGGKPGSGSGKPGGSGKPGSGKPGGGSGGKPGKPGSGGS GKPGSGKPGSGGSGKPGKPGGSGSGKPGSGKPGGGSGKPGSGKPGGGSGKPGSGKP GGGSGKPGSGKPGGGGKPGSGSGKPGGSGGKPGKPGSGGSGGKPGKPGSGGSGKP GSGKPGGGSGGKPGKPGSGG	23.4
Y576	GEGSGEGSEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGGSEGSEGEGSEGSGEGEGGEGSGEGEG SGEGSEGEGGGEGSEGEGSGEGGEGEGSEGGSEGEGGSEGGSEGEGEGSEGSGEGEGSE GGSEGEGSEGGSEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGSEGGS EGEGGSEGSEGEGSGEGSEGEGGSEGSEGEGGGEGSEGEGSGEGSEGEGGSEGSEGE GGSEGSEGEGGEGSGEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGGS EGSEGEGSGEGSEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGGSEGSEGEGGSEGSEGEGGSEGS EGEGGEGSGEGEGSEGSGEGEGSGEGSEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGGSEGSEGE GSEGSGEGEGGEGSGEGEGSGEGSEGEGGGEGSEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGSE GGSEGEGGSEGSEGEGSEGGSEGEGSEGGSEGEGSEGSGEGEGSEGSGEGEGSGEGS EGEGGSEGGEGEGSEGGSEGEGSEGGSEGEGGEGSGEGEGGGEGSEGEGSEGSGEG EGSGEGSE	15.7
AD576	GSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGP GSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGP GSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSGSES GSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESS GESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGP GESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGESPGGSSGSES GSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSS GSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGSSESGSSEGGP GSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSESGESPGGSSGSES GSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGPGSEGSSGPGESS	13.6

AE576	AGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTE EGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTE EGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	6.1
AF540	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAP GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAP GTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAP GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAP	8.8
AF504	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GSNPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSS PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGS PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSNPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATG SPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASS SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATG SPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATG SPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP	7.0
AE864	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	6.1
AF864	GSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAP GTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAP GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAP GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GTSTPESGPXXXGASASGAPSTXXXXSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAP GTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAP GSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASP GSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP GTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAP GTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP GSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	7.5
AG868	GGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSG	7.5

	ATGSPGSNPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSG TASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGT SSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSNPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPS GATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGS GTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGS GTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTP SGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTP SGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSST PSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSST PSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSST PSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSST PSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSST PSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	
AM875	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASP GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGASASGAPSTGGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GSSPSASTGTGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSTSSTAESPGP GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	4.5
AM1318	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASP GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGPEPTGPAPSGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEG SPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGS TSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSS TPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASASGAPSTGGTSPSGESSTAPGST SSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSS PSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTS PSGESSTAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSTSESPSGTAPGST SESPSGTAPGTSTPESGSASPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSSTPSGATGSPGTSSTGSPGSS TPSGATGSPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSSTPSGATGSPGAS PGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	4.5

Пример 45. Расчет баллов TEPITOPE.

Баллы TEPITOPE 9-мерной последовательности пептида могут быть рассчитаны, используя добавочные карманные потенциалы, как описано Стурниоло [Sturniolo, T., et al. (1999), Nat Biotechnol, 17: 555]. В настоящем примере, отдельные баллы TEPITOPE были рассчитаны для индивидуальных аллелей HLA. Таблица 29 показывает как пример карманные потенциалы для HLA*0101B, который встречается с высокой частотой в кавказской популяции. Чтобы вычислить балл TEPITOPE пептида с последовательностью P1-P2-P3-P4-P5-P6-P7-P8-P9, соответствующие индивидуальные карманные потенциалы были добавлены в табл. 29. Балл HLA*0101B 9-мерного пептида с последовательностью FDKLPRTSG будет суммой 0, -1.3, 0, 0.9, 0, -1.8, 0,09, 0,0.

Чтобы оценить баллы TEPITOPE для длинных пептидов, можно повторить процесс для всех 9-мерных субпоследовательностей последовательности. Этот процесс может быть повторен для белков, кодируемых другими аллелями HLA. Табл. 30-33 дают карманные потенциалы для белковых продуктов аллелей HLA, которые могут встречаться с высокой частотой в кавказской популяции.

Баллы TEPITOPE, вычисленные этим способом, находятся в диапазоне примерно от -10 до +10. Однако, 9-мерные пептиды, у которых отсутствует гидрофобная аминокислота (FKLMVWY) в позиции P1, имеют вычисленные баллы TEPITOPE в диапазоне от -1009 до -989. Это значение биологически бессмысленно и отражает факт, что гидрофобная аминокислота служит якорным остатком для связывания HLA, и пептиды, у которых отсутствует гидрофобный остаток в P1, считаются не связывающими HLA. Поскольку большинство последовательностей XTEN лишены гидрофобных остатков, все комбинации 9-мерных субпоследовательностей будут иметь TEPITOPEs в диапазоне от -1009 до -989. Этот метод подтверждает, что полипептиды XTEN могут иметь немного или не иметь совсем предсказанных эпитопов Т-клеток.

Таблица 29

Карманный потенциал для аллеля HLA*0101B

Аминокислота	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	-2.4	-	-2.7	-2	-	-1.9
E	-999	0,1	-1.2	-0.4	-	-2.4	-0.6	-	-1.9
F	0	0.8	0.8	0,08	-	-2.1	0.3	-	-0.4
G	-999	0,5	0.2	-0.7	-	-0.3	-1.1	-	-0.8
H	-999	0.8	0.2	-0.7	-	-2.2	0,1	-	-1.1
I	-1	1.1	1,5	0,5	-	-1.9	0.6	-	0.7
K	-999	1.1	0	-2.1	-	-2	-0.2	-	-1.7
L	-1	1	1	0.9	-	-2	0.3	-	0,5
M	-1	1.1	1.4	0.8	-	-1.8	0,09	-	0,08
N	-999	0.8	0,5	0,04	-	-1.1	0,1	-	-1.2
P	-999	-0,5	0.3	-1.9	-	-0.2	0,07	-	-1.1
Q	-999	1.2	0	0,1	-	-1.8	0.2	-	-1.6
R	-999	2.2	0.7	-2.1	-	-1.8	0,09	-	-1
S	-999	-0.3	0.2	-0.7	-	-0.6	-0.2	-	-0.3
T	-999	0	0	-1	-	-1.2	0,09	-	-0.2
V	-1	2.1	0,5	-0,1	-	-1.1	0.7	-	0.3
W	0	-0,1	0	-1.8	-	-2.4	-0,1	-	-1.4
Y	0	0.9	0.8	-1.1	-	-2	0,5	-	-0.9

Таблица 30

Карманный потенциал для аллеля HLA*0301B

Аминокислота	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	2.3	-	-2.4	-0.6	-	-0.6
E	-999	0,1	-1.2	-1	-	-1.4	-0.2	-	-0.3
F	-1	0.8	0.8	-1	-	-1.4	0,5	-	0.9
G	-999	0,5	0.2	0,5	-	-0.7	0,1	-	0.4
H	-999	0.8	0.2	0	-	-0,1	-0.8	-	-0,5
I	0	1.1	1,5	0,5	-	0.7	0.4	-	0.6
K	-999	1.1	0	-1	-	1.3	-0.9	-	-0.2
L	0	1	1	0	-	0.2	0.2	-	-0
M	0	1.1	1.4	0	-	-0.9	1.1	-	1.1
N	-999	0.8	0,5	0.2	-	-0.6	-0,1	-	-0.6
P	-999	-0,5	0.3	-1	-	0,5	0.7	-	-0.3
Q	-999	1.2	0	0	-	-0.3	-0,1	-	-0.2
R	-999	2.2	0.7	-1	-	1	-0.9	-	0,5
S	-999	-0.3	0.2	0.7	-	-0,1	0,07	-	1.1
T	-999	0	0	-1	-	0.8	-0,1	-	-0,5
V	0	2.1	0,5	0	-	1.2	0.2	-	0.3
W	-1	-0,1	0	-1	-	-1.4	-0.6	-	-1
Y	-1	0.9	0.8	-1	-	-1.4	-0,1	-	0.3

Таблица 31

Карманный потенциал для аллеля HLA*0401B

Аминокислота	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	1.4	-	-1.1	-0.3	-	-1.7
E	-999	0,1	-1.2	1,5	-	-2.4	0.2	-	-1.7
F	0	0.8	0.8	-0.9	-	-1.1	-1	-	-1
G	-999	0,5	0.2	-1.6	-	-1,5	-1.3	-	-1
H	-999	0.8	0.2	1.1	-	-1.4	0	-	0,08
I	-1	1.1	1,5	0.8	-	-0,1	0,08	-	-0.3
K	-999	1.1	0	-1.7	-	-2.4	-0.3	-	-0.3
L	-1	1	1	0.8	-	-1.1	0.7	-	-1
M	-1	1.1	1.4	0.9	-	-1.1	0.8	-	-0.4
N	-999	0.8	0,5	0.9	-	1.3	0.6	-	-1.4
P	-999	-0,5	0.3	-1.6	-	0	-0.7	-	-1.3
Q	-999	1.2	0	0.8	-	-1,5	0	-	0,5
R	-999	2.2	0.7	-1.9	-	-2.4	-1.2	-	-1
S	-999	-0.3	0.2	0.8	-	1	-0.2	-	0.7
T	-999	0	0	0.7	-	1.9	-0,1	-	-1.2
V	-1	2.1	0,5	-0.9	-	0.9	0,08	-	-0.7
W	0	-0,1	0	-1.2	-	-1	-1.4	-	-1
Y	0	0.9	0.8	-1.6	-	-1,5	-1.2	-	-1

Таблица 32

Карманный потенциал для аллеля HLA*0701B

Аминокислота	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	-1.6	-	-2.5	-1.3	-	-1.2
E	-999	0,1	-1.2	-1.4	-	-2.5	0.9	-	-0.3
F	0	0.8	0.8	0.2	-	-0.8	2.1	-	2.1
G	-999	0,5	0.2	-1.1	-	-0.6	0	-	-0.6
H	-999	0.8	0.2	0,1	-	-0.8	0.9	-	-0.2
I	-1	1.1	1,5	1.1	-	-0,5	2.4	-	3.4
K	-999	1.1	0	-1.3	-	-1.1	0,5	-	-1.1
L	-1	1	1	-0.8	-	-0.9	2.2	-	3.4
M	-1	1.1	1.4	-0.4	-	-0.8	1.8	-	2
N	-999	0.8	0,5	-1.1	-	-0.6	1.4	-	-0,5
P	-999	-0,5	0.3	-1.2	-	-0,5	-0.2	-	-0.6
Q	-999	1.2	0	-1,5	-	-1.1	1.1	-	-0.9
R	-999	2.2	0.7	-1.1	-	-1.1	0.7	-	-0.8
S	-999	-0.3	0.2	1,5	-	0.6	0.4	-	-0.3
T	-999	0	0	1.4	-	-0,1	0.9	-	0.4
V	-1	2.1	0,5	0.9	-	0,1	1.6	-	2
W	0	-0,1	0	-1.1	-	-0.9	1.4	-	0.8
Y	0	0.9	0.8	-0.9	-	-1	1.7	-	1.1

Таблица 33

Карманный потенциал для аллеля HLA*1501B

Аминокислота	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	-0.4	-	-0.4	-0.7	-	-1.9
E	-999	0,1	-1.2	-0.6	-	-1	-0.7	-	-1.9
F	-1	0.8	0.8	2.4	-	-0.3	1.4	-	-0.4
G	-999	0,5	0.2	0	-	0,5	0	-	-0.8
H	-999	0.8	0.2	1.1	-	-0,5	0.6	-	-1.1
I	0	1.1	1,5	0.6	-	0,05	1,5	-	0.7
K	-999	1.1	0	-0.7	-	-0.3	-0.3	-	-1.7
L	0	1	1	0,5	-	0.2	1.9	-	0,5
M	0	1.1	1.4	1	-	0,1	1.7	-	0,08
N	-999	0.8	0,5	-0.2	-	0.7	0.7	-	-1.2
P	-999	-0,5	0.3	-0.3	-	-0.2	0.3	-	-1.1
Q	-999	1.2	0	-0.8	-	-0.8	-0.3	-	-1.6
R	-999	2.2	0.7	0.2	-	1	-0,5	-	-1
S	-999	-0.3	0.2	-0.3	-	0.6	0.3	-	-0.3
T	-999	0	0	-0.3	-	-0	0.2	-	-0.2
V	0	2.1	0,5	0.2	-	-0.3	0.3	-	0.3
W	-1	-0,1	0	0.4	-	-0.4	0.6	-	-1.4
Y	-1	0.9	0.8	2.5	-	0.4	0.7	-	-0.9

Таблица 34

Примеры биологической активности, видов анализа и предпочтительных индикаторов

Биологически активный белок	**Биологическая активность**	**Примеры анализа активности**	**Предпочтительные индикаторы**
Инсулиноподобный фактор роста-1 (IGF-1, Mecasermin; Somazon; IGF-1; IGF-1 complex; CEP 151; CGP 35126; FK 780; Mecar; RHIGF-1; Somatomedin-1; Somatomedin-C; SOMATOKINE; MYOTROPHIN; IGEF; DepolGF-1)	IGF-1 является плейотропным полипептидом с широким диапазоном действия как на центральную, так и на периферическую нервную систему. Он включен в процессы роста и развития и защищает нейроны от смерти клеток путем активации внутриклеточных путей, включая действие фосфатидилинозитид-3-киназы	Активность IGF-1 может быть исследована in vitro, используя сыворотку, выделенную путем анализа защиты от (Ж. Эндокринол. 2000 окт.; 167(1): 165-74). 1Пролиферативный тест, используя клетки карциномы груди линия MCF-7 (Karey 1988 Иссл. рака. 48: 4083)	Диабет, расстройства роста, слабость; амиотрофный латеральный склероз, остеоартриты; заболевания почек и нейропатия; карликовость; HIV-1 инфекции; ишемия миокарда; остеопороз; множественный склероз; нервные расстройства; ожоги; периферический
человеческий гормон роста (чГР, Pegvisamont; Somatrem; соматропин; TROVERT; PROTROPIN; BIO-TROPIN; HUMATROPE; NUTROPIN; NUTROPINAQ; NUTROPHIN; NORDITROPIN; GENOTROPIN; SAIZEN; SEROSTIM)	Связывается с двумя рецепторными молекулами человеческого гормона роста и индуцирует сигнал трансдукции путем димеризации рецептора	Ba/F3-чГР пролиферативный тест, новый специфический биотест для гормона роста в сыворотке Ж. Клин. Эндокрин. Метаб. 2000, ноябрь; 85(11): 4274-9 Иммунный тест для гормона роста в плазме крови, исследование пластин эпифизарного хряща Прикл. физиол. (2000) 89(6): 2174-8. Опосредованная рецептором гормона роста пролиферация клеток, Growth Horm IGF Res 2000 Oct; 10(5): 248-55 IMежд. стандарт для гормона роста, Horm Res 1999; 51 Suppl 1: 7-12 2) Детекция человеческого гормона роста путем, выполняемая на серии разбавлений супернатанта лизированных клеток, используя комплект анализа Phadebas HGH PRIST (Farmacia). Патент США No. 4,898,830	Акромегалия, недостаток роста; замещение гормона роста, дефицит гормона роста; дефицит гормона роста в педиатрии, дефицит гормона роста у взрослых, идиопатический дефицит гормона роста, задержка роста, синдром Прадера-Вилли, синдром Прадера-Вилли у детей 2 лет и старше; дефицит роста недостаточность роста, связанная с хронической почечной недостаточностью, остеопороз; остеопороз в постменопаузном периоде; остеопения, остеокластогенез; ожоги; кахексия; кахексия при раке; карликовость; расстройства метаболизма; ожирение; почечная недостаточность; синдром Тернера; фибромиалгия; лечение переломов; слабость; истощение при СПИД; мышечная дистрофия; низкорослость; диагностические агенты; женское бесплодие; липодистрофия

Таблица 35

Примеры ГР-XTEN, включающих гормоны роста и один XTEN

ГР-XTEN Название	Аминокислотная последовательность	Последовательность нуклеотидов ДНК
AE48-hGH	MAEPAGSPTSTEEGT PGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGASPGTSST GSPGFPTIPLSRLFDN AMLRAHRLHQLAFD TYQEFEEAYIPKEQK YSFLQNPQTSLCFSE SIPTPSNREETQQKS NLELLRISLLLIQSWL EPVQFLRSVFANSLV YGASDSNVYDLLKD LEEGIQTLMGRLEDG SPRTGQIFKQTYSKF DTNSHNDDALLKNY GLLYCFRKDMDKVE TFLRIVQCRSVEGSC GF	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG GTTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAAT GCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTA CCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCT TTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCC GACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAA CTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGT GCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCAT CCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCAT TCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGT CAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACA ATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGT AAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTC GTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
AM48-hGH	MAEPAGSPTSTEEGA SPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGAT GSPGFPTIPLSRLFDN AMLRAHRLHQLAFD TYQEFEEAYIPKEQK YSFLQNPQTSLCFSE SIPTPSNREETQQKS NLELLRISLLLIQSWL EPVQFLRSVFANSLV YGASDSNVYDLLKD LEEGIQTLMGRLEDG SPRTGQIFKQTYSKF DTNSHNDDALLKNY GLLYCFRKDMDKVE TFLRIVQCRSVEGSC GF	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG CTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATG CTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTAC CAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTT TCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCG ACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAAC TACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTG CAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATC CGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATT CAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTC AGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAA TGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTA AAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCG TTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
AE144-hGH	GSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGSEPATS GSETPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSTE PSEGSAPGFPTIPLSR LFDNAMLRAHRLHQ LAFDTYQEFEEAYIP KEQKYSFLQNPQTSL CFSESIPTPSNREETQ QKSNLELLRISLLLIQ SWLEPVQFLRSVFA NSLVYGASDSNVYD LLKDLEEGIQTLMGR LEDGSPRTGQIFKQT YSKFDTNSHNDDAL LKNYGLLYCFRKDM DKVETFLRIVQCRSV EGSCGF	GGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTC TGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACC GAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTA GCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGC TACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGT TCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCAC CAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGA ACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGT CCGAAGGTAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA

AE288-hGH	GTSESATPESGPGSE	GGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAAC
	PATSGSETPGTSESA	CTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAA
	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGSP	CTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCT
	TPESGPGSEPATSGS	GAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCC
	ETPGTSESATPESGP	CAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGSP	GGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCT
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCA
	EGSAPGTSESATPES	GCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGG
	GPGTSESATPESGPG	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAA
	TSESATPESGPGSEP	AGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTG
	ATSGSETPGSEPATS	GTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAAC
	GSETPGSPAGSPTST	TCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	TCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAAC
	TSTEPSEGSAPGSEP	CTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTC
	ATSGSETPGTSESAT	TGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCA
	PESGPGTSTEPSEGS	GGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGA
	APGFPTIPLSRLFDNA	CTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCAC
	MLRAHRLHQLAFDT	CGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAG
	YQEFEEAYIPKEQKY	CcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACA
	SFLQNPQTSLCFSESI	GACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCG
	PTPSNREETQQKSNL	AGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCT
	ELLRISLLLIQSWLEP	GCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCG
	VQFLRSVFANSLVY	TCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATA
	GASDSNVYDLLKDL	CGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGT
	EEGIQTLMGRLEDGS	CGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGA
	PRTGQIFKQTYSKFD	CTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTA
	TNSHNDDALLKNYG	AAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAG
	LLYCFRKDMDKVET	TTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGC
	FLRIVQCRSVEGSCG F	TGTGGTTTCTAA
AF144-hGH	GTSTPESGSASPGTSP	GGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCC
	SGESSTAPGTSPSGES	TAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAAT
	STAPGSTSSTAESPGP	CTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGC
	GSTSESPSGTAPGSTS	CCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTA
	STAESPGPGTSPSGES	CTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCTAGCGG
	STAPGTSTPESGSASP	TGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCCG
	GSTSSTAESPGPGTSP	CATCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGT
	SGESSTAPGTSPSGES	ACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAG
	STAPGTSPSGESSTAP	CGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTT
	GFPTIPLSRLFDNAM	CTACCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGAT
	LRAHRLHQLAFDTY	AATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATA
	QEFEEAYIPKEQKYS	CTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTA
	FLQNPQTSLCFSESIP	CTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTA
	TPSNREETQQKSNLE	TTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCT
	LLRISLLLIQSWLEPV	GGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAAC
	QFLRSVFANSLVYG	CAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGC
	ASDSNVYDLLKDLE	GCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAG
	EGIQTLMGRLEDGSP	GCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTAC
	RTGQIFKQTYSKFDT	TGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGC
	NSHNDDALLKNYGL	CACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTT
	LYCFRKDMDKVETF	TCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAG
	LRIVQCRSVEGSCGF	TGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
AD576-hGH	GSSESGSSEGGPGSG	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGA
	GEPSESGSSGSSESGS	AAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCC

	SEGGPGSSESGSSEG	AGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAGTCTGGTA
	GPGSSESGSSEGGPG	GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGA
	SSESGSSEGGPGSSES	ATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCCTCCGAAAGC
	GSSEGGPGESPGGSS	GGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCG
	GSESGSEGSSGPGES	AGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCC
	SGSSESGSSEGGPGS	AGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCT
	SESGSSEGGPGSSES	CCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTT
	GSSEGGPGSGGEPSE	CTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGG
	SGSSGESPGGSSGSE	CGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGT
	SGESPGGSSGSESGS	TCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCTGAAA
	GGEPSESGSSGSSES	GCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCC
	GSSEGGPGSGGEPSE	GAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTC
	SGSSGSGGEPSESGS	CAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATC
	SGSEGSSGPGESSGE	TCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGT
	SPGGSSGSESGSGGE	TCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTG
	PSESGSSGSGGEPSES	GTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGG
	GSSGSGGEPSESGSS	TTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGC
	GSSESGSSEGGPGES	GAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTC
	PGGSSGSESGESPGG	CAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGG
	SSGSESGESPGGSSG	TCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAA
	SESGESPGGSSGSES	TCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGTGAACC
	GESPGGSSGSESGSS	TTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAGTCT
	ESGSSEGGPGSGGEP	GGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCAG
	SESGSSGSEGSSGPG	GTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGG
	ESSGSSESGSSEGGP	CGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGT
	GSGGEPSESGSSGSS	CCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCG
	ESGSSEGGPGSGGEP	AATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAG
	SESGSSGESPGGSSG	CGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAA
	SESGESPGGSSGSES	CCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGA
	GSSESGSSEGGPGSG	AGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
	GEPSESGSSGSSESGS	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTG
	SEGGPGSGGEPSESG	GCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGG
	SSGSGGEPSESGSSG	TCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCC
	ESPGGSSGSESGSEG	GAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGTGAGTCTTCAGGTG
	SSGPGESSGSSESGSS	AATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTAGCGAAGGTTC
	EGGPGSEGSSGPGES	TTCTGGTCCTGGCGAGTCCTCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTC
	SGFPTIPLSRLFDNA	GTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTG
	MLRAHRLHQLAFDT	GCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGA
	YQEFEEAYIPKEQKY	GCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCA
	SFLQNPQTSLCFSESI	GCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAA
	PTPSNREETQQKSNL	GTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCT
	ELLRISLLLIQSWLEP	GGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTA
	VQFLRSVFANSLVY	GTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATC
	GASDSNVYDLLKDL	TCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTC
	EEGIQTLMGRLEDGS	TCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATA
	PRTGQIFKQTYSKFD	CTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCT
	TNSHNDDALLKNYG	GTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGT
	LLYCFRKDMDKVET	ATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
	FLRIVQCRSVEGSCG	
	F	
AE576-hGH	GSPAGSPTSTEEGTS	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTG
	ESATPESGPGTSTEPS	AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTC
	EGSAPGSPAGSPTST	CGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	GAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAG
	ATPESGPGSEPATSG	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	SETPGSEPATSGSETP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC

	GSPAGSPTSTEEGTS	CAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSTEPS	TGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCG
	EGSAPGTSTEPSEGS	TCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	APGSPAGSPTSTEEG	GCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGG
	TSTEPSEGSAPGTSTE	TACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACT
	PSEGSAPGTSESATP	GAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	CGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGC
	PGTSESATPESGPGS	ACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSTEP	GAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAAC
	SEGSAPGTSTEPSEG	CGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGG
	SAPGTSESATPESGP	TAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCA
	GTSESATPESGPGSP	GGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAA
	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	ACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAA
	EGSAPGTSTEPSEGS	GGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTC
	APGTSTEPSEGSAPG	CAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTC
	TSTEPSEGSAPGSPA	TACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	GSAPGTSESATPESG	GCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAA
	SESATPESGPGSEPA	AGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTG
	TSGSETPGTSESATPE	GCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGG
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACT
	GTSESATPESGPGSP	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	PTSTEEGSPAGSPTST	TACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAA
	EEGTSESATPESGPG	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTA
	TSTEPSEGSAPGFPTI	CCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCT
	PLSRLFDNAMLRAH	GTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACC
	RLHQLAFDTYQEFEE	AGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCT
	AYIPKEQKYSFLQNP	AAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCT
	QTSLCFSESIPTPSNR	GCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCA
	EETQQKSNLELLRIS	GCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTC
	LLLIQSWLEPVQFLR	AGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAA
	SVFANSLVYGASDS	TAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTG
	NVYDLLKDLEEGIQT	AAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGG
	LMGRLEDGSPRTGQI	ATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAA
	FKQTYSKFDTNSHN	ATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTAT
	DDALLKNYGLLYCF	GGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTT
	RKDMDKVETFLRIV	CCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCT
	QCRSVEGSCGF	AA
AF576-hGH	GSTSSTAESPGPGSTS	GGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACTAG
	STAESPGPGSTSESPS	CTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCTT
	GTAPGSTSSTAESPG	CTGGTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGT
	PGSTSSTAESPGPGTS	CCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTC
	TPESGSASPGSTSESP	TACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTC
	SGTAPGTSPSGESST	CTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACC
	APGSTSESPSGTAPG	GCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTC
	STSESPSGTAPGTSPS	TACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCG
	GESSTAPGSTSESPSG	GCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC
	TAPGSTSESPSGTAP	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAG
	GTSPSGESSTAPGSTS	GTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGC
	ESPSGTAPGSTSESPS	GAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTC
	GTAPGSTSESPSGTA	TGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCA

	PGTSTPESGSASPGST	CCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTAC
	SESPSGTAPGTSTPES	TAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAA
	GSASPGSTSSTAESP	GCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCG
	GPGSTSSTAESPGPG	GGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTA
	TSTPESGSASPGTSTP	CCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCT
	ESGSASPGSTSESPSG	GAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTG
	TAPGTSTPESGSASP	GTACCGCACCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTCTCC
	GTSTPESGSASPGSTS	AGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACT
	ESPSGTAPGSTSESPS	AGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCC
	GTAPGSTSESPSGTA	GTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTG
	PGSTSSTAESPGPGTS	CACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTAC
	TPESGSASPGTSTPES	CTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTG
	GSASPGSTSESPSGT	AAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC
	APGSTSESPSGTAPG	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAG
	TSTPESGSASPGSTSE	GTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACTAGC
	SPSGTAPGSTSESPSG	GAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTC
	TAPGTSTPESGSASP	TGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTC
	GTSPSGESSTAPGSTS	CAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACT
	STAESPGPGTSPSGES	AGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTG
	STAPGSTSSTAESPGP	AATCTTCTACTGCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCT
	GTSTPESGSASPGSTS	GGCCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTC
	ESPSGTAPGSTSSTA	TACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTA
	ESPGPGTSTPESGSAS	CTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTC
	PGTSTPESGSASPGFP	TGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAG
	TIPLSRLFDNAMLRA	GTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTG
	HRLHQLAFDTYQEF	CGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAAT
	EEAYIPKEQKYSFLQ	TTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCA
	NPQTSLCFSESIPTPS	AAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTT
	NREETQQKSNLELLR	CCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCG
	ISLLLIQSWLEPVQFL	CATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTC
	RSVFANSLVYGASD	TGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGC
	SNVYDLLKDLEEGIQ	AACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCC
	TLMGRLEDGSPRTG	TGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTC
	QIFKQTYSKFDTNSH	AAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATG
	NDDALLKNYGLLYC	CGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATG
	FRKDMDKVETFLRI	GACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGA
	VQCRSVEGSCGF	GGGCAGCTGTGGTTTCTAA
AE624-hGH	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT

	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC
	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGF	GTTTCTAA
AD836-hGH	GSSESGSSEGGPGSS	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGA
	ESGSSEGGPGESPGG	AAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCC
	SSGSESGSGGEPSES	AGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAGTCTGGTA
	GSSGESPGGSSGSES	GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGA
	GESPGGSSGSESGSS	ATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCCTCCGAAAGC
	ESGSSEGGPGSSESG	GGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCG
	SSEGGPGSSESGSSE	AGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCC
	GGPGESPGGSSGSES	AGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCT
	GESPGGSSGSESGES	CCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTT
	PGGSSGSESGSSESG	CTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGG
	SSEGGPGSSESGSSE	CGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGT
	GGPGSSESGSSEGGP	TCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCTGAAA
	GSSESGSSEGGPGSS	GCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCC
	ESGSSEGGPGSSESG	GAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTC
	SSEGGPGSGGEPSES	CAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATC
	GSSGESPGGSSGSES	TCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGT
	GESPGGSSGSESGSG	TCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTG
	GEPSESGSSGSEGSS	GTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGG
	GPGESSGSSESGSSE	TTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGC
	GGPGSGGEPSESGSS	GAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTC
	GSEGSSGPGESSGSS	CAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGG
	ESGSSEGGPGSGGEP	TCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAA
	SESGSSGESPGGSSG	TCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGTGAACC

	SESGSGGEPSESGSS	TTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAGTCT
	GSGGEPSESGSSGSS	GGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCAG
	ESGSSEGGPGSGGEP	GTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGG
	SESGSSGSGGEPSES	CGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGT
	GSSGSEGSSGPGESS	CCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCG
	GESPGGSSGSESGSE	AATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAG
	GSSGPGESSGSEGSS	CGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAA
	GPGESSGSGGEPSES	CCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGA
	GSSGSSESGSSEGGP	AGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
	GSSESGSSEGGPGES	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTG
	PGGSSGSESGSGGEP	GCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGG
	SESGSSGSEGSSGPG	TCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCC
	ESSGESPGGSSGSES	GAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCaGGTTCCTCTGAAAGCG
	GSEGSSGPGSSESGS	GTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCTGAATC
	SEGGPGSGGEPSESG	TGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCGGGTGAATCTTCA
	SSGSEGSSGPGESSG	GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAGCGAAG
	SEGSSGPGESSGSEG	GTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAACCATCT
	SSGPGESSGSGGEPS	GAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTA
	ESGSSGSGGEPSESG	GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAATCAGGTGA
	SSGESPGGSSGSESG	ATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAA
	ESPGGSSGSESGSGG	CCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTG
	EPSESGSSGSEGSSGP	GCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAATC
	GESSGESPGGSSGSE	AGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCG
	SGSSESGSSEGGPGS	AAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTC
	SESGSSEGGPGSSES	TTCTGAAGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGT
	GSSEGGPGSGGEPSE	AGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCAGGTG
	SGSSGSSESGSSEGG	AATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCTGGTGGCGA
	PGESPGGSSGSESGS	ACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTG
	GGEPSESGSSGSSES	AAGGTGGTCCAGGTGAATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATC
	GSSEGGPGESPGGSS	AGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAATCT
	GSESGSGGEPSESGS	CCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTT
	SGESPGGSSGSESGS	CCGAATCTGGTAGCTCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG
	GGEPSESGSSGFPTIP	TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT
	LSRLFDNAMLRAHR	TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG
	LHQLAFDTYQEFEE	AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA
	AYIPKEQKYSFLQNP	ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC
	QTSLCFSESIPTPSNR	AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT
	EETQQKSNLELLRIS	AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT
	LLLIQSWLEPVQFLR	ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA
	SVFANSLVYGASDS	GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG
	NVYDLLKDLEEGIQT	CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA
	LMGRLEDGSPRTGQI	CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT
	FKQTYSKFDTNSHN	TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT
	DDALLKNYGLLYCF	TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
	RKDMDKVETFLRIV	
	QCRSVEGSCGF	
AE864-hGH	GSPAGSPTSTEEGTS	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTG
	ESATPESGPGTSTEPS	AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTC
	EGSAPGSPAGSPTST	CGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	GAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAG
	ATPESGPGSEPATSG	CGCTACCCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	SETPGSEPATSGSETP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	GSPAGSPTSTEEGTS	CAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSTEPS	TGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCG
	EGSAPGTSTEPSEGS	TCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	APGSPAGSPTSTEEG	GCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGG

	TSTEPSEGSAPGTSTE	TACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACT
	PSEGSAPGTSESATP	GAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	CGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGC
	PGTSESATPESGPGS	ACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSTEP	GAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAAC
	SEGSAPGTSTEPSEG	CGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGG
	SAPGTSESATPESGP	TAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCA
	GTSESATPESGPGSP	GGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAA
	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	ACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAA
	EGSAPGTSTEPSEGS	GGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTC
	APGTSTEPSEGSAPG	CAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTC
	TSTEPSEGSAPGSPA	TACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	GSAPGTSESATPESG	GCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAA
	SESATPESGPGSEPA	AGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTG
	TSGSETPGTSESATPE	GCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGG
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACT
	GTSESATPESGPGSP	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	PTSTEEGSPAGSPTST	TACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAA
	EEGTSESATPESGPG	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAA
	ATPESGPGSEPATSG	CTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGA
	SETPGTSESATPESGP	GACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGT
	GSEPATSGSETPGTS	AGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAA
	ESATPESGPGTSTEPS	GCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGA
	EGSAPGSPAGSPTST	GGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAA
	EEGTSESATPESGPG	GAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCG
	SEPATSGSETPGTSES	AACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGC
	ATPESGPGSPAGSPT	TACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCC
	STEEGSPAGSPTSTEE	ACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAG
	GTSTEPSEGSAPGTS	GTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGA
	ESATPESGPGTSESA	AAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACT
	TPESGPGTSESATPES	CCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTG
	GPGSEPATSGSETPG	GCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAG
	SEPATSGSETPGSPA	CGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGC
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAG
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCC
	PGSEPATSGSETPGT	AGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCT
	SESATPESGPGTSTEP	GAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	SEGSAPGFPTIPLSRL	CCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG
	FDNAMLRAHRLHQL	TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT
	AFDTYQEFEEAYIPK	TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG
	EQKYSFLQNPQTSLC	AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC
	KSNLELLRISLLLIQS	AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT
	WLEPVQFLRSVFAN	AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT
	SLVYGASDSNVYDL	ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA
	LKDLEEGIQTLMGRL	GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG
	EDGSPRTGQIFKQTY	CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA
	SKFDTNSHNDDALL	CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT
	KNYGLLYCFRKDMD	TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT

	KVETFLRIVQCRSVE GSCGF	TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
AF864-hGH	GSTSESPSGTAPGTSP	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCC
	SGESSTAPGSTSESPS	TAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTT
	GTAPGSTSESPSGTA	CTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCT
	PGTSTPESGSASPGTS	CCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTC
	TPESGSASPGSTSESP	TACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCT
	SGTAPGSTSESPSGT	CCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTAC
	APGTSPSGESSTAPG	CGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGT
	STSESPSGTAPGTSPS	TCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCTCCAGGTACTTCTCCTAG
	GESSTAPGTSPSGESS	CGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGCGAATCTT
	TAPGSTSSTAESPGP	CTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCA
	GTSPSGESSTAPGTSP	GGTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCTCC
	SGESSTAPGSTSSTA	GAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAG
	ESPGPGTSTPESGSAS	AATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATC
	PGTSTPESGSASPGST	TCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTA
	SESPSGTAPGSTSESP	CTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCT
	SGTAPGTSTPESGSA	CCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCG
	SPGSTSSTAESPGPGT	CTTCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGT
	STPESGSASPGSTSES	ACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCG
	PSGTAPGTSPSGESST	AATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCT
	APGSTSSTAESPGPG	TCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCC
	TSPSGESSTAPGTSTP	AGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTA
	ESGSASPGSTSSTAES	CTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCA
	PGPGSTSSTAESPGP	GAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGG
	GSTSSTAESPGPGSTS	CCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTA
	STAESPGPGTSPSGES	CCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGT
	STAPGSTSESPSGTAP	GAATCTTCTACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCAC
	GSTSESPSGTAPGTS	TGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGT
	TPESGPXXXGASASG	ACCTCTACCCCTGAAAGCGGTCCXXXXXXXXXXXXXTGCAAGCGCA
	APSTXXXXSESPSGT	AGCGGCGCGCCAAGCACGGGAXXXXXXXXXTAGCGAATCTCCTTCT
	APGSTSESPSGTAPG	GGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCC
	STSESPSGTAPGSTSE	AGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCAGGTTCTACTA
	SPSGTAPGSTSESPSG	GCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCG
	TAPGSTSESPSGTAP	TCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGC
	GTSTPESGSASPGTSP	ACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACT
	SGESSTAPGTSPSGES	TCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGG
	STAPGSTSSTAESPGP	CGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTC
	GTSPSGESSTAPGTS	CGGGTCCAGGTACTTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGG
	TPESGSASPGSTSESP	TACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCG
	SGTAPGSTSESPSGT	AATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCT
	APGTSPSGESSTAPG	GGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCAC
	STSESPSGTAPGTSTP	CAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCT
	ESGSASPGTSTPESGS	ACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCAGGTACTTCTACCCCGGAAA
	ASPGSTSESPSGTAP	GCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACC
	GTSTPESGSASPGSTS	GCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTC
	STAESPGPGSTSESPS	CACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCGAA
	GTAPGSTSESPSGTA	TCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGG
	PGTSPSGESSTAPGST	TACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCA
	SSTAESPGPGTSPSGE	GGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCC
	SSTAPGTSTPESGSAS	GAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGC
	PGTSPSGESSTAPGTS	GGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGC
	PSGESSTAPGTSPSGE	TCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCT
	SSTAPGSTSSTAESPG	CCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACT
	PGSTSSTAESPGPGTS	GCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCC
	PSGESSTAPGSSPSAS	TGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGT
	TGTGPGSSTPSGATG	TCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCC

	SPGSSTPSGATGSPG	GTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAA
	FPTIPLSRLFDNAML	CCGGCTCCCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGAT
	RAHRLHQLAFDTYQ	AATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTA
	PSNREETQQKSNLEL	TTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	GGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAAC
	FLRSVFANSLVYGAS	CAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGC
	DSNVYDLLKDLEEGI	GCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAG
	QTLMGRLEDGSPRT	GCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGC
	HNDDALLKNYGLLY	CACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTT
	CFRKDMDKVETFLRI	TCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAG
	VQCRSVEGSCGF	TGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
AG864-hGH	GASPGTSSTGSPGSS	GGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCC
	PSASTGTGPGSSPSA	GTCTGCTTCTACTGGTACTGGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCA
	STGTGPGTPGSGTAS	CTGGTACTGGTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCT
	SSPGSSTPSGATGSP	CCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTCTAA
	GSNPSASTGTGPGAS	CCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTGCTTCTCCGGGCACC
	PGTSSTGSPGTPGSG	AGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTT
	TASSSPGSSTPSGAT	CTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGTTCTCCAGGT
	GSPGTPGSGTASSSP	ACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGG
	GASPGTSSTGSPGAS	TACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTA
	PGTSSTGSPGTPGSG	CTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCA
	TASSSPGSSTPSGAT	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCC
	GSPGASPGTSSTGSP	GGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACC
	GTPGSGTASSSPGSS	GCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTC
	TPSGATGSPGSNPSA	TCCAGGTTCTAACCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCTA
	STGTGPGSSPSASTG	GCCCTTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	TGPGSSTPSGATGSP	GGTGCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGG
	GSSTPSGATGSPGAS	CTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTG
	PGTSSTGSPGASPGT	CATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGT
	SSTGSPGASPGTSST	ACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTC
	GSPGTPGSGTASSSP	TTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAG
	GASPGTSSTGSPGAS	GTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCCCCG
	PGTSSTGSPGASPGT	GGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTAC
	SSTGSPGSSPSASTGT	TGGTACTGGCCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTC
	GPGTPGSGTASSSPG	CAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCC
	ASPGTSSTGSPGASP	CCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAG
	GTSSTGSPGASPGTS	CTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTT
	STGSPGSSTPSGATG	CCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCA
	SPGSSTPSGATGSPG	TCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGCAGCG
	ASPGTSSTGSPGTPG	GTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACC
	SGTASSSPGSSTPSG	GGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAG
	ATGSPGSSTPSGATG	GTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCG
	SPGSSTPSGATGSPG	TCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTC
	SSPSASTGTGPGASP	TACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTC
	GTSSTGSPGASPGTS	CAGGTACTCCTGGCAGCGGTACTGCATCTTCCTCTCCAGGTGCTTCT
	STGSPGTPGSGTASS	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTA
	SPGASPGTSSTGSPG	GCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGT
	ASPGTSSTGSPGASP	TCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAC
	GTSSTGSPGASPGTS	CCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGT
	STGSPGTPGSGTASS	CTGGTGCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCATC
	SPGSSTPSGATGSPG	TTCTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAG
	TPGSGTASSSPGSSTP	GTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACC
	SGATGSPGTPGSGTA	CCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGC
	SSSPGSSTPSGATGSP	TACTGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTC

	GSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGSSPSA STGTGPGASPGTSST GSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGSSPSA STGTGPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSP GSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGASPGT SSTGSPGSSPSASTGT GPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGSSTP SGATGSPGASPGTSS TGSPGFPTIPLSRLFD NAMLRAHRLHQLAF DTYQEFEEAYIPKEQ KYSFLQNPQTSLCFS ESIPTPSNREETQQKS NLELLRISLLLIQSWL EPVQFLRSVFANSLV YGASDSNVYDLLKD LEEGIQTLMGRLEDG SPRTGQIFKQTYSKF DTNSHNDDALLKNY GLLYCFRKDMDKVE TFLRIVQCRSVEGSC GF	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACTGGTACTGGTCCAGGTGCATCC CCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCTGGTAGCGGTA CTGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTT CTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCT AGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCTTCTCCGGGTAC TAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCTCCTGGTACTAGCTCTACTG GTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGT TCTAGCCCTTCTGCATCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCATCCCCTGG TACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCG GTACCGGTCCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCC AGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCT ACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAG CTCTACCGGTTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTT TGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTG ATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAA GTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAAT CTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAA TCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAG AACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTAT GGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGG AAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCG TACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACA GCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTG TTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTC AGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
AM875-hGH	GTSTEPSEGSAPGSE PATSGSETPGSPAGS PTSTEEGSTSSTAESP GPGTSTPESGSASPG STSESPSGTAPGSTSE SPSGTAPGTSTPESGS ASPGTSTPESGSASP GSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGTSTE PSEGSAPGSEPATSG SETPGSPAGSPTSTEE GSSTPSGATGSPGTP GSGTASSSPGSSTPS GATGSPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGASASGAPSTGGT	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAAC CGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCC AACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCT GGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTT CTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGA ATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTT CCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTG AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCC GACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGC GCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTA CTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGA ACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACC TCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC CAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTC TGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT ACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCA GCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGG TACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTACT GAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTG GTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGA GGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTC CGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT GGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA GCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG TAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCTGCT GGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGA CTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGC TCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTACTTC

	SESATPESGPGSPAG	TGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCT
	SPTSTEEGSPAGSPTS	CCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTA
	TEEGSTSSTAESPGP	CTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGG
	GSTSESPSGTAPGTSP	TTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTA
	SGESSTAPGTPGSGT	GCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGC
	ASSSPGSSTPSGATG	TTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTC
	SPGSSPSASTGTGPG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTAGCGA
	SEPATSGSETPGTSES	ACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT
	ATPESGPGSEPATSG	ACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTG
	SETPGSTSSTAESPGP	AAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGG
	GSTSSTAESPGPGTSP	TTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCTCCTA
	SGESSTAPGSEPATS	GCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGG
	GSETPGSEPATSGSE	CTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGAAACC
	TPGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTCTA
	STSSTAESPGPGTSTP	CCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGA
	ESGSASPGSTSESPSG	AAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCA
	TAPGTSTEPSEGSAP	CTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGG
	GTSTEPSEGSAPGTS	TACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACC
	TEPSEGSAPGSSTPSG	GAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTG
	ATGSPGSSPSASTGT	CAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGC
	GPGASPGTSSTGSPG	CCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCG
	SEPATSGSETPGTSES	AACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGC
	ATPESGPGSPAGSPT	AACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACCTCC
	STEEGSSTPSGATGS	ACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAG
	PGSSPSASTGTGPGA	GTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCG
	SPGTSSTGSPGTSESA	GGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTC
	TPESGPGTSTEPSEGS	CGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGC
	APGTSTEPSEGSAPG	TCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTTT
	FPTIPLSRLFDNAML	CCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGC
	RAHRLHQLAFDTYQ	GCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAA
	EFEEAYIPKEQKYSF	GAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACC
	LQNPQTSLCFSESIPT	CACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAAT
	PSNREETQQKSNLEL	CGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	CTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGT
	FLRSVFANSLVYGAS	TCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACG
	DSNVYDLLKDLEEGI	TATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGAT
	QTLMGRLEDGSPRT	GGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAG
	GQIFKQTYSKFDTNS	CAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGC
	HNDDALLKNYGLLY	TTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGAC
	CFRKDMDKVETFLRI	AAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGG
	VQCRSVEGSCGF	CAGCTGTGGTTTCTAA
AE912-hGH	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC

	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
	QCRSVEGSCGF	

AM923-hGH	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA
	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG
	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC

	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAA
	GSCGF	
AM1318-hGH	GTSTEPSEGSAPGSE	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAAC
	PATSGSETPGSPAGS	CGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCC
	PTSTEEGSTSSTAESP	AACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCT
	GPGTSTPESGSASPG	GGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTT
	STSESPSGTAPGSTSE	CTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGA
	SPSGTAPGTSTPESGS	ATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTT
	ASPGTSTPESGSASP	CCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA
	GSEPATSGSETPGTS	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTG
	ESATPESGPGSPAGS	AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGC
	APGTSESATPESGPG	GCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGA
	PSEGSAPGSPAGSPT	ACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACC
	STEEGTSTEPSEGSAP	TCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSESA	TGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT
	TPESGPGTSTEPSEGS	ACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	GCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGG
	TSESATPESGPGTSTE	TACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTACT
	PSEGSAPGSEPATSG	GAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTG
	SETPGSPAGSPTSTEE	GTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGA
	GSSTPSGATGSPGTP	GGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTC
	GSGTASSSPGSSTPS	CGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGTSTEPSEG	GGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	SAPGTSTEPSEGSAP	GCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG
	GSEPATSGSETPGSP	TAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCTGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	GGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGA
	PTSTEEGTSTEPSEGS	CTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGC
	APGPEPTGPAPSGGS	TCCAGGTCCAGAACCAACGGGGCCGGCCCCAAGCGGAGGTAGCGA
	EPATSGSETPGTSES	ACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT
	ATPESGPGSPAGSPT	ACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCA
	STEEGTSESATPESGP	CTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGG
	GSPAGSPTSTEEGSP	TAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCT
	AGSPTSTEEGTSESA	GGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	TPESGPGSPAGSPTST	CTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	EEGSPAGSPTSTEEG	GGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCT
	STSSTAESPGPGSTSE	ACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCGAAT
	SPSGTAPGTSPSGESS	CTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCT
	TAPGSTSESPSGTAP	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAG
	GSTSESPSGTAPGTSP	GTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCT

	SGESSTAPGTSTEPSE	AGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCG
	GSAPGTSESATPESG	AGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGG
	PGTSESATPESGPGS	CCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSES	GAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCG
	ATPESGPGTSESATP	CTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGA
	ESGPGTSTEPSEGSA	ATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCA
	PGTSESATPESGPGT	GGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTA
	STEPSEGSAPGTSPSG	CTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGA
	ESSTAPGTSPSGESST	ATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCG
	APGTSPSGESSTAPG	CTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTACT
	TSTEPSEGSAPGSPA	TCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGG
	GSAPGSSPSASTGTG	TAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCA
	PGSSTPSGATGSPGS	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTAC
	STPSGATGSPGSSTPS	TCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTG
	GATGSPGSSTPSGAT	CTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCC
	GSPGASPGTSSTGSP	CCAGGTGCATCCCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTGCAA
	GASASGAPSTGGTSP	GCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTACTTCTCCGAGCGGTG
	SGESSTAPGSTSSTA	AATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCG
	ESPGPGTSPSGESSTA	GGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTA
	PGTSESATPESGPGT	CCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGA
	STEPSEGSAPGTSTEP	ACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAA
	SEGSAPGSSPSASTG	GGTAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCC
	TGPGSSTPSGATGSP	AGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTC
	GASPGTSSTGSPGTS	CGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAG
	TPESGSASPGTSPSGE	CGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTG
	SSTAPGTSPSGESSTA	CTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACT
	PGTSESATPESGPGS	TCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTA
	EPATSGSETPGTSTEP	CTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGG
	SEGSAPGSTSESPSGT	TAGCGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCA
	APGSTSESPSGTAPG	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCTAC
	TSTPESGSASPGSPA	CCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCG
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCG
	ESGPGTSTEPSEGSA	GCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTAG
	PGSPAGSPTSTEEGT	CCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGC
	SESATPESGPGSEPA	GCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTT
	TSGSETPGSSTPSGA	CTGAAACCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCC
	TGSPGASPGTSSTGS	AGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTA
	PGSSTPSGATGSPGS	CCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCG
	TSESPSGTAPGTSPSG	TCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGC
	ESSTAPGSTSSTAESP	TCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTAGC
	GPGSSTPSGATGSPG	TCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCATCCCCGGGTAC
	ASPGTSSTGSPGTPG	CAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTT
	SGTASSSPGSPAGSP	CCTCTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGT
	TSTEEGSPAGSPTSTE	AGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCG
	EGTSTEPSEGSAPGF	AACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCT
	PTIPLSRLFDNAMLR	CGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCT
	AHRLHQLAFDTYQE	GGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAG
	FEEAYIPKEQKYSFL	AGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTC
	QNPQTSLCFSESIPTP	AGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAA
	SNREETQQKSNLELL	AGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGC
	RISLLLIQSWLEPVQF	TGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCT
	LRSVFANSLVYGAS	AGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGAT
	DSNVYDLLKDLEEGI	CTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGAT
	GQIFKQTYSKFDTNS	ACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGC
	HNDDALLKNYGLLY	TGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGT

	CFRKDMDKVETFLRI VQCRSVEGSCGF	ATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAA
hGH- AE144	FPTIPLSRLFDNAML RAHRLHQLAFDTYQ EFEEAYIPKEQKYSF LQNPQTSLCFSESIPT PSNREETQQKSNLEL LRISLLLIQSWLEPVQ FLRSVFANSLVYGAS DSNVYDLLKDLEEGI QTLMGRLEDGSPRT GQIFKQTYSKFDTNS HNDDALLKNYGLLY CFRKDMDKVETFLRI VQCRSVEGSCGFGG SEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSEPATSG SETPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGSE PATSGSETPGSEPAT SGSETPGSEPATSGS ETPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSTEPS EGSAP	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCT CTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCC AGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCG GCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTT CTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGA AACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGT AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCG AACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCC TGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACT CCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
hGH- AE288	FPTIPLSRLFDNAML RAHRLHQLAFDTYQ EFEEAYIPKEQKYSF LQNPQTSLCFSESIPT PSNREETQQKSNLEL LRISLLLIQSWLEPVQ FLRSVFANSLVYGAS DSNVYDLLKDLEEGI QTLMGRLEDGSPRT GQIFKQTYSKFDTNS HNDDALLKNYGLLY CFRKDMDKVETFLRI VQCRSVEGSCGFGG TSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESAT PESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSESATP ESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPG TSESATPESGPGTSES ATPESGPGSEPATSG SETPGSEPATSGSETP GSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAP	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTG AGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCC AGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAA CCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA CTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAG CGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGT ACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGG CAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCC TGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAG GAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTT CTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGC TACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAA TCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAG GTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACC GGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCG ACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCG CACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAG CGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGC GCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGG GCAGCGCACCA

hGH-AF144	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTT
	TSTPESGSASPGTSPS	CCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCA
	GESSTAPGTSPSGESS	GGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAG
	TAPGSTSSTAESPGP	CTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGT
	GSTSESPSGTAPGSTS	CTGGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGG
	STAESPGPGTSPSGES	TCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCT
	STAPGTSTPESGSASP	CTACTCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACT
	GSTSSTAESPGPGTSP	GCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTAC
	SGESSTAPGTSPSGES	TGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTA
	STAPGTSPSGESSTAP	CCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCA
hGH-AD576	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGA
	SSESGSSEGGPGSGG	AGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
	EPSESGSSGSSESGSS	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTG
	EGGPGSSESGSSEGG	GCGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTC
	PGSSESGSSEGGPGS	TAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCT
	SESGSSEGGPGSSES	GAGTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTT
	GSSEGGPGESPGGSS	CCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAG
	GSESGSEGSSGPGES	CGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGC
	SGSSESGSSEGGPGS	GGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGT
	SESGSSEGGPGSSES	CAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCC
	GSSEGGPGSGGEPSE	GAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTT
	SGSSGESPGGSSGSE	CTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGG
	SGESPGGSSGSESGS	CGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGT
	GGEPSESGSSGSSES	TCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAA
	GSSEGGPGSGGEPSE	GCGGTTCTTCTGAAGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGA
	SGSSGSGGEPSESGS	GTCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAG
	SGSEGSSGPGESSGE	TCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCCG
	SPGGSSGSESGSGGE	GTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTC
	PSESGSSGSGGEPSES	TGGTCCAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAG
	GSSGSGGEPSESGSS	GGCGGTCCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAG
	GSSESGSSEGGPGES	GTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGA
	PGGSSGSESGESPGG	AAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCC
	SSGSESGESPGGSSG	GAATCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTG

	SESGESPGGSSGSES	AGTCAGGTTCTGGTGGTGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCT
	GESPGGSSGSESGSS	GGTGGCGAACCATCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCG
	ESGSSEGGPGSGGEP	GTTCTTCCGAAGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATC
	SESGSSGSEGSSGPG	TGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCA
	ESSGSSESGSSEGGP	GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTC
	GSGGEPSESGSSGSS	CAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGG
	ESGSSEGGPGSGGEP	TCCAGGTGAATCTTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAA
	SESGSSGESPGGSSG	TCCTCAGGTTCCGGTGGCGAACCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTT
	SESGESPGGSSGSES	CCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAG
	GSSESGSSEGGPGSG	CGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGC
	GEPSESGSSGSSESGS	GGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGCT
	SEGGPGSGGEPSESG	CAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATC
	SSGSGGEPSESGSSG	TCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCC
	ESPGGSSGSESGSEG	GGTCCTGGTGAGTCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTT
	SSGPGESSGSSESGSS	CCGAGTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAGTCCTCA
	EGGPGSEGSSGPGES	
	S	
hGH-AE576	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ΛCΛΛAGTTGΛΛΛCCTTCCTGCGTATTGTTCΛGTGTCGTTCCGTTGΛG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTC
	SPAGSPTSTEEGTSES	TACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCA
	ATPESGPGTSTEPSE	GGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAG
	GSAPGSPAGSPTSTE	CAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCC
	EGTSTEPSEGSAPGT	GAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCG
	STEPSEGSAPGTSES	CTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAG
	ATPESGPGSEPATSG	CGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCT
	SETPGSEPATSGSETP	ACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCT
	GSPAGSPTSTEEGTS	CTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCC
	ESATPESGPGTSTEPS	AGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCT
	EGSAPGTSTEPSEGS	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	APGSPAGSPTSTEEG	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGT
	PSEGSAPGTSESATP	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTG
	ESGPGTSTEPSEGSA	AACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCC
	PGTSESATPESGPGS	TGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACT
	EPATSGSETPGTSTEP	CCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTT
	SEGSAPGTSTEPSEG	CTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGC
	SAPGTSESATPESGP	AACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGA
	GTSESATPESGPGSP	GTCCGGCCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAA
	AGSPTSTEEGTSESA	GGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTAC
	ETPGTSESATPESGP	TCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGC
	GTSTEPSEGSAPGTS	GCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGA
	EGSAPGTSTEPSEGS	ACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAA
	APGTSTEPSEGSAPG	GGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC
	TSTEPSEGSAPGSPA	CAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTC

	GSPTSTEEGTSTEPSE	TACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	ACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTG
	PGSEPATSGSETPGT	AGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGG
	SESATPESGPGSEPA	TAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAA
	TSGSETPGTSESATPE	AGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCG
	SGPGTSTEPSEGSAP	AGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGG
	GTSESATPESGPGSP	CCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCT
	PTSTEEGSPAGSPTST	CTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGA
	EEGTSESATPESGPG	GTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCA
	TSTEPSEGSAP	
hGH-AF576	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATC
	STSSTAESPGPGSTSS	TCCTGGCCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCA
	TAESPGPGSTSESPSG	GGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACTAG
	TAPGSTSSTAESPGP	CTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCAG
	GSTSSTAESPGPGTS	AATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCT
	TPESGSASPGSTSESP	CCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTC
	SGTAPGTSPSGESST	TCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTC
	APGSTSESPSGTAPG	CTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACC
	STSESPSGTAPGTSPS	GCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTC
	GESSTAPGSTSESPSG	TACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAA
	TAPGSTSESPSGTAP	TCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTC
	GTSPSGESSTAPGSTS	TACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAG
	ESPSGTAPGSTSESPS	GTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGC
	GTAPGSTSESPSGTA	GAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCG
	PGTSTPESGSASPGST	GTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCT
	SESPSGTAPGTSTPES	CCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCCAC
	GSASPGSTSSTAESP	TAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTG
	GPGSTSSTAESPGPG	CAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGC
	TSTPESGSASPGTSTP	ATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTT
	ESGSASPGSTSESPSG	CTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTACCCC
	TAPGTSTPESGSASP	GGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGC
	GTSTPESGSASPGSTS	TCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCC
	ESPSGTAPGSTSESPS	AGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCA
	GTAPGSTSESPSGTA	GCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCA
	PGSTSSTAESPGPGTS	GAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCAT
	TPESGSASPGTSTPES	CTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCT
	GSASPGSTSESPSGT	ACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAAT
	APGSTSESPSGTAPG	CTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTC
	TSTPESGSASPGSTSE	CGCTTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAG
	SPSGTAPGSTSESPSG	GTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACC
	TAPGTSTPESGSASP	CCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAAT
	GTSPSGESSTAPGSTS	CTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGC
	STAESPGPGTSPSGES	CCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCCAC
	STAPGSTSSTAESPGP	TAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTACTCCGGAAA

	GTSTPESGSASPGSTS	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACC
	ESPSGTAPGSTSSTA	GCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTA
	ESPGPGTSTPESGSAS	CCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCT
	PGTSTPESGSASP	GAAAGCGGTTCTGCATCTCCA
hGH-AE624	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGM	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAA
	AEPAGSPTSTEEGTP	CCTCCACTGAGGAAGGTACCCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCT
	GSGTASSSPGSSTPS	CCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTC
	GATGSPGASPGTSST	TCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCT
	GSPGSPAGSPTSTEE	CCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGT
	GTSESATPESGPGTS	CTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGG
	TEPSEGSAPGSPAGS	TAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTG
	APGTSTEPSEGSAPG	AGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGG
	TSESATPESGPGSEP	CCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGC
	ATSGSETPGSEPATS	GAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCT
	GSETPGSPAGSPTST	CTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGA
	EEGTSESATPESGPG	GTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCA
	TSTEPSEGSAPGTSTE	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAG
	PSEGSAPGSPAGSPT	CAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTC
	STEEGTSTEPSEGSAP	CGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGC
	GTSTEPSEGSAPGTS	GCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTA
	ESATPESGPGTSTEPS	CTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAG
	EGSAPGTSESATPES	CGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGC
	GPGSEPATSGSETPG	TCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTC
	PSEGSAPGTSESATP	TGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGC
	ESGPGTSESATPESG	AACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	PGSPAGSPTSTEEGT	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	SESATPESGPGSEPA	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTG
	TSGSETPGTSESATPE	AAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTC
	SGPGTSTEPSEGSAP	TGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGC
	GTSTEPSEGSAPGTS	GCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGA
	EGSAPGTSTEPSEGS	ACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTC
	PSEGSAPGTSESATP	TGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACC
	ESGPGSEPATSGSET	TCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAAT
	PGTSESATPESGPGS	CTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	EPATSGSETPGTSES	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCC
	GSAPGTSESATPESG	TGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGC
	PTSTEEGTSESATPES	AACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGC

	GPGTSTEPSEGSAP	AGCGCACCA
hGH-AD836	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGA
	SSESGSSEGGPGSSES	AGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
	GSSEGGPGESPGGSS	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTG
	GSESGSGGEPSESGS	GCGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTC
	SGESPGGSSGSESGE	TAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCT
	SPGGSSGSESGSSES	GAGTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTT
	GSSEGGPGSSESGSS	CCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAG
	EGGPGSSESGSSEGG	CGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGC
	PGESPGGSSGSESGE	GGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGT
	SPGGSSGSESGESPG	CAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCC
	GSSGSESGSSESGSSE	GAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTT
	GGPGSSESGSSEGGP	CTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGG
	GSSESGSSEGGPGSS	CGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGT
	ESGSSEGGPGSSESG	TCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAA
	SSEGGPGSSESGSSE	GCGGTTCTTCTGAAGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGA
	GGPGSGGEPSESGSS	GTCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAG
	GESPGGSSGSESGES	TCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCCG
	PGGSSGSESGSGGEP	GTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTC
	SESGSSGSEGSSGPG	TGGTCCAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAG
	ESSGSSESGSSEGGP	GGCGGTCCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAG
	GSGGEPSESGSSGSE	GTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGA
	GSSGPGESSGSSESG	AAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCC
	SSEGGPGSGGEPSES	GAATCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTG
	GSSGESPGGSSGSES	AGTCAGGTTCTGGTGGTGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCT
	GSGGEPSESGSSGSG	GGTGGCGAACCATCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCG
	GEPSESGSSGSSESGS	GTTCTTCCGAAGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATC
	SEGGPGSGGEPSESG	TGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCA
	SSGSGGEPSESGSSG	GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTC
	SEGSSGPGESSGESP	CAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGG
	GGSSGSESGSEGSSG	TCCAGGTGAATCTTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAA
	PGESSGSEGSSGPGE	TCCTCAGGTTCCGGTGGCGAACCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTT
	SSGSGGEPSESGSSG	CCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAG
	SSESGSSEGGPGSSES	CGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGC
	GSSEGGPGESPGGSS	GGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGCT
	GSESGSGGEPSESGS	CAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATC
	SGSEGSSGPGESSGE	TCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCC
	SPGGSSGSESGSEGS	GGTCCaGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTC
	SGPGSSESGSSEGGP	TGGTGGCGAACCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCT
	GSGGEPSESGSSGSE	TCCGGTCCGGGTGAATCTTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAG
	GSSGPGESSGSEGSS	GTGAATCTTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCA
	GPGESSGSEGSSGPG	GGTTCCGGTGGCGAACCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTG
	ESSGSGGEPSESGSS	GCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTC
	GSGGEPSESGSSGES	CAGCGGTTCTGAATCAGGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCT
	PGGSSGSESGESPGG	GAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTA

	SSGSESGSGGEPSES	GCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGG
	GSSGSEGSSGPGESS	TGGCTCTAGCGGTTCCGAATCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTG
	GESPGGSSGSESGSS	AGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCC
	ESGSSEGGPGSSESG	AGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTCCAGGTTCTGGT
	SSEGGPGSSESGSSE	GGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTT
	GGPGSGGEPSESGSS	CTTCTGAAGGTGGTCCAGGTGAATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCT
	GSSESGSSEGGPGES	GAATCAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTT
	PGGSSGSESGSGGEP	CCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCAGGTGAATCTCCAGG
	SESGSSGSSESGSSEG	TGGTTCTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAA
	GPGESPGGSSGSESG	TCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTC
	SGGEPSESGSSGESP	AGGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCA
	GGSSGSESGSGGEPS	
	ESGSS	
hGH-AE864	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTC
	SPAGSPTSTEEGTSES	TACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCA
	ATPESGPGTSTEPSE	GGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAG
	GSAPGSPAGSPTSTE	CAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCC
	EGTSTEPSEGSAPGT	GAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCG
	STEPSEGSAPGTSES	CTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAG
	ATPESGPGSEPATSG	CGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCT
	SETPGSEPATSGSETP	ACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCT
	GSPAGSPTSTEEGTS	CTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCC
	ESATPESGPGTSTEPS	AGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCT
	EGSAPGTSTEPSEGS	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	APGSPAGSPTSTEEG	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGT
	PSEGSAPGTSESATP	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTG
	ESGPGTSTEPSEGSA	AACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCC
	PGTSESATPESGPGS	TGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACT
	EPATSGSETPGTSTEP	CCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTT
	SEGSAPGTSTEPSEG	CTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGC
	SAPGTSESATPESGP	AACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGA
	GTSESATPESGPGSP	GTCCGGCCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAA
	AGSPTSTEEGTSESA	GGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTAC
	ETPGTSESATPESGP	TCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGC
	GTSTEPSEGSAPGTS	GCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGA
	EGSAPGTSTEPSEGS	ACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAA
	APGTSTEPSEGSAPG	GGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC
	TSTEPSEGSAPGSPA	CAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTC
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	ACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTG
	PGSEPATSGSETPGT	AGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGG
	SESATPESGPGSEPA	TAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAA

	TSGSETPGTSESATPE	AGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCG
	SGPGTSTEPSEGSAP	AGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGG
	GTSESATPESGPGSP	CCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCT
	PTSTEEGSPAGSPTST	CTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGA
	EEGTSESATPESGPG	GTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCA
	TSTEPSEGSAPGTSES	GGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAAC
	ATPESGPGSEPATSG	CTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	SETPGTSESATPESGP	CCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAA
	GSEPATSGSETPGTS	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTA
	ESATPESGPGTSTEPS	CTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGG
	EGSAPGSPAGSPTST	CTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCT
	EEGTSESATPESGPG	GAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCC
	SEPATSGSETPGTSES	CAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCC
	ATPESGPGSPAGSPT	GGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCT
	STEEGSPAGSPTSTEE	CCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCA
	GTSTEPSEGSAPGTS	GCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGG
	ESATPESGPGTSESA	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAA
	TPESGPGTSESATPES	AGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTG
	GPGSEPATSGSETPG	GTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAAC
	SEPATSGSETPGSPA	TCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAAC
	GSAPGTSTEPSEGSA	CTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTC
	PGSEPATSGSETPGT	TGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCA
	SESATPESGPGTSTEP	GGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	SEGSAP	
hGH-AF864	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGG
	STSESPSGTAPGTSPS	CACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAG
	GESSTAPGSTSESPSG	GTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGC
	TAPGSTSESPSGTAP	GAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCG
	GTSTPESGSASPGTS	GTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCT
	TPESGSASPGSTSESP	CCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTAC
	SGTAPGSTSESPSGT	TAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGC
	APGTSPSGESSTAPG	GAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCAC
	STSESPSGTAPGTSPS	TGCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTA
	GESSTAPGTSPSGESS	CTTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCT
	TAPGSTSSTAESPGP	ACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTT
	GTSPSGESSTAPGTSP	CTACCGCTCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCA
	SGESSTAPGSTSSTA	GGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTAC
	ESPGPGTSTPESGSAS	TCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGC
	PGTSTPESGSASPGST	GGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGC
	SESPSGTAPGSTSESP	ACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACC
	SGTAPGTSTPESGSA	TCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCTCTAC
	SPGSTSSTAESPGPGT	CGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCT
	STPESGSASPGSTSES	GCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGG

	PSGTAPGTSPSGESST	TACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCT
	APGSTSSTAESPGPG	CTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATC
	TSPSGESSTAPGTSTP	TTCTACTGCTCCAGGTACCTCTACTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTC
	ESGSASPGSTSSTAES	CAGGTTCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTAC
	PGPGSTSSTAESPGP	TAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTG
	GSTSSTAESPGPGSTS	CTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCT
	STAESPGPGTSPSGES	GGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTT
	STAPGSTSESPSGTAP	CTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGA
	GSTSESPSGTAPGTS	ATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGT
	TPESGPXXXGASASG	CCXXXXXXXXXXXXXTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGA
	APSTXXXXSESPSGT	XXXXXXXXTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCA
	APGSTSESPSGTAPG	GCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCT
	STSESPSGTAPGSTSE	TCTGGTACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGC
	SPSGTAPGSTSESPSG	TCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTA
	TAPGSTSESPSGTAP	CCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCAGGTACTTCTACTCCGGAA
	GTSTPESGSASPGTSP	AGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTAC
	SGESSTAPGTSPSGES	TGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTT
	STAPGSTSSTAESPGP	CTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCGAGC
	GTSPSGESSTAPGTS	GGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTT
	TPESGSASPGSTSESP	CCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCA
	SGTAPGSTSESPSGT	GGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCC
	APGTSPSGESSTAPG	TAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCG
	STSESPSGTAPGTSTP	TCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTT
	ESGSASPGTSTPESGS	CTCCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCT
	ASPGSTSESPSGTAP	ACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTACTTCTACCCCTGA
	GTSTPESGSASPGSTS	AAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTC
	STAESPGPGSTSESPS	CGGGTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGG
	GTAPGSTSESPSGTA	TTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTA
	PGTSPSGESSTAPGST	GCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGA
	SSTAESPGPGTSPSGE	ATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCAC
	SSTAPGTSTPESGSAS	CAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCC
	PGTSPSGESSTAPGTS	CCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCG
	PSGESSTAPGTSPSGE	AATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACC
	SSTAPGSTSSTAESPG	GCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTC
	PGSTSSTAESPGPGTS	TACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCG
	PSGESSTAPGSSPSAS	GTGAATCTTCTACTGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGT
	TGTGPGSSTPSGATG	ACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAG
	SPGSSTPSGATGSP	GTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCA
hGH-AG864	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTA
	ASPGTSSTGSPGSSPS	CTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACTGGTACTGGTCCA
	ASTGTGPGSSPSAST	GGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACTGGTACTGGTCCAGGTACCCCGGG
	GTGPGTPGSGTASSS	TAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTG
	PGSSTPSGATGSPGS	CTACCGGCTCTCCAGGTTCTAACCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGC
	NPSASTGTGPGASPG	CCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCCC
	TSSTGSPGTPGSGTA	GGGCAGCGGTACCGCATCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTG

	SSSPGSSTPSGATGSP	GTGCAACTGGTTCTCCAGGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCT
	GTPGSGTASSSPGAS	TCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGC
	PGTSSTGSPGASPGT	TTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCG
	SSTGSPGTPGSGTAS	GTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACC
	SSPGSSTPSGATGSP	GGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGG
	GASPGTSSTGSPGTP	TACCCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTC
	GSGTASSSPGSSTPS	CGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTCTAACCCTTCTGCATCCACC
	GATGSPGSNPSASTG	GGTACCGGCCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCC
	TGPGSSPSASTGTGP	AGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTA
	GSSTPSGATGSPGSS	CTCCTTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTAGC
	TPSGATGSPGASPGT	TCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGTTC
	SSTGSPGASPGTSST	TCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACTC
	GSPGASPGTSSTGSP	CTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACT
	GTPGSGTASSSPGAS	AGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGG
	PGTSSTGSPGASPGT	TTCTCCAGGTGCTTCCCCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTT
	SSTGSPGASPGTSST	CTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTACTCCGGGCAG
	GSPGSSPSASTGTGP	CGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTA
	GTPGSGTASSSPGAS	CTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCA
	PGTSSTGSPGASPGT	GGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTAC
	SSTGSPGASPGTSST	TCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTG
	GSPGSSTPSGATGSP	CTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCT
	GSSTPSGATGSPGAS	CCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCT
	PGTSSTGSPGTPGSG	CTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	TASSSPGSSTPSGAT	GGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCG
	GSPGSSTPSGATGSP	GCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGT
	GSSTPSGATGSPGSS	GCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCGG
	PSASTGTGPGASPGT	GTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCTGGCAGCGGTACTGC
	SSTGSPGASPGTSST	ATCTTCCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTC
	GSPGTPGSGTASSSP	CAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCC
	GASPGTSSTGSPGAS	CCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAG
	PGTSSTGSPGASPGT	CTCTACTGGTTCTCCAGGTACCCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCT
	SSTGSPGASPGTSST	CTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGTTCTCCAGGTACC
	GSPGTPGSGTASSSP	CCGGGTAGCGGTACCGCATCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTC
	GSSTPSGATGSPGTP	TGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTT
	GSGTASSSPGSSTPS	CCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGT
	GATGSPGTPGSGTAS	AGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCTTC
	SSPGSSTPSGATGSP	TGCATCCACCGGTACCGGTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACTG
	GSSTPSGATGSPGSS	GTACTGGTCCAGGTGCATCCCCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCC
	PSASTGTGPGSSPSA	AGGTACTCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTA
	STGTGPGASPGTSST	CTCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCC
	GSPGTPGSGTASSSP	ACCGGTACCGGCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACTG
	GSSTPSGATGSPGSS	GTCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCA
	PSASTGTGPGSSPSA	TCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTC
	STGTGPGASPGTSST	TGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACCGGTA
	GSPGASPGTSSTGSP	CTGGTCCAGGTGCATCCCCTGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGT
	GSSTPSGATGSPGSS	TCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACCGGTCCAGGTACCCCTGGCAG
	PSASTGTGPGASPGT	CGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAA
	SSTGSPGSSPSASTGT	CCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCA
	GPGTPGSGTASSSPG	GGTGCATCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
	SSTPSGATGSPGSSTP	
	SGATGSPGASPGTSS	
	TGSP	
hGH-AM875	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT

	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAG
	TSTEPSEGSAPGSEP	GCAGCGCACCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCC
	ATSGSETPGSPAGSP	AGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACC
	TSTEEGSTSSTAESPG	AGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAA
	PGTSTPESGSASPGST	GCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACT
	SESPSGTAPGSTSESP	GCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTA
	SGTAPGTSTPESGSA	CTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCG
	SPGTSTPESGSASPGS	GAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCT
	EPATSGSETPGTSES	CTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCC
	ATPESGPGSPAGSPT	AGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCT
	STEEGTSTEPSEGSAP	ACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGSPAGSPTST	AGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCG
	EEGTSTEPSEGSAPG	AACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGA
	TSTEPSEGSAPGTSES	GGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGC
	ATPESGPGTSESATP	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCT
	ESGPGTSTEPSEGSA	CTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACC
	PGTSTEPSEGSAPGT	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAA
	SESATPESGPGTSTEP	TCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAG
	SEGSAPGSEPATSGS	GTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGC
	ETPGSPAGSPTSTEE	TGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGT
	GSSTPSGATGSPGTP	GCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTC
	GSGTASSSPGSSTPS	TCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCT
	GATGSPGTSTEPSEG	CTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACC
	SAPGTSTEPSEGSAP	GTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCT
	GSEPATSGSETPGSP	GAAACTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAG
	AGSPTSTEEGSPAGS	GTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCG
	APGASASGAPSTGGT	CCAAGCACGGGAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCC
	SESATPESGPGSPAG	CAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCC
	SPTSTEEGSPAGSPTS	GGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACC
	TEEGSTSSTAESPGP	GCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCAC
	GSTSESPSGTAPGTSP	CGCACCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGT
	SGESSTAPGTPGSGT	ACCCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCC
	ASSSPGSSTPSGATG	GTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCG
	SPGSSPSASTGTGPG	GTACCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCC
	SEPATSGSETPGTSES	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAA
	ATPESGPGSEPATSG	CCGGCTACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGC
	SETPGSTSSTAESPGP	AGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCG
	GSTSSTAESPGPGTSP	GGTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTA
	SGESSTAPGSEPATS	GCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGC
	GSETPGSEPATSGSE	AACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAG
	TPGTSTEPSEGSAPG	GGCAGCGCACCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTC
	STSSTAESPGPGTSTP	CAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACT
	ESGSASPGSTSESPSG	AGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGT
	TAPGTSTEPSEGSAP	CCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAG
	GTSTEPSEGSAPGTS	CGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGT
	TEPSEGSAPGSSTPSG	AGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTC
	ATGSPGSSPSASTGT	TGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTA

	GPGASPGTSSTGSPG	CTGGTTCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCC
	SEPATSGSETPGTSES	AGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCT
	ATPESGPGSPAGSPT	GCAGGTTCTCCTACCTCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	STEEGSSTPSGATGS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	PGSSPSASTGTGPGA	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	SPGTSSTGSPGTSESA	CCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGA
	TPESGPGTSTEPSEGS	ACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAA
	APGTSTEPSEGSAP	GGTAGCGCACCA
hGH-AM1318	FPTIPLSRLFDNAML	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	RAHRLHQLAFDTYQ	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	EFEEAYIPKEQKYSF	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	PSNREETQQKSNLEL	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	FLRSVFANSLVYGAS	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	DSNVYDLLKDLEEGI	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	QTLMGRLEDGSPRT	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	GQIFKQTYSKFDTNS	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	HNDDALLKNYGLLY	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	CFRKDMDKVETFLRI	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	VQCRSVEGSCGFGG	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAG
	TSTEPSEGSAPGSEP	GCAGCGCACCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCC
	ATSGSETPGSPAGSP	AGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACC
	TSTEEGSTSSTAESPG	AGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAA
	PGTSTPESGSASPGST	GCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACT
	SESPSGTAPGSTSESP	GCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTA
	SGTAPGTSTPESGSA	CTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCG
	SPGTSTPESGSASPGS	GAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCT
	EPATSGSETPGTSES	CTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCC
	ATPESGPGSPAGSPT	AGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCT
	STEEGTSTEPSEGSAP	ACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGSPAGSPTST	AGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCG
	EEGTSTEPSEGSAPG	AACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGA
	TSTEPSEGSAPGTSES	GGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGC
	ATPESGPGTSESATP	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCT
	ESGPGTSTEPSEGSA	CTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACC
	PGTSTEPSEGSAPGT	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAA
	SESATPESGPGTSTEP	TCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAG
	SEGSAPGSEPATSGS	GTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGC
	ETPGSPAGSPTSTEE	TGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGT
	GSSTPSGATGSPGTP	GCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTC
	GSGTASSSPGSSTPS	TCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCT
	GATGSPGTSTEPSEG	CTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACC
	SAPGTSTEPSEGSAP	GTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCT
	GSEPATSGSETPGSP	GAAACTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAG
	AGSPTSTEEGSPAGS	GTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTCCAGAACCAACGGGGCCG
	APGPEPTGPAPSGGS	GCCCCAAGCGGAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACC
	EPATSGSETPGTSES	CCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCC
	ATPESGPGSPAGSPT	CGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGC
	STEEGTSESATPESGP	TACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCC
	GSPAGSPTSTEEGSP	ACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAG
	AGSPTSTEEGTSESA	GTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGC
	TPESGPGSPAGSPTST	TGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCA
	EEGSPAGSPTSTEEG	ACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGG

	STSSTAESPGPGSTSE	CCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACT
	SPSGTAPGTSPSGESS	TCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATC
	TAPGSTSESPSGTAP	TCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTA
	GSTSESPSGTAPGTSP	CCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGG
	SGESSTAPGTSTEPSE	TACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAA
	GSAPGTSESATPESG	AGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	PGTSESATPESGPGS	CTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAAC
	EPATSGSETPGTSES	CCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACT
	ATPESGPGTSESATP	TCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAAC
	ESGPGTSTEPSEGSA	CTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGA
	PGTSESATPESGPGT	GTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
	STEPSEGSAPGTSPSG	GGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCC
	ESSTAPGTSPSGESST	TAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAA
	APGTSPSGESSTAPG	TCTTCTACCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCG
	TSTEPSEGSAPGSPA	CACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTAC
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCT
	GSAPGSSPSASTGTG	GCTTCCACCGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAA
	PGSSTPSGATGSPGS	CTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCA
	STPSGATGSPGSSTPS	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTAC
	GATGSPGSSTPSGAT	CCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTGCATCCCCGGGTACTAGC
	GSPGASPGTSSTGSP	TCTACCGGTTCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGG
	GASASGAPSTGGTSP	GAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACT
	SGESSTAPGSTSSTA	AGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTG
	ESPGPGTSPSGESSTA	AATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCT
	PGTSESATPESGPGT	GGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTA
	STEPSEGSAPGTSTEP	CTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCT
	SEGSAPGSSPSASTG	GCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTAC
	TGPGSSTPSGATGSP	CGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAG
	GASPGTSSTGSPGTS	GTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCT
	TPESGSASPGTSPSGE	AGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAAT
	SSTAPGTSPSGESSTA	CTTCTACTGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGT
	PGTSESATPESGPGS	CCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTT
	EPATSGSETPGTSTEP	CTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTCTACCAGCGAATC
	SEGSAPGSTSESPSGT	CCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCA
	APGSTSESPSGTAPG	CCGCACCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGG
	TSTPESGSASPGSPA	TAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAA
	GSPTSTEEGTSESATP	AGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTG
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGA
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGC
	SESATPESGPGSEPA	GAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCTCTACCCCGT
	TSGSETPGSSTPSGA	CTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACC
	TGSPGASPGTSSTGS	GGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGG
	PGSSTPSGATGSPGS	TTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCCCCTA
	TSESPSGTAPGTSPSG	GCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	ESSTAPGSTSSTAESP	ATCTCCGGGTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTC
	GPGSSTPSGATGSPG	CAGGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCC
	ASPGTSSTGSPGTPG	GGGTAGCGGTACCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTC
	SGTASSSPGSPAGSP	CGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACT
	TSTEEGSPAGSPTSTE	GAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCA
	EGTSTEPSEGSAP	

* Названия последовательностей отражают конфигурацию от N- к С-концу фактора роста и компонентов XTEN.

Таблица 36

Примеры ГР-XTEN, включающих гормоны роста и две последовательности XTEN

ГР-XTEN Название *	Аминокислотная последовательность	Последовательность нуклеотидов ДНК
AE48-hGH-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT PGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGASPGTSST GSPGFPTIPLSRLFDN AMLRAHRLHQLAFD TYQEFEEAYIPKEQK YSFLQNPQTSLCFSE SIPTPSNREETQQKS NLELLRISLLLIQSWL EPVQFLRSVFANSLV YGASDSNVYDLLKD LEEGIQTLMGRLEDG SPRTGQIFKQTYSKF DTNSHNDDALLKNY GLLYCFRKDMDKVE TFLRIVQCRSVEGSC GFGGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSE PATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAP	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG GTTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAAT GCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTA CCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCT TTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCC GACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAA CTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGT GCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCAT CCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCAT TCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGT CAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACA ATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGT AAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTC GTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGAACCGGC AACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCT GAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCC CAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTC TACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACC TCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTG AAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGG TACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAA AGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTG GCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGC ACCA
AM48-hGH-AE144	MAEPAGSPTSTEEGA SPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGAT GSPGFPTIPLSRLFDN AMLRAHRLHQLAFD TYQEFEEAYIPKEQK YSFLQNPQTSLCFSE SIPTPSNREETQQKS NLELLRISLLLIQSWL EPVQFLRSVFANSLV YGASDSNVYDLLKD LEEGIQTLMGRLEDG SPRTGQIFKQTYSKF DTNSHNDDALLKNY GLLYCFRKDMDKVE TFLRIVQCRSVEGSC GFGGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSE PATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAP	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG CTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATG CTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTAC CAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTT TCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCG ACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAAC TACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTG CAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATC CGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATT CAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTC AGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAA TGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTA AAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCG TTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGAACCGGCA ACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTG AGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCC AGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCT ACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT CTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGA AACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGT ACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAA GCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGG CTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCA CCA
AE144-hGH-AE144	GSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPG	GGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTC TGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACC GAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTA

	SEPATSGSETPGSEP	GCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGC
	ATSGSETPGSEPATS	TACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGT
	GSETPGTSTEPSEGS	TCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCAC
	APGTSESATPESGPG	CAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGA
	SEPATSGSETPGTSTE	ACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGT
	PSEGSAPGFPTIPLSR	CCGAAGGTAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG
	LFDNAMLRAHRLHQ	TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT
	LAFDTYQEFEEAYIP	TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG
	KEQKYSFLQNPQTSL	AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA
	CFSESIPTPSNREETQ	ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC
	QKSNLELLRISLLLIQ	AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT
	SWLEPVQFLRSVFA	AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT
	NSLVYGASDSNVYD	ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA
	LLKDLEEGIQTLMGR	GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG
	LEDGSPRTGQIFKQT	CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA
	YSKFDTNSHNDDAL	CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT
	LKNYGLLYCFRKDM	TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT
	DKVETFLRIVQCRSV	TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGC
	EGSCGFGGSEPATSG	GAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCG
	SETPGTSESATPESGP	CTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCT
	GSEPATSGSETPGSP	GAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAG
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACC
	EGSAPGSEPATSGSE	GGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCC
	TPGSEPATSGSETPG	GGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAA
	SEPATSGSETPGTSTE	CTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTAC
	PSEGSAPGTSESATP	TTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCT
	ESGPGSEPATSGSET	ACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAG
	PGTSTEPSEGSAP	GTAGCGCACCA
AE288-hGH-AE144	GTSESATPESGPGSE	GGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAAC
	PATSGSETPGTSESA	CTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAA
	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGSP	CTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCT
	TPESGPGSEPATSGS	GAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCC
	ETPGTSESATPESGP	CAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGSP	GGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCT
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCA
	EGSAPGTSESATPES	GCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGG
	GPGTSESATPESGPG	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAA
	TSESATPESGPGSEP	AGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTG
	ATSGSETPGSEPATS	GTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAAC
	GSETPGSPAGSPTST	TCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	TCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAAC
	TSTEPSEGSAPGSEP	CTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTC
	ATSGSETPGTSESAT	TGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCA
	PESGPGTSTEPSEGS	GGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGA
	APGFPTIPLSRLFDNA	CTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCAC
	MLRAHRLHQLAFDT	CGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAG
	YQEFEEAYIPKEQKY	CcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACA
	SFLQNPQTSLCFSESI	GACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCG
	PTPSNREETQQKSNL	AGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCT
	ELLRISLLLIQSWLEP	GCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCG
	VQFLRSVFANSLVY	TCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATA
	GASDSNVYDLLKDL	CGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGT
	EEGIQTLMGRLEDGS	CGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGA

	PRTGQIFKQTYSKFD	CTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTA
	TNSHNDDALLKNYG	AAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAG
	LLYCFRKDMDKVET	TTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGC
	FLRIVQCRSVEGSCG	TGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAA
	FGGSEPATSGSETPG	CCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAG
	TSESATPESGPGSEP	CGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGC
	ATSGSETPGSPAGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	TSTEEGTSTEPSEGS	GTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCC
	APGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAA
	SEPATSGSETPGSEP	CCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTC
	ATSGSETPGTSTEPSE	CGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCC
	GSAPGTSESATPESG	GGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTA
	PGSEPATSGSETPGT	CTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
	STEPSEGSAP	
AF144-hGH-AE144	GTSTPESGSASPGTSP	GGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCC
	SGESSTAPGTSPSGES	TAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAAT
	STAPGSTSSTAESPGP	CTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGC
	GSTSESPSGTAPGSTS	CCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTA
	STAESPGPGTSPSGES	CTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCTAGCGG
	STAPGTSTPESGSASP	TGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCCG
	GSTSSTAESPGPGTSP	CATCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGT
	SGESSTAPGTSPSGES	ACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAG
	STAPGTSPSGESSTAP	CGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTT
	GFPTIPLSRLFDNAM	CTACCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGAT
	LRAHRLHQLAFDTY	AATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATA
	QEFEEAYIPKEQKYS	CTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTA
	FLQNPQTSLCFSESIP	CTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTA
	TPSNREETQQKSNLE	TTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCT
	LLRISLLLIQSWLEPV	GGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAAC
	QFLRSVFANSLVYG	CAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGC
	ASDSNVYDLLKDLE	GCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAG
	EGIQTLMGRLEDGSP	GCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTAC
	RTGQIFKQTYSKFDT	TGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGC
	NSHNDDALLKNYGL	CACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTT
	LYCFRKDMDKVETF	TCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAG
	LRIVQCRSVEGSCGF	TGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGAAC
	GGSEPATSGSETPGT	CGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTAC
	SESATPESGPGSEPA	TCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAA
	TSGSETPGSPAGSPTS	ACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTA
	TEEGTSTEPSEGSAP	CCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGC
	GSEPATSGSETPGSE	AACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGC
	PATSGSETPGSEPAT	TCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTC
	SGSETPGTSTEPSEGS	CAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTC
	APGTSESATPESGPG	TGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACT
	SEPATSGSETPGTSTE	TCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTA
	PSEGSAP	GCGCACCA
AD576-hGH-AE144	GSSESGSSEGGPGSG	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGA
	GEPSESGSSGSSESGS	AAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCC
	SEGGPGSSESGSSEG	AGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAGTCTGGTA
	GPGSSESGSSEGGPG	GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGA
	SSESGSSEGGPGSSES	ATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCCTCCGAAAGC
	GSSEGGPGESPGGSS	GGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCG
	GSESGSEGSSGPGES	AGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCC
	SGSSESGSSEGGPGS	AGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCT
	SESGSSEGGPGSSES	CCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTT
	GSSEGGPGSGGEPSE	CTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGG

	SGSSGESPGGSSGSE	CGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGT
	SGESPGGSSGSESGS	TCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCTGAAA
	GGEPSESGSSGSSES	GCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCC
	GSSEGGPGSGGEPSE	GAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTC
	SGSSGSGGEPSESGS	CAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATC
	SGSEGSSGPGESSGE	TCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGT
	SPGGSSGSESGSGGE	TCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTG
	PSESGSSGSGGEPSES	GTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGG
	GSSGSGGEPSESGSS	TTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGC
	GSSESGSSEGGPGES	GAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTC
	PGGSSGSESGESPGG	CAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGG
	SSGSESGESPGGSSG	TCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAA
	SESGESPGGSSGSES	TCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGTGAACC
	GESPGGSSGSESGSS	TTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAGTCT
	ESGSSEGGPGSGGEP	GGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCAG
	SESGSSGSEGSSGPG	GTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGG
	ESSGSSESGSSEGGP	CGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGT
	GSGGEPSESGSSGSS	CCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCG
	ESGSSEGGPGSGGEP	AATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAG
	SESGSSGESPGGSSG	CGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAA
	SESGESPGGSSGSES	CCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGA
	GSSESGSSEGGPGSG	AGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
	GEPSESGSSGSSESGS	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTG
	SEGGPGSGGEPSESG	GCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGG
	SSGSGGEPSESGSSG	TCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCC
	ESPGGSSGSESGSEG	GAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGTGAGTCTTCAGGTG
	SSGPGESSGSSESGSS	AATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTAGCGAAGGTTC
	EGGPGSEGSSGPGES	TTCTGGTCCTGGCGAGTCCTCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTC
	SGFPTIPLSRLFDNA	GTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTG
	MLRAHRLHQLAFDT	GCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGA
	YQEFEEAYIPKEQKY	GCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCA
	SFLQNPQTSLCFSESI	GCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAA
	PTPSNREETQQKSNL	GTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCT
	ELLRISLLLIQSWLEP	GGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTA
	VQFLRSVFANSLVY	GTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATC
	GASDSNVYDLLKDL	TCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTC
	EEGIQTLMGRLEDGS	TCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATA
	PRTGQIFKQTYSKFD	CTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCT
	TNSHNDDALLKNYG	GTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGT
	LLYCFRKDMDKVET	ATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGG
	FLRIVQCRSVEGSCG	TAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAA
	FGGSEPATSGSETPG	AGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTG
	TSESATPESGPGSEP	GCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	ATSGSETPGSPAGSP	GGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC
	TSTEEGTSTEPSEGS	GAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTA
	APGSEPATSGSETPG	CCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTC
	SEPATSGSETPGSEP	TGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCA
	ATSGSETPGTSTEPSE	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAAC
	GSAPGTSESATPESG	CGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PGSEPATSGSETPGT	GAAGGTAGCGCACCA
	STEPSEGSAP	
AE576-hGH-AE144	GSPAGSPTSTEEGTS	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTG
	ESATPESGPGTSTEPS	AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTC
	EGSAPGSPAGSPTST	CGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	GAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAG

	ATPESGPGSEPATSG	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	SETPGSEPATSGSETP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	GSPAGSPTSTEEGTS	CAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSTEPS	TGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCG
	EGSAPGTSTEPSEGS	TCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	APGSPAGSPTSTEEG	GCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGG
	TSTEPSEGSAPGTSTE	TACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACT
	PSEGSAPGTSESATP	GAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	CGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGC
	PGTSESATPESGPGS	ACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSTEP	GAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAAC
	SEGSAPGTSTEPSEG	CGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGG
	SAPGTSESATPESGP	TAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCA
	GTSESATPESGPGSP	GGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAA
	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	ACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAA
	EGSAPGTSTEPSEGS	GGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTC
	APGTSTEPSEGSAPG	CAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTC
	TSTEPSEGSAPGSPA	TACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	GSAPGTSESATPESG	GCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAA
	SESATPESGPGSEPA	AGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTG
	TSGSETPGTSESATPE	GCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGG
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACT
	GTSESATPESGPGSP	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	PTSTEEGSPAGSPTST	TACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAA
	EEGTSESATPESGPG	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTA
	TSTEPSEGSAPGFPTI	CCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCT
	PLSRLFDNAMLRAH	GTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACC
	RLHQLAFDTYQEFEE	AGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCT
	AYIPKEQKYSFLQNP	AAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCT
	QTSLCFSESIPTPSNR	GCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCA
	EETQQKSNLELLRIS	GCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTC
	LLLIQSWLEPVQFLR	AGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAA
	SVFANSLVYGASDS	TAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTG
	NVYDLLKDLEEGIQT	AAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGG
	LMGRLEDGSPRTGQI	ATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAA
	FKQTYSKFDTNSHN	ATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTAT
	DDALLKNYGLLYCF	GGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTT
	RKDMDKVETFLRIV	CCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCT
	QCRSVEGSCGFGGSE	AAGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTAC
	PATSGSETPGTSESA	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCT
	TPESGPGSEPATSGS	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTT
	ETPGSPAGSPTSTEE	CCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCC
	GTSTEPSEGSAPGSE	AGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGA
	PATSGSETPGSEPAT	ACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACT
	SGSETPGSEPATSGS	TCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCA
	ETPGTSTEPSEGSAP	GCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGG
	GTSESATPESGPGSE	TAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACC
	PATSGSETPGTSTEPS	GAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
	EGSAP	

AF576-hGH-AE144	GSTSSTAESPGPGSTS	GGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACTAG
	STAESPGPGSTSESPS	CTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCTT
	GTAPGSTSSTAESPG	CTGGTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGT
	PGSTSSTAESPGPGTS	CCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTC
	TPESGSASPGSTSESP	TACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTC
	SGTAPGTSPSGESST	CTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACC
	APGSTSESPSGTAPG	GCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTC
	STSESPSGTAPGTSPS	TACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCG
	GESSTAPGSTSESPSG	GCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC
	TAPGSTSESPSGTAP	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAG
	GTSPSGESSTAPGSTS	GTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGC
	ESPSGTAPGSTSESPS	GAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTC
	GTAPGSTSESPSGTA	TGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCA
	PGTSTPESGSASPGST	CCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTAC
	SESPSGTAPGTSTPES	TAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAA
	GSASPGSTSSTAESP	GCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCG
	GPGSTSSTAESPGPG	GGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTA
	TSTPESGSASPGTSTP	CCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCT
	ESGSASPGSTSESPSG	GAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTG
	TAPGTSTPESGSASP	GTACCGCACCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTCTCC
	GTSTPESGSASPGSTS	AGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACT
	ESPSGTAPGSTSESPS	AGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCC
	GTAPGSTSESPSGTA	GTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTG
	PGSTSSTAESPGPGTS	CACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTAC
	TPESGSASPGTSTPES	CTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTG
	GSASPGSTSESPSGT	AAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC
	APGSTSESPSGTAPG	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAG
	TSTPESGSASPGSTSE	GTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACTAGC
	SPSGTAPGSTSESPSG	GAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTC
	TAPGTSTPESGSASP	TGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTC
	GTSPSGESSTAPGSTS	CAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACT
	STAESPGPGTSPSGES	AGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTG
	STAPGSTSSTAESPGP	AATCTTCTACTGCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCT
	GTSTPESGSASPGSTS	GGCCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTC
	ESPSGTAPGSTSSTA	TACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTA
	ESPGPGTSTPESGSAS	CTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTC
	PGTSTPESGSASPGFP	TGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAG
	TIPLSRLFDNAMLRA	GTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTG
	HRLHQLAFDTYQEF	CGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAAT
	EEAYIPKEQKYSFLQ	TTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCA
	NPQTSLCFSESIPTPS	AAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTT
	NREETQQKSNLELLR	CCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCG
	ISLLLIQSWLEPVQFL	CATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTC
	RSVFANSLVYGASD	TGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGC
	SNVYDLLKDLEEGIQ	AACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCC
	TLMGRLEDGSPRTG	TGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTC
	QIFKQTYSKFDTNSH	AAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATG
	NDDALLKNYGLLYC	CGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATG
	FRKDMDKVETFLRI	GACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGA
	VQCRSVEGSCGFGG	GGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGC
	SEPATSGSETPGTSES	TCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCC
	ATPESGPGSEPATSG	CAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCC
	SETPGSPAGSPTSTEE	GGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCT
	GTSTEPSEGSAPGSE	TCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTG
	PATSGSETPGSEPAT	AAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGG
	SGSETPGSEPATSGS	TAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACC

	ETPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSTEPS EGSAP	GAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCC CTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGAC TCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
AE624- hGH- AE144	MAEPAGSPTSTEEGT PGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGASPGTSST GSPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATS GSETPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSTEPS EGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPG TSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATP ESGPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPG SPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSESATP ESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPG FPTIPLSRLFDNAML RAHRLHQLAFDTYQ EFEEAYIPKEQKYSF LQNPQTSLCFSESIPT PSNREETQQKSNLEL LRISLLLIQSWLEPVQ FLRSVFANSLVYGAS DSNVYDLLKDLEEGI QTLMGRLEDGSPRT GQIFKQTYSKFDTNS HNDDALLKNYGLLY	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA

	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGG	GTTTCTAAGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCC
	SEPATSGSETPGTSES	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAA
	ATPESGPGSEPATSG	CCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTC
	SETPGSPAGSPTSTEE	CGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAG
	GTSTEPSEGSAPGSE	CGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGT
	PATSGSETPGSEPAT	AGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGG
	SGSETPGSEPATSGS	CTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAA
	ETPGTSTEPSEGSAP	GGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTC
	GTSESATPESGPGSE	CAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTC
	PATSGSETPGTSTEPS EGSAP	TACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
AD836-hGH-AE144	GSSESGSSEGGPGSS	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGA
	ESGSSEGGPGESPGG	AAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCC
	SSGSESGSGGEPSES	AGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAGTCTGGTA
	GSSGESPGGSSGSES	GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGA
	GESPGGSSGSESGSS	ATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCCTCCGAAAGC
	ESGSSEGGPGSSESG	GGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCG
	SSEGGPGSSESGSSE	AGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCC
	GGPGESPGGSSGSES	AGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCT
	GESPGGSSGSESGES	CCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTT
	PGGSSGSESGSSESG	CTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGG
	SSEGGPGSSESGSSE	CGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGT
	GGPGSSESGSSEGGP	TCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCTGAAA
	GSSESGSSEGGPGSS	GCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCC
	ESGSSEGGPGSSESG	GAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTC
	SSEGGPGSGGEPSES	CAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATC
	GSSGESPGGSSGSES	TCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGT
	GESPGGSSGSESGSG	TCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTG
	GEPSESGSSGSEGSS	GTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGG
	GPGESSGSSESGSSE	TTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGC
	GGPGSGGEPSESGSS	GAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTC
	GSEGSSGPGESSGSS	CAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGG
	ESGSSEGGPGSGGEP	TCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAA
	SESGSSGESPGGSSG	TCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGTGAACC
	SESGSGGEPSESGSS	TTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAGTCT
	GSGGEPSESGSSGSS	GGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCAG
	ESGSSEGGPGSGGEP	GTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGG
	SESGSSGSGGEPSES	CGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGT
	GSSGSEGSSGPGESS	CCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCG
	GESPGGSSGSESGSE	AATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAG
	GSSGPGESSGSEGSS	CGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAA
	GPGESSGSGGEPSES	CCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGA
	GSSGSSESGSSEGGP	AGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
	GSSESGSSEGGPGES	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTG
	PGGSSGSESGSGGEP	GCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGG
	SESGSSGSEGSSGPG	TCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCC
	ESSGESPGGSSGSES	GAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCaGGTTCCTCTGAAAGCG
	GSEGSSGPGSSESGS	GTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCTGAATC
	SEGGPGSGGEPSESG	TGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCGGGTGAATCTTCA
	SSGSEGSSGPGESSG	GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAGCGAAG
	SEGSSGPGESSGSEG	GTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAACCATCT
	SSGPGESSGSGGEPS	GAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTA
	ESGSSGSGGEPSESG	GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAATCAGGTGA
	SSGESPGGSSGSESG	ATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAA
	ESPGGSSGSESGSGG	CCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTG

	EPSESGSSGSEGSSGP	GCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAATC
	GESSGESPGGSSGSE	AGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCG
	SGSSESGSSEGGPGS	AAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTC
	SESGSSEGGPGSSES	TTCTGAAGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGT
	GSSEGGPGSGGEPSE	AGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCAGGTG
	SGSSGSSESGSSEGG	AATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCTGGTGGCGA
	PGESPGGSSGSESGS	ACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTG
	GGEPSESGSSGSSES	AAGGTGGTCCAGGTGAATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATC
	GSSEGGPGESPGGSS	AGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAATCT
	GSESGSGGEPSESGS	CCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTT
	SGESPGGSSGSESGS	CCGAATCTGGTAGCTCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG
	GGEPSESGSSGFPTIP	TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT
	LSRLFDNAMLRAHR	TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG
	LHQLAFDTYQEFEE	AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA
	AYIPKEQKYSFLQNP	ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC
	QTSLCFSESIPTPSNR	AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT
	EETQQKSNLELLRIS	AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT
	LLLIQSWLEPVQFLR	ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA
	SVFANSLVYGASDS	GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG
	NVYDLLKDLEEGIQT	CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA
	LMGRLEDGSPRTGQI	CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT
	FKQTYSKFDTNSHN	TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT
	DDALLKNYGLLYCF	TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGC
	RKDMDKVETFLRIV	GAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCG
	QCRSVEGSCGFGGSE	CTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCT
	PATSGSETPGTSESA	GAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAG
	TPESGPGSEPATSGS	GTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACC
	ETPGSPAGSPTSTEE	GGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCC
	GTSTEPSEGSAPGSE	GGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAA
	PATSGSETPGSEPAT	CTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTAC
	SGSETPGSEPATSGS	TTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCT
	ETPGTSTEPSEGSAP	ACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAG
	GTSESATPESGPGSE	GTAGCGCACCA
	PATSGSETPGTSTEPS	
	EGSAP	
AE864-hGH-AE144	GSPAGSPTSTEEGTS	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTG
	ESATPESGPGTSTEPS	AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTC
	EGSAPGSPAGSPTST	CGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	GAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAG
	ATPESGPGSEPATSG	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	SETPGSEPATSGSETP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	GSPAGSPTSTEEGTS	CAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSTEPS	TGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCG
	EGSAPGTSTEPSEGS	TCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	APGSPAGSPTSTEEG	GCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGG
	TSTEPSEGSAPGTSTE	TACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACT
	PSEGSAPGTSESATP	GAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	CGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGC
	PGTSESATPESGPGS	ACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSTEP	GAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAAC
	SEGSAPGTSTEPSEG	CGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGG
	SAPGTSESATPESGP	TAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCA
	GTSESATPESGPGSP	GGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAA

	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	ACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAA
	EGSAPGTSTEPSEGS	GGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTC
	APGTSTEPSEGSAPG	CAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTC
	TSTEPSEGSAPGSPA	TACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	GSAPGTSESATPESG	GCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAA
	SESATPESGPGSEPA	AGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTG
	TSGSETPGTSESATPE	GCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGG
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACT
	GTSESATPESGPGSP	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	PTSTEEGSPAGSPTST	TACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAA
	EEGTSESATPESGPG	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAA
	ATPESGPGSEPATSG	CTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGA
	SETPGTSESATPESGP	GACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGT
	GSEPATSGSETPGTS	AGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAA
	ESATPESGPGTSTEPS	GCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGA
	EGSAPGSPAGSPTST	GGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAA
	EEGTSESATPESGPG	GAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCG
	SEPATSGSETPGTSES	AACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGC
	ATPESGPGSPAGSPT	TACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCC
	STEEGSPAGSPTSTEE	ACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAG
	GTSTEPSEGSAPGTS	GTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGA
	ESATPESGPGTSESA	AAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACT
	TPESGPGTSESATPES	CCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTG
	GPGSEPATSGSETPG	GCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAG
	SEPATSGSETPGSPA	CGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGC
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAG
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCC
	PGSEPATSGSETPGT	AGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCT
	SESATPESGPGTSTEP	GAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	SEGSAPGFPTIPLSRL	CCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG
	FDNAMLRAHRLHQL	TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT
	AFDTYQEFEEAYIPK	TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG
	EQKYSFLQNPQTSLC	AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC
	KSNLELLRISLLLIQS	AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT
	WLEPVQFLRSVFAN	AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT
	SLVYGASDSNVYDL	ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA
	LKDLEEGIQTLMGRL	GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG
	EDGSPRTGQIFKQTY	CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA
	SKFDTNSHNDDALL	CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT
	KNYGLLYCFRKDMD	TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT
	KVETFLRIVQCRSVE	TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGC
	GSCGFGGSEPATSGS	GAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCG
	ETPGTSESATPESGP	CTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCT
	GSEPATSGSETPGSP	GAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAG
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACC
	EGSAPGSEPATSGSE	GGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCC
	TPGSEPATSGSETPG	GGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAA
	SEPATSGSETPGTSTE	CTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTAC
	PSEGSAPGTSESATP	TTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCT

	ESGPGSEPATSGSET PGTSTEPSEGSAP	ACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAG GTAGCGCACCA
AF864- hGH- AE144	GSTSESPSGTAPGTSP SGESSTAPGSTSESPS GTAPGSTSESPSGTA PGTSTPESGSASPGTS TPESGSASPGSTSESP SGTAPGSTSESPSGT APGTSPSGESSTAPG STSESPSGTAPGTSPS GESSTAPGTSPSGESS TAPGSTSSTAESPGP GTSPSGESSTAPGTSP SGESSTAPGSTSSTA ESPGPGTSTPESGSAS PGTSTPESGSASPGST SESPSGTAPGSTSESP SGTAPGTSTPESGSA SPGSTSSTAESPGPGT STPESGSASPGSTSES PSGTAPGTSPSGESST APGSTSSTAESPGPG TSPSGESSTAPGTSTP ESGSASPGSTSSTAES PGPGSTSSTAESPGP GSTSSTAESPGPGSTS STAESPGPGTSPSGES STAPGSTSESPSGTAP GSTSESPSGTAPGTS TPESGPXXXGASASG APSTXXXXSESPSGT APGSTSESPSGTAPG STSESPSGTAPGSTSE SPSGTAPGSTSESPSG TAPGSTSESPSGTAP GTSTPESGSASPGTSP SGESSTAPGTSPSGES STAPGSTSSTAESPGP GTSPSGESSTAPGTS TPESGSASPGSTSESP SGTAPGSTSESPSGT APGTSPSGESSTAPG STSESPSGTAPGTSTP ESGSASPGTSTPESGS ASPGSTSESPSGTAP GTSTPESGSASPGSTS STAESPGPGSTSESPS GTAPGSTSESPSGTA PGTSPSGESSTAPGST SSTAESPGPGTSPSGE SSTAPGTSTPESGSAS PGTSPSGESSTAPGTS PSGESSTAPGTSPSGE SSTAPGSTSSTAESPG PGSTSSTAESPGPGTS PSGESSTAPGSSPSAS	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCC TAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTT CTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCT CCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTC TACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCT CCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTAC CGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGT TCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCTCCAGGTACTTCTCCTAG CGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGCGAATCTT CTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCA GGTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCTCC GAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAG AATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATC TCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTA CTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCT CCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCG CTTCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGT ACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCG AATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCT TCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCC AGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTA CTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCA GAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGG CCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTA CCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGT GAATCTTCTACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCAC TGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGT ACCTCTACCCCTGAAAGCGGTCCXXXXXXXXXXXXXTGCAAGCGCA AGCGGCGCGCCAAGCACGGGAXXXXXXXXTAGCGAATCTCCTTCT GGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCC AGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCAGGTTCTACTA GCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCG TCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGC ACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACT TCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGG CGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTC CGGGTCCAGGTACTTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGG TACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCG AATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCT GGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCAC CAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCT ACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCAGGTACTTCTACCCCGGAAA GCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACC GCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTC CACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCGAA TCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGG TACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCA GGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCC GAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGC GGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGC TCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCT CCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACT GCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCC TGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGT

	TGTGPGSSTPSGATG	TCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCC
	SPGSSTPSGATGSPG	GTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAA
	FPTIPLSRLFDNAML	CCGGCTCCCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGAT
	RAHRLHQLAFDTYQ	AATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTA
	PSNREETQQKSNLEL	TTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	GGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAAC
	FLRSVFANSLVYGAS	CAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGC
	DSNVYDLLKDLEEGI	GCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAG
	QTLMGRLEDGSPRT	GCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGC
	HNDDALLKNYGLLY	CACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTT
	CFRKDMDKVETFLRI	TCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAG
	VQCRSVEGSCGFGG	TGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGAAC
	SEPATSGSETPGTSES	CGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTAC
	ATPESGPGSEPATSG	TCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAA
	SETPGSPAGSPTSTEE	ACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGSE	CCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGC
	PATSGSETPGSEPAT	AACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGC
	SGSETPGSEPATSGS	TCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTC
	ETPGTSTEPSEGSAP	CAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTC
	GTSESATPESGPGSE	TGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACT
	PATSGSETPGTSTEPS	TCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTA
	EGSAP	GCGCACCA
AG864-hGH-AE144	GASPGTSSTGSPGSS	GGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCC
	PSASTGTGPGSSPSA	GTCTGCTTCTACTGGTACTGGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCA
	STGTGPGTPGSGTAS	CTGGTACTGGTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCT
	SSPGSSTPSGATGSP	CCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTCTAA
	GSNPSASTGTGPGAS	CCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTGCTTCTCCGGGCACC
	PGTSSTGSPGTPGSG	AGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTT
	TASSSPGSSTPSGAT	CTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGTTCTCCAGGT
	GSPGTPGSGTASSSP	ACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGG
	GASPGTSSTGSPGAS	TACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTA
	PGTSSTGSPGTPGSG	CTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCA
	TASSSPGSSTPSGAT	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCC
	GSPGASPGTSSTGSP	GGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACC
	GTPGSGTASSSPGSS	GCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTC
	TPSGATGSPGSNPSA	TCCAGGTTCTAACCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCTA
	STGTGPGSSPSASTG	GCCCTTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	TGPGSSTPSGATGSP	GGTGCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGG
	GSSTPSGATGSPGAS	CTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTG
	PGTSSTGSPGASPGT	CATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGT
	SSTGSPGASPGTSST	ACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTC
	GSPGTPGSGTASSSP	TTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAG
	GASPGTSSTGSPGAS	GTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCCCCG
	PGTSSTGSPGASPGT	GGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTAC
	SSTGSPGSSPSASTGT	TGGTACTGGCCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTC
	GPGTPGSGTASSSPG	CAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCC
	ASPGTSSTGSPGASP	CCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAG
	GTSSTGSPGASPGTS	CTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTT
	STGSPGSSTPSGATG	CCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCA
	SPGSSTPSGATGSPG	TCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGCAGCG
	ASPGTSSTGSPGTPG	GTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACC
	SGTASSSPGSSTPSG	GGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAG
	ATGSPGSSTPSGATG	GTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCG

	SPGSSTPSGATGSPG	TCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTC
	SSPSASTGTGPGASP	TACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTC
	GTSSTGSPGASPGTS	CAGGTACTCCTGGCAGCGGTACTGCATCTTCCTCTCCAGGTGCTTCT
	STGSPGTPGSGTASS	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTA
	SPGASPGTSSTGSPG	GCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGT
	ASPGTSSTGSPGASP	TCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAC
	GTSSTGSPGASPGTS	CCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGT
	STGSPGTPGSGTASS	CTGGTGCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCATC
	SPGSSTPSGATGSPG	TTCTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAG
	TPGSGTASSSPGSSTP	GTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACC
	SGATGSPGTPGSGTA	CCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGC
	SSSPGSSTPSGATGSP	TACTGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTC
	GSSTPSGATGSPGSS	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACTGGTACTGGTCCAGGTGCATCC
	PSASTGTGPGSSPSA	CCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCTGGTAGCGGTA
	STGTGPGASPGTSST	CTGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTT
	GSPGTPGSGTASSSP	CTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCT
	GSSTPSGATGSPGSS	AGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCTTCTCCGGGTAC
	PSASTGTGPGSSPSA	TAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCTCCTGGTACTAGCTCTACTG
	STGTGPGASPGTSST	GTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGT
	GSPGASPGTSSTGSP	TCTAGCCCTTCTGCATCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCATCCCCTGG
	GSSTPSGATGSPGSS	TACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCG
	PSASTGTGPGASPGT	GTACCGGTCCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCC
	SSTGSPGSSPSASTGT	AGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCT
	GPGTPGSGTASSSPG	ACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAG
	SSTPSGATGSPGSSTP	CTCTACCGGTTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTT
	SGATGSPGASPGTSS	TGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTG
	TGSPGFPTIPLSRLFD	ATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAA
	NAMLRAHRLHQLAF	GTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAAT
	DTYQEFEEAYIPKEQ	CTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAA
	KYSFLQNPQTSLCFS	TCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAG
	ESIPTPSNREETQQKS	AACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTAT
	NLELLRISLLLIQSWL	GGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGG
	EPVQFLRSVFANSLV	AAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCG
	YGASDSNVYDLLKD	TACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACA
	LEEGIQTLMGRLEDG	GCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTG
	SPRTGQIFKQTYSKF	TTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTC
	DTNSHNDDALLKNY	AGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGA
	GLLYCFRKDMDKVE	ACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT
	TFLRIVQCRSVEGSC	ACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTG
	GFGGSEPATSGSETP	AAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGSE	TACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCG
	PATSGSETPGSPAGS	GCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCG
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAAC
	APGSEPATSGSETPG	TCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACT
	SEPATSGSETPGSEP	TCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTA
	ATSGSETPGTSTEPSE	CTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGG
	GSAPGTSESATPESG	TAGCGCACCA
	PGSEPATSGSETPGT	
	STEPSEGSAP	
AM875-hGH-AE144	GTSTEPSEGSAPGSE	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAAC
	PATSGSETPGSPAGS	CGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCC
	PTSTEEGSTSSTAESP	AACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCT
	GPGTSTPESGSASPG	GGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTT
	STSESPSGTAPGSTSE	CTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGA
	SPSGTAPGTSTPESGS	ATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTT
	ASPGTSTPESGSASP	CCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA

	GSEPATSGSETPGTS	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTG
	ESATPESGPGSPAGS	AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGC
	APGTSESATPESGPG	GCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGA
	PSEGSAPGSPAGSPT	ACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACC
	STEEGTSTEPSEGSAP	TCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSESA	TGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT
	TPESGPGTSTEPSEGS	ACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	GCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGG
	TSESATPESGPGTSTE	TACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTACT
	PSEGSAPGSEPATSG	GAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTG
	SETPGSPAGSPTSTEE	GTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGA
	GSSTPSGATGSPGTP	GGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTC
	GSGTASSSPGSSTPS	CGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGTSTEPSEG	GGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	SAPGTSTEPSEGSAP	GCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG
	GSEPATSGSETPGSP	TAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCTGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	GGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGA
	PTSTEEGTSTEPSEGS	CTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGC
	APGASASGAPSTGGT	TCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTACTTC
	SESATPESGPGSPAG	TGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCT
	SPTSTEEGSPAGSPTS	CCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTA
	TEEGSTSSTAESPGP	CTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGG
	GSTSESPSGTAPGTSP	TTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTA
	SGESSTAPGTPGSGT	GCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGC
	ASSSPGSSTPSGATG	TTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTC
	SPGSSPSASTGTGPG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTAGCGA
	SEPATSGSETPGTSES	ACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT
	ATPESGPGSEPATSG	ACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTG
	SETPGSTSSTAESPGP	AAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGG
	GSTSSTAESPGPGTSP	TTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCTCCTA
	SGESSTAPGSEPATS	GCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGG
	GSETPGSEPATSGSE	CTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGAAACC
	TPGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTCTA
	STSSTAESPGPGTSTP	CCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGA
	ESGSASPGSTSESPSG	AAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCA
	TAPGTSTEPSEGSAP	CTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGG
	GTSTEPSEGSAPGTS	TACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACC
	TEPSEGSAPGSSTPSG	GAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTG
	ATGSPGSSPSASTGT	CAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGC
	GPGASPGTSSTGSPG	CCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCG
	SEPATSGSETPGTSES	AACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGC
	ATPESGPGSPAGSPT	AACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACCTCC
	STEEGSSTPSGATGS	ACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAG
	PGSSPSASTGTGPGA	GTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCG
	SPGTSSTGSPGTSESA	GGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTC
	TPESGPGTSTEPSEGS	CGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGC
	APGTSTEPSEGSAPG	TCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTTT
	FPTIPLSRLFDNAML	CCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGC
	RAHRLHQLAFDTYQ	GCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAA
	EFEEAYIPKEQKYSF	GAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACC
	LQNPQTSLCFSESIPT	CACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAAT
	PSNREETQQKSNLEL	CGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	CTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGT

	FLRSVFANSLVYGAS	TCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACG
	DSNVYDLLKDLEEGI	TATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGAT
	QTLMGRLEDGSPRT	GGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAG
	GQIFKQTYSKFDTNS	CAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGC
	HNDDALLKNYGLLY	TTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGAC
	CFRKDMDKVETFLRI	AAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGG
	VQCRSVEGSCGFGG	CAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCT
	SEPATSGSETPGTSES	GAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAG
	ATPESGPGSEPATSG	GTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGC
	SETPGSPAGSPTSTEE	AGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCT
	GTSTEPSEGSAPGSE	GAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAA
	PATSGSETPGSEPAT	CCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAG
	SGSETPGSEPATSGS	CGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAA
	ETPGTSTEPSEGSAP	CCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTG
	GTSESATPESGPGSE	AATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCC
	PATSGSETPGTSTEPS	AGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
	EGSAP	
AE912-hGH-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC

	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTG
	QCRSVEGSCGFGGTS	GTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGA
	ESATPESGPGTSTEPS	AAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCT
	EGSAPGTSTEPSEGS	GGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCG
	APGTSESATPESGPG	AGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAG
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCT
	PSEGSAPGTSESATP	ACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTT
	ESGPGTSTEPSEGSA	CTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACC
	PGTSTEPSEGSAPGT	AGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAA
	STEPSEGSAPGSPAG	CCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTC
	SPTSTEEGTSTEPSEG SAPG	CGAAGGTAGCGCACCA
AM923-hGH-AE144	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGTSTEPSEGSAP	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GSEPATSGSETPGSP	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	AGSPTSTEEGSTSST	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	AESPGPGTSTPESGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	ASPGSTSESPSGTAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	GSTSESPSGTAPGTS	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	TPESGSASPGTSTPES	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSASPGSEPATSGSE	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	TPGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC

	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	PGTSTEPSEGSAPGSP	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	APGTSESATPESGPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSESATPESGPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSTEPSE	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	GSAPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGTSTEPSEGSAPGS	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	EPATSGSETPGSPAG	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	SPTSTEEGSSTPSGAT	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	GSPGTPGSGTASSSP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GSSTPSGATGSPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGSEPATSGSE	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	TPGSPAGSPTSTEEG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGASASGAP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	STGGTSESATPESGP	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	GSPAGSPTSTEEGSP	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	AGSPTSTEEGSTSST	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	AESPGPGSTSESPSGT	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	APGTSPSGESSTAPG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	TPGSGTASSSPGSSTP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	SGATGSPGSSPSAST	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	GTGPGSEPATSGSET	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGTSESATPESGPGS	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	EPATSGSETPGSTSST	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	AESPGPGSTSSTAESP	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	ATSGSETPGTSTEPSE	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSAPGSTSSTAESPG	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	PGTSTPESGSASPGST	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	APGTSTEPSEGSAPG	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	SSTPSGATGSPGSSPS	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	ASTGTGPGASPGTSS	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	TGSPGSEPATSGSET	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	PGTSESATPESGPGSP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	AGSPTSTEEGSSTPS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	GATGSPGSSPSASTG	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	TGPGASPGTSSTGSP	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	DNAMLRAHRLHQL	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AFDTYQEFEEAYIPK	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	EQKYSFLQNPQTSLC	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	FSESIPTPSNREETQQ	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	KSNLELLRISLLLIQS	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTgTTCGCCAATAGCC
	WLEPVQFLRSVFAN	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	SLVYGASDSNVYDL	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC

	LKDLEEGIQTLMGRL	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	EDGSPRTGQIFKQTY	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	SKFDTNSHNDDALL	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	KNYGLLYCFRKDMD	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCGGAGGTA
	KVETFLRIVQCRSVE	CTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTACCTCTACCGA
	GSCGFGGSEPATSGS	ACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAG
	ETPGTSESATPESGP	GGTAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTC
	GSEPATSGSETPGSP	CAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	TACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT
	EGSAPGSEPATSGSE	ACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTA
	TPGSEPATSGSETPG	GCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGG
	SEPATSGSETPGTSTE	TACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCA
	PSEGSAPGTSESATP	GGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCG
	ESGPGSEPATSGSET	AGGGTAGCGCACCAGGTTAA
	PGTSTEPSEGSAP	
AM1318-hGH-AE144	GTSTEPSEGSAPGSE	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAAC
	PATSGSETPGSPAGS	CGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCC
	PTSTEEGSTSSTAESP	AACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCT
	GPGTSTPESGSASPG	GGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTT
	STSESPSGTAPGSTSE	CTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGA
	SPSGTAPGTSTPESGS	ATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTT
	ASPGTSTPESGSASP	CCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA
	GSEPATSGSETPGTS	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTG
	ESATPESGPGSPAGS	AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGC
	APGTSESATPESGPG	GCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGA
	PSEGSAPGSPAGSPT	ACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACC
	STEEGTSTEPSEGSAP	TCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSESA	TGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT
	TPESGPGTSTEPSEGS	ACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	GCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGG
	TSESATPESGPGTSTE	TACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTACT
	PSEGSAPGSEPATSG	GAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTG
	SETPGSPAGSPTSTEE	GTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGA
	GSSTPSGATGSPGTP	GGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTC
	GSGTASSSPGSSTPS	CGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGTSTEPSEG	GGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	SAPGTSTEPSEGSAP	GCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG
	GSEPATSGSETPGSP	TAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCTGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	GGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGA
	PTSTEEGTSTEPSEGS	CTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGC
	APGPEPTGPAPSGGS	TCCAGGTCCAGAACCAACGGGGCCGGCCCCAAGCGGAGGTAGCGA
	EPATSGSETPGTSES	ACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT
	ATPESGPGSPAGSPT	ACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCA
	STEEGTSESATPESGP	CTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGG
	GSPAGSPTSTEEGSP	TAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCT
	AGSPTSTEEGTSESA	GGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	TPESGPGSPAGSPTST	CTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	EEGSPAGSPTSTEEG	GGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCT
	STSSTAESPGPGSTSE	ACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCGAAT
	SPSGTAPGTSPSGESS	CTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCT
	TAPGSTSESPSGTAP	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAG
	GSTSESPSGTAPGTSP	GTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCT
	SGESSTAPGTSTEPSE	AGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCG

	GSAPGTSESATPESG	AGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGG
	PGTSESATPESGPGS	CCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSES	GAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCG
	ATPESGPGTSESATP	CTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGA
	ESGPGTSTEPSEGSA	ATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCA
	PGTSESATPESGPGT	GGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTA
	STEPSEGSAPGTSPSG	CTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGA
	ESSTAPGTSPSGESST	ATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCG
	APGTSPSGESSTAPG	CTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTACT
	TSTEPSEGSAPGSPA	TCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGG
	GSAPGSSPSASTGTG	TAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCA
	PGSSTPSGATGSPGS	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTAC
	STPSGATGSPGSSTPS	TCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTG
	GATGSPGSSTPSGAT	CTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCC
	GSPGASPGTSSTGSP	CCAGGTGCATCCCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTGCAA
	GASASGAPSTGGTSP	GCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTACTTCTCCGAGCGGTG
	SGESSTAPGSTSSTA	AATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCG
	ESPGPGTSPSGESSTA	GGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTA
	PGTSESATPESGPGT	CCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGA
	STEPSEGSAPGTSTEP	ACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAA
	SEGSAPGSSPSASTG	GGTAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCC
	TGPGSSTPSGATGSP	AGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTC
	GASPGTSSTGSPGTS	CGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAG
	TPESGSASPGTSPSGE	CGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTG
	SSTAPGTSPSGESSTA	CTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACT
	PGTSESATPESGPGS	TCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTA
	EPATSGSETPGTSTEP	CTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGG
	SEGSAPGSTSESPSGT	TAGCGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCA
	APGSTSESPSGTAPG	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCTAC
	TSTPESGSASPGSPA	CCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCG
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCG
	ESGPGTSTEPSEGSA	GCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTAG
	PGSPAGSPTSTEEGT	CCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGC
	SESATPESGPGSEPA	GCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTT
	TSGSETPGSSTPSGA	CTGAAACCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCC
	TGSPGASPGTSSTGS	AGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTA
	PGSSTPSGATGSPGS	CCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCG
	TSESPSGTAPGTSPSG	TCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGC
	ESSTAPGSTSSTAESP	TCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTAGC
	GPGSSTPSGATGSPG	TCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCATCCCCGGGTAC
	ASPGTSSTGSPGTPG	CAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTT
	SGTASSSPGSPAGSP	CCTCTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGT
	TSTEEGSPAGSPTSTE	AGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCG
	EGTSTEPSEGSAPGF	AACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCT
	PTIPLSRLFDNAMLR	CGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCT
	AHRLHQLAFDTYQE	GGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAG
	FEEAYIPKEQKYSFL	AGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTC
	QNPQTSLCFSESIPTP	AGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAA
	SNREETQQKSNLELL	AGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGC
	RISLLLIQSWLEPVQF	TGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCT
	LRSVFANSLVYGAS	AGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGAT
	DSNVYDLLKDLEEGI	CTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGAT
	GQIFKQTYSKFDTNS	ACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGC
	HNDDALLKNYGLLY	TGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGT

	CFRKDMDKVETFLRI VQCRSVEGSCGFGG SEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSEPATSG SETPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGSE PATSGSETPGSEPAT SGSETPGSEPATSGS ETPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSTEPS EGSAP	ATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGG TAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAA AGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTG GCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGA GGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC GAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTA CCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTC TGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCA GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAAC CGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC GAAGGTAGCGCACCA
AE48- hGH- AE288	MAEPAGSPTSTEEGT PGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGASPGTSST GSPGFPTIPLSRLFDN AMLRAHRLHQLAFD TYQEFEEAYIPKEQK YSFLQNPQTSLCFSE SIPTPSNREETQQKS NLELLRISLLLIQSWL EPVQFLRSVFANSLV YGASDSNVYDLLKD LEEGIQTLMGRLEDG SPRTGQIFKQTYSKF DTNSHNDDALLKNY GLLYCFRKDMDKVE TFLRIVQCRSVEGSC GFGGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPG SPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSESATPES GPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATS GSETPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGS AP	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG GTTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAAT GCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTA CCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCT TTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCC GACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAA CTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGT GCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCAT CCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCAT TCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGT CAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACA ATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGT AAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTC GTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGAAAG CGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGC TCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTC CAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTC TGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCG TCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCA CCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAG GTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGA AAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCG ACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTG AAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAC TTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGC GCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGG AATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCC AGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCA GCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTT CCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAG CGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGT ACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
AM48- hGH- AE288	MAEPAGSPTSTEEGA SPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGAT GSPGFPTIPLSRLFDN AMLRAHRLHQLAFD TYQEFEEAYIPKEQK YSFLQNPQTSLCFSE SIPTPSNREETQQKS	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG CTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATG CTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTAC CAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTT TCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCG ACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAAC

	NLELLRISLLLIQSWL	TACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTG
	EPVQFLRSVFANSLV	CAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATC
	YGASDSNVYDLLKD	CGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATT
	LEEGIQTLMGRLEDG	CAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTC
	SPRTGQIFKQTYSKF	AGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAA
	DTNSHNDDALLKNY	TGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTA
	GLLYCFRKDMDKVE	AAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCG
	TFLRIVQCRSVEGSC	TTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGAAAGC
	GFGGTSESATPESGP	GCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCT
	GSEPATSGSETPGTS	CTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCC
	ESATPESGPGSEPAT	AGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCT
	SGSETPGTSESATPES	GAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	CCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCAC
	SPAGSPTSTEEGTSES	CGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGT
	ATPESGPGSEPATSG	AGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAA
	SETPGTSESATPESGP	GCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGAC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAA
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTT
	EGSAPGTSESATPES	CTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGC
	GPGTSESATPESGPG	TACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAA
	TSESATPESGPGSEP	TCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAG
	ATSGSETPGSEPATS	GTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGC
	GSETPGSPAGSPTST	AGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCC
	EEGTSTEPSEGSAPG	GAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCG
	TSTEPSEGSAPGSEP	CTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAC
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAA
	PESGPGTSTEPSEGS AP	CCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
AE144-hGH-AE288	GSEPATSGSETPGTS	GGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	ESATPESGPGSEPAT	AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTC
	SGSETPGSPAGSPTST	TGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACC
	EEGTSTEPSEGSAPG	GAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTA
	SEPATSGSETPGSEP	GCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGC
	ATSGSETPGSEPATS	TACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGT
	GSETPGTSTEPSEGS	TCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCAC
	APGTSESATPESGPG	CAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGA
	SEPATSGSETPGTSTE	ACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGT
	PSEGSAPGFPTIPLSR	CCGAAGGTAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG
	LFDNAMLRAHRLHQ	TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT
	LAFDTYQEFEEAYIP	TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG
	KEQKYSFLQNPQTSL	AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA
	CFSESIPTPSNREETQ	ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC
	QKSNLELLRISLLLIQ	AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT
	SWLEPVQFLRSVFA	AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT
	NSLVYGASDSNVYD	ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA
	LLKDLEEGIQTLMGR	GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG
	LEDGSPRTGQIFKQT	CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA
	YSKFDTNSHNDDAL	CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT
	LKNYGLLYCFRKDM	TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT
	DKVETFLRIVQCRSV	TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCT
	EGSCGFGGTSESATP	CTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	ESGPGSEPATSGSET	CTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAA
	PGTSESATPESGPGS	TCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAG
	EPATSGSETPGTSES	GTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACT
	ATPESGPGTSTEPSE	GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAA
	GSAPGSPAGSPTSTE	CCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGG

	EGTSESATPESGPGS	CCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACT
	EPATSGSETPGTSES	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	ATPESGPGSPAGSPT	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	STEEGSPAGSPTSTEE	TACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCA
	GTSTEPSEGSAPGTS	GGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTG
	ESATPESGPGTSESA	AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTAC
	TPESGPGTSESATPES	CCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAA
	GPGSEPATSGSETPG	ACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTA
	SEPATSGSETPGSPA	GCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGA
	GSPTSTEEGTSTEPSE	ACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAG
	GSAPGTSTEPSEGSA	GGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCC
	PGSEPATSGSETPGT	CAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTC
	SESATPESGPGTSTEP	TACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	SEGSAP	
AE288-hGH-AE288	GTSESATPESGPGSE	GGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAAC
	PATSGSETPGTSESA	CTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAA
	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGSP	CTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCT
	TPESGPGSEPATSGS	GAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCC
	ETPGTSESATPESGP	CAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGSP	GGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCT
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCA
	EGSAPGTSESATPES	GCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGG
	GPGTSESATPESGPG	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAA
	TSESATPESGPGSEP	AGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTG
	ATSGSETPGSEPATS	GTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAAC
	GSETPGSPAGSPTST	TCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	TCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAAC
	TSTEPSEGSAPGSEP	CTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTC
	ATSGSETPGTSESAT	TGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCA
	PESGPGTSTEPSEGS	GGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGA
	APGFPTIPLSRLFDNA	CTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCAC
	MLRAHRLHQLAFDT	CGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAG
	YQEFEEAYIPKEQKY	CcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACA
	SFLQNPQTSLCFSESI	GACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCG
	PTPSNREETQQKSNL	AGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCT
	ELLRISLLLIQSWLEP	GCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCG
	VQFLRSVFANSLVY	TCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATA
	GASDSNVYDLLKDL	CGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGT
	EEGIQTLMGRLEDGS	CGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGA
	PRTGQIFKQTYSKFD	CTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTA
	TNSHNDDALLKNYG	AAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAG
	LLYCFRKDMDKVET	TTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGC
	FLRIVQCRSVEGSCG	TGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	FGGTSESATPESGPG	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	SEPATSGSETPGTSES	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	ATPESGPGSEPATSG	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	SETPGTSESATPESGP	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GTSTEPSEGSAPGSP	AGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCT
	AGSPTSTEEGTSESA	GAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACC
	TPESGPGSEPATSGS	TCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGT
	ETPGTSESATPESGP	CCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGG
	GSPAGSPTSTEEGSP	TAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCC

	EGSAPGTSESATPES GPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATS GSETPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGS AP	CTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGG TCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGC GAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTA CCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTC CACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCA GGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAAC CTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTAC TCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGC GCACCA
AF144- hGH- AE288	GTSTPESGSASPGTSP SGESSTAPGTSPSGES STAPGSTSSTAESPGP GSTSESPSGTAPGSTS STAESPGPGTSPSGES STAPGTSTPESGSASP GSTSSTAESPGPGTSP SGESSTAPGTSPSGES STAPGTSPSGESSTAP GFPTIPLSRLFDNAM LRAHRLHQLAFDTY QEFEEAYIPKEQKYS FLQNPQTSLCFSESIP TPSNREETQQKSNLE LLRISLLLIQSWLEPV QFLRSVFANSLVYG ASDSNVYDLLKDLE EGIQTLMGRLEDGSP RTGQIFKQTYSKFDT NSHNDDALLKNYGL LYCFRKDMDKVETF LRIVQCRSVEGSCGF GGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSES ATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSESATPES GPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATS GSETPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGS AP	GGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCC TAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAAT CTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGC CCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTA CTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCTAGCGG TGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCCG CATCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGT ACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAG CGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTT CTACCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGAT AATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATA CTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTA CTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTA TTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCT GGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAAC CAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGC GCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAG GCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTAC TGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGC CACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTT TCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAG TGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGA AAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCC GGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTG GTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAC CTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAA CCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCT CCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCC AGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCT GAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC CGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTAC TGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCC GGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACC CCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCC CAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACC TTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGC AGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAG GTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACT GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
AD576- hGH- AE288	GSSESGSSEGGPGSG GEPSESGSSGSSESGS SEGGPGSSESGSSEG GPGSSESGSSEGGPG	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGA AAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCC AGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAGTCTGGTA GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGA

	SSESGSSEGGPGSSES	ATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCCTCCGAAAGC
	GSSEGGPGESPGGSS	GGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCG
	GSESGSEGSSGPGES	AGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCC
	SGSSESGSSEGGPGS	AGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCT
	SESGSSEGGPGSSES	CCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTT
	GSSEGGPGSGGEPSE	CTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGG
	SGSSGESPGGSSGSE	CGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGT
	SGESPGGSSGSESGS	TCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCTGAAA
	GGEPSESGSSGSSES	GCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCC
	GSSEGGPGSGGEPSE	GAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTC
	SGSSGSGGEPSESGS	CAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATC
	SGSEGSSGPGESSGE	TCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGT
	SPGGSSGSESGSGGE	TCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTG
	PSESGSSGSGGEPSES	GTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGG
	GSSGSGGEPSESGSS	TTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGC
	GSSESGSSEGGPGES	GAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTC
	PGGSSGSESGESPGG	CAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGG
	SSGSESGESPGGSSG	TCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAA
	SESGESPGGSSGSES	TCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGTGAACC
	GESPGGSSGSESGSS	TTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAGTCT
	ESGSSEGGPGSGGEP	GGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCAG
	SESGSSGSEGSSGPG	GTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGG
	ESSGSSESGSSEGGP	CGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGT
	GSGGEPSESGSSGSS	CCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCG
	ESGSSEGGPGSGGEP	AATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAG
	SESGSSGESPGGSSG	CGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAA
	SESGESPGGSSGSES	CCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGA
	GSSESGSSEGGPGSG	AGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
	GEPSESGSSGSSESGS	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTG
	SEGGPGSGGEPSESG	GCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGG
	SSGSGGEPSESGSSG	TCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCC
	ESPGGSSGSESGSEG	GAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGTGAGTCTTCAGGTG
	SSGPGESSGSSESGSS	AATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTAGCGAAGGTTC
	EGGPGSEGSSGPGES	TTCTGGTCCTGGCGAGTCCTCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTC
	SGFPTIPLSRLFDNA	GTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTG
	MLRAHRLHQLAFDT	GCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGA
	YQEFEEAYIPKEQKY	GCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCA
	SFLQNPQTSLCFSESI	GCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAA
	PTPSNREETQQKSNL	GTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCT
	ELLRISLLLIQSWLEP	GGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTA
	VQFLRSVFANSLVY	GTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATC
	GASDSNVYDLLKDL	TCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTC
	EEGIQTLMGRLEDGS	TCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATA
	PRTGQIFKQTYSKFD	CTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCT
	TNSHNDDALLKNYG	GTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGT
	LLYCFRKDMDKVET	ATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGG
	FLRIVQCRSVEGSCG	TACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCT
	FGGTSESATPESGPG	GCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCC
	SEPATSGSETPGTSES	CGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAAC
	ATPESGPGSEPATSG	CCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACT
	SETPGTSESATPESGP	TCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCT
	GTSTEPSEGSAPGSP	CTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGA
	AGSPTSTEEGTSESA	ATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCA
	TPESGPGSEPATSGS	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGG
	ETPGTSESATPESGP	CTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	GSPAGSPTSTEEGSP	AACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGC

	AGSPTSTEEGTSTEPS	GCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTA
	EGSAPGTSESATPES	CTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAG
	GPGTSESATPESGPG	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	TSESATPESGPGSEP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	ATSGSETPGSEPATS	CAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTC
	GSETPGSPAGSPTST	TACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCT
	EEGTSTEPSEGSAPG	TCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTG
	TSTEPSEGSAPGSEP	AAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGG
	ATSGSETPGTSESAT	TACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	PESGPGTSTEPSEGS	
	AP	
AE576-hGH-AE288	GSPAGSPTSTEEGTS	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTG
	ESATPESGPGTSTEPS	AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTC
	EGSAPGSPAGSPTST	CGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	GAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAG
	ATPESGPGSEPATSG	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	SETPGSEPATSGSETP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	GSPAGSPTSTEEGTS	CAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSTEPS	TGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCG
	EGSAPGTSTEPSEGS	TCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	APGSPAGSPTSTEEG	GCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGG
	TSTEPSEGSAPGTSTE	TACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACT
	PSEGSAPGTSESATP	GAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	CGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGC
	PGTSESATPESGPGS	ACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSTEP	GAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAAC
	SEGSAPGTSTEPSEG	CGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGG
	SAPGTSESATPESGP	TAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCA
	GTSESATPESGPGSP	GGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAA
	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	ACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAA
	EGSAPGTSTEPSEGS	GGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTC
	APGTSTEPSEGSAPG	CAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTC
	TSTEPSEGSAPGSPA	TACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	GSAPGTSESATPESG	GCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAA
	SESATPESGPGSEPA	AGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTG
	TSGSETPGTSESATPE	GCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGG
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACT
	GTSESATPESGPGSP	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	PTSTEEGSPAGSPTST	TACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAA
	EEGTSESATPESGPG	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTA
	TSTEPSEGSAPGFPTI	CCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCT
	PLSRLFDNAMLRAH	GTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACC
	RLHQLAFDTYQEFEE	AGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCT
	AYIPKEQKYSFLQNP	AAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCT
	QTSLCFSESIPTPSNR	GCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCA
	EETQQKSNLELLRIS	GCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTC
	LLLIQSWLEPVQFLR	AGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAA
	SVFANSLVYGASDS	TAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTG

	NVYDLLKDLEEGIQT	AAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGG
	LMGRLEDGSPRTGQI	ATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAA
	FKQTYSKFDTNSHN	ATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTAT
	DDALLKNYGLLYCF	GGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTT
	RKDMDKVETFLRIV	CCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCT
	QCRSVEGSCGFGGTS	AAGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAG
	ESATPESGPGSEPAT	CGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGC
	SGSETPGTSESATPES	GCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCT
	GPGSEPATSGSETPG	CTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCC
	TSESATPESGPGTSTE	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCT
	PSEGSAPGSPAGSPT	GCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAA
	STEEGTSESATPESGP	CCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGA
	GSEPATSGSETPGTS	AACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGT
	ESATPESGPGSPAGS	AGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTG
	PTSTEEGSPAGSPTST	GCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGA
	EEGTSTEPSEGSAPG	GGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGC
	TSESATPESGPGTSES	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	ATPESGPGTSESATP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ESGPGSEPATSGSET	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	PGSEPATSGSETPGSP	GAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAG
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTAC
	EGSAPGTSTEPSEGS	TGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCT
	APGSEPATSGSETPG	GGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTG
	TSESATPESGPGTSTE	GCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	PSEGSAP	
AF576-hGH-AE288	GSTSSTAESPGPGSTS	GGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACTAG
	STAESPGPGSTSESPS	CTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCTT
	GTAPGSTSSTAESPG	CTGGTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGT
	PGSTSSTAESPGPGTS	CCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTC
	TPESGSASPGSTSESP	TACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTC
	SGTAPGTSPSGESST	CTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACC
	APGSTSESPSGTAPG	GCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTC
	STSESPSGTAPGTSPS	TACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCG
	GESSTAPGSTSESPSG	GCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC
	TAPGSTSESPSGTAP	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAG
	GTSPSGESSTAPGSTS	GTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGC
	ESPSGTAPGSTSESPS	GAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTC
	GTAPGSTSESPSGTA	TGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCA
	PGTSTPESGSASPGST	CCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTAC
	SESPSGTAPGTSTPES	TAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAA
	GSASPGSTSSTAESP	GCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCG
	GPGSTSSTAESPGPG	GGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTA
	TSTPESGSASPGTSTP	CCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCT
	ESGSASPGSTSESPSG	GAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTG
	TAPGTSTPESGSASP	GTACCGCACCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTCTCC
	GTSTPESGSASPGSTS	AGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACT
	ESPSGTAPGSTSESPS	AGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCC
	GTAPGSTSESPSGTA	GTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTG
	PGSTSSTAESPGPGTS	CACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTAC
	TPESGSASPGTSTPES	CTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTG
	GSASPGSTSESPSGT	AAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC
	APGSTSESPSGTAPG	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAG
	TSTPESGSASPGSTSE	GTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACTAGC
	SPSGTAPGSTSESPSG	GAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTC
	TAPGTSTPESGSASP	TGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTC
	GTSPSGESSTAPGSTS	CAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACT

	STAESPGPGTSPSGES	AGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTG
	STAPGSTSSTAESPGP	AATCTTCTACTGCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCT
	GTSTPESGSASPGSTS	GGCCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTC
	ESPSGTAPGSTSSTA	TACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTA
	ESPGPGTSTPESGSAS	CTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTC
	PGTSTPESGSASPGFP	TGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAG
	TIPLSRLFDNAMLRA	GTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTG
	HRLHQLAFDTYQEF	CGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAAT
	EEAYIPKEQKYSFLQ	TTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCA
	NPQTSLCFSESIPTPS	AAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTT
	NREETQQKSNLELLR	CCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCG
	ISLLLIQSWLEPVQFL	CATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTC
	RSVFANSLVYGASD	TGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGC
	SNVYDLLKDLEEGIQ	AACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCC
	TLMGRLEDGSPRTG	TGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTC
	QIFKQTYSKFDTNSH	AAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATG
	NDDALLKNYGLLYC	CGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATG
	FRKDMDKVETFLRI	GACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGA
	VQCRSVEGSCGFGG	GGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCT
	TSESATPESGPGSEP	GAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTC
	ATSGSETPGTSESAT	CAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGA
	PESGPGSEPATSGSE	ACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT
	TPGTSESATPESGPG	ACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCA
	TSTEPSEGSAPGSPA	GCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGG
	GSPTSTEEGTSESATP	TACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCG
	ESGPGSEPATSGSET	GCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	PGTSESATPESGPGSP	CTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	AGSPTSTEEGSPAGS	GGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCG
	APGTSESATPESGPG	CTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGA
	TSESATPESGPGTSES	ATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCA
	ATPESGPGSEPATSG	GGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAAC
	SETPGSEPATSGSETP	CGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	GACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	TPGTSESATPESGPG	CGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAG
	TSTEPSEGSAP	GGCAGCGCACCA
AE624-hGH-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC

	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC
	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGG	GTTTCTAAGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCC
	TSESATPESGPGSEP	AGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCT
	ATSGSETPGTSESAT	GAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCT
	PESGPGSEPATSGSE	CTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATC
	TPGTSESATPESGPG	TGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	TSTEPSEGSAPGSPA	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	GSPTSTEEGTSESATP	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	ESGPGSEPATSGSET	TTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGC
	PGTSESATPESGPGSP	CCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAG
	APGTSESATPESGPG	TCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAG
	TSESATPESGPGTSES	GTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACC
	ATPESGPGSEPATSG	GGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCC
	SETPGSEPATSGSETP	GGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTG
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTAC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	TPGTSESATPESGPG	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	TSTEPSEGSAP	A
AD836-	GSSESGSSEGGPGSS	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGA

hGH-AE288	ESGSSEGGPGESPGG	AAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCC
	SSGSESGSGGEPSES	AGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAGTCTGGTA
	GSSGESPGGSSGSES	GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGA
	GESPGGSSGSESGSS	ATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCCTCCGAAAGC
	ESGSSEGGPGSSESG	GGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCG
	SSEGGPGSSESGSSE	AGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCC
	GGPGESPGGSSGSES	AGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCT
	GESPGGSSGSESGES	CCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTT
	PGGSSGSESGSSESG	CTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGG
	SSEGGPGSSESGSSE	CGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGT
	GGPGSSESGSSEGGP	TCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCTGAAA
	GSSESGSSEGGPGSS	GCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCC
	ESGSSEGGPGSSESG	GAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTC
	SSEGGPGSGGEPSES	CAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATC
	GSSGESPGGSSGSES	TCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGT
	GESPGGSSGSESGSG	TCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTG
	GEPSESGSSGSEGSS	GTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGG
	GPGESSGSSESGSSE	TTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGC
	GGPGSGGEPSESGSS	GAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTC
	GSEGSSGPGESSGSS	CAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGG
	ESGSSEGGPGSGGEP	TCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAA
	SESGSSGESPGGSSG	TCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGTGAACC
	SESGSGGEPSESGSS	TTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAGTCT
	GSGGEPSESGSSGSS	GGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCAG
	ESGSSEGGPGSGGEP	GTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGG
	SESGSSGSGGEPSES	CGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGT
	GSSGSEGSSGPGESS	CCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCG
	GESPGGSSGSESGSE	AATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAG
	GSSGPGESSGSEGSS	CGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAA
	GPGESSGSGGEPSES	CCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGA
	GSSGSSESGSSEGGP	AGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
	GSSESGSSEGGPGES	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTG
	PGGSSGSESGSGGEP	GCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGG
	SESGSSGSEGSSGPG	TCCTGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCC
	ESSGESPGGSSGSES	GAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCaGGTTCCTCTGAAAGCG
	GSEGSSGPGSSESGS	GTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCTGAATC
	SEGGPGSGGEPSESG	TGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCGGGTGAATCTTCA
	SSGSEGSSGPGESSG	GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCTTCAGGTAGCGAAG
	SEGSSGPGESSGSEG	GTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCCTCAGGTTCCGGTGGCGAACCATCT
	SSGPGESSGSGGEPS	GAATCTGGTAGCTCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTA
	ESGSSGSGGEPSESG	GCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAATCAGGTGA
	SSGESPGGSSGSESG	ATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAA
	ESPGGSSGSESGSGG	CCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTG
	EPSESGSSGSEGSSGP	GCGAATCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAATC
	GESSGESPGGSSGSE	AGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCG
	SGSSESGSSEGGPGS	AAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTC
	SESGSSEGGPGSSES	TTCTGAAGGCGGTCCAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGT
	GSSEGGPGSGGEPSE	AGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCAGGTG
	SGSSGSSESGSSEGG	AATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATCAGGTTCTGGTGGCGA
	PGESPGGSSGSESGS	ACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTG
	GGEPSESGSSGSSES	AAGGTGGTCCAGGTGAATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATC
	GSSEGGPGESPGGSS	AGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAATCT
	GSESGSGGEPSESGS	CCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTT
	SGESPGGSSGSESGS	CCGAATCTGGTAGCTCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG
	GGEPSESGSSGFPTIP	TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT
	LSRLFDNAMLRAHR	TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG

	LHQLAFDTYQEFEE	AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA
	AYIPKEQKYSFLQNP	ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC
	QTSLCFSESIPTPSNR	AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT
	EETQQKSNLELLRIS	AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT
	LLLIQSWLEPVQFLR	ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA
	SVFANSLVYGASDS	GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG
	NVYDLLKDLEEGIQT	CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA
	LMGRLEDGSPRTGQI	CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT
	FKQTYSKFDTNSHN	TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT
	DDALLKNYGLLYCF	TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCT
	RKDMDKVETFLRIV	CTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	QCRSVEGSCGFGGTS	CTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAA
	ESATPESGPGSEPAT	TCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAG
	SGSETPGTSESATPES	GTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACT
	GPGSEPATSGSETPG	GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAA
	TSESATPESGPGTSTE	CCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGG
	PSEGSAPGSPAGSPT	CCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACT
	STEEGTSESATPESGP	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	GSEPATSGSETPGTS	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	ESATPESGPGSPAGS	TACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCA
	PTSTEEGSPAGSPTST	GGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTG
	EEGTSTEPSEGSAPG	AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTAC
	TSESATPESGPGTSES	CCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAA
	ATPESGPGTSESATP	ACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTA
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGA
	PGSEPATSGSETPGSP	ACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAG
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	CAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTC
	APGSEPATSGSETPG	TACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	TSESATPESGPGTSTE	
	PSEGSAP	
AE864-hGH-AE288	GSPAGSPTSTEEGTS	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTG
	ESATPESGPGTSTEPS	AAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTC
	EGSAPGSPAGSPTST	CGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACT
	EEGTSTEPSEGSAPG	GAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAG
	ATPESGPGSEPATSG	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	SETPGSEPATSGSETP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	GSPAGSPTSTEEGTS	CAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSTEPS	TGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCG
	EGSAPGTSTEPSEGS	TCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	APGSPAGSPTSTEEG	GCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGG
	TSTEPSEGSAPGTSTE	TACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACT
	PSEGSAPGTSESATP	GAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	CGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGC
	PGTSESATPESGPGS	ACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSTEP	GAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAAC
	SEGSAPGTSTEPSEG	CGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGG
	SAPGTSESATPESGP	TAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCA
	GTSESATPESGPGSP	GGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCTG
	AGSPTSTEEGTSESA	CTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAAC
	TPESGPGSEPATSGS	CCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAA
	ETPGTSESATPESGP	ACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	ACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAA
	EGSAPGTSTEPSEGS	GGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTC

	APGTSTEPSEGSAPG	CAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTC
	TSTEPSEGSAPGSPA	TACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	GSAPGTSESATPESG	GCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAA
	SESATPESGPGSEPA	AGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTG
	TSGSETPGTSESATPE	GCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGG
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACT
	GTSESATPESGPGSP	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	PTSTEEGSPAGSPTST	TACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAA
	EEGTSESATPESGPG	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTA
	TSTEPSEGSAPGTSES	CCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAA
	ATPESGPGSEPATSG	CTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGA
	SETPGTSESATPESGP	GACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGT
	GSEPATSGSETPGTS	AGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAA
	ESATPESGPGTSTEPS	GCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGA
	EGSAPGSPAGSPTST	GGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAA
	EEGTSESATPESGPG	GAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCG
	SEPATSGSETPGTSES	AACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGC
	ATPESGPGSPAGSPT	TACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCC
	STEEGSPAGSPTSTEE	ACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAG
	GTSTEPSEGSAPGTS	GTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGA
	ESATPESGPGTSESA	AAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACT
	TPESGPGTSESATPES	CCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTG
	GPGSEPATSGSETPG	GCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAG
	SEPATSGSETPGSPA	CGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGC
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAG
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCC
	PGSEPATSGSETPGT	AGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCT
	SESATPESGPGTSTEP	GAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	SEGSAPGFPTIPLSRL	CCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTG
	FDNAMLRAHRLHQL	TTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTT
	AFDTYQEFEEAYIPK	TGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAG
	EQKYSFLQNPQTSLC	AAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCC
	KSNLELLRISLLLIQS	AATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCT
	WLEPVQFLRSVFAN	AGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTT
	SLVYGASDSNVYDL	ATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGA
	LKDLEEGIQTLMGRL	GGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCG
	EDGSPRTGQIFKQTY	CGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAA
	SKFDTNSHNDDALL	CAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTAT
	KNYGLLYCFRKDMD	TGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGT
	KVETFLRIVQCRSVE	TCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCT
	GSCGFGGTSESATPE	CTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	SGPGSEPATSGSETP	CTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAA
	GTSESATPESGPGSE	TCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAG
	PATSGSETPGTSESA	GTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACT
	TPESGPGTSTEPSEGS	GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAA
	APGSPAGSPTSTEEG	CCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGG
	TSESATPESGPGSEP	CCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACT
	ATSGSETPGTSESAT	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCT
	PESGPGSPAGSPTSTE	CTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTC
	EGSPAGSPTSTEEGT	TACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCA
	STEPSEGSAPGTSES	GGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTG
	ATPESGPGTSESATP	AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTAC

	ESGPGTSESATPESG	CCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAA
	PGSEPATSGSETPGS	ACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTA
	EPATSGSETPGSPAG	GCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGA
	SPTSTEEGTSTEPSEG	ACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAG
	SAPGTSTEPSEGSAP	GGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCC
	GSEPATSGSETPGTS	CAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSTEPS	TACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	EGSAP	
AF864-hGH-AE288	GSTSESPSGTAPGTSP	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCC
	SGESSTAPGSTSESPS	TAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTT
	GTAPGSTSESPSGTA	CTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCT
	PGTSTPESGSASPGTS	CCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTC
	TPESGSASPGSTSESP	TACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCT
	SGTAPGSTSESPSGT	CCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTAC
	APGTSPSGESSTAPG	CGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGT
	STSESPSGTAPGTSPS	TCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCTCCAGGTACTTCTCCTAG
	GESSTAPGTSPSGESS	CGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGCGAATCTT
	TAPGSTSSTAESPGP	CTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCA
	GTSPSGESSTAPGTSP	GGTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCTCC
	SGESSTAPGSTSSTA	GAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAG
	ESPGPGTSTPESGSAS	AATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATC
	PGTSTPESGSASPGST	TCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCTA
	SESPSGTAPGSTSESP	CTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCT
	SGTAPGTSTPESGSA	CCGTCTGGCACTGCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCG
	SPGSTSSTAESPGPGT	CTTCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGT
	STPESGSASPGSTSES	ACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCG
	PSGTAPGTSPSGESST	AATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCT
	APGSTSSTAESPGPG	TCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCC
	TSPSGESSTAPGTSTP	AGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTA
	ESGSASPGSTSSTAES	CTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCA
	PGPGSTSSTAESPGP	GAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGG
	GSTSSTAESPGPGSTS	CCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTA
	STAESPGPGTSPSGES	CCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGT
	STAPGSTSESPSGTAP	GAATCTTCTACTGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCAC
	GSTSESPSGTAPGTS	TGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCACCAGGT
	TPESGPXXXGASASG	ACCTCTACCCCTGAAAGCGGTCCXXXXXXXXXXXXXTGCAAGCGCA
	APSTXXXXSESPSGT	AGCGGCGCGCCAAGCACGGGAXXXXXXXXTAGCGAATCTCCTTCT
	APGSTSESPSGTAPG	GGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCC
	STSESPSGTAPGSTSE	AGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCAGGTTCTACTA
	SPSGTAPGSTSESPSG	GCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCG
	TAPGSTSESPSGTAP	TCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGC
	GTSTPESGSASPGTSP	ACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACT
	SGESSTAPGTSPSGES	TCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGG
	STAPGSTSSTAESPGP	CGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTC
	GTSPSGESSTAPGTS	CGGGTCCAGGTACTTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGG
	TPESGSASPGSTSESP	TACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCG
	SGTAPGSTSESPSGT	AATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCT
	APGTSPSGESSTAPG	GGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCAC
	STSESPSGTAPGTSTP	CAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCT
	ESGSASPGTSTPESGS	ACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCAGGTACTTCTACCCCGGAAA
	ASPGSTSESPSGTAP	GCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACC
	GTSTPESGSASPGSTS	GCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTTC
	STAESPGPGSTSESPS	CACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCGAA
	GTAPGSTSESPSGTA	TCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGG
	PGTSPSGESSTAPGST	TACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCA
	SSTAESPGPGTSPSGE	GGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCC

	SSTAPGTSTPESGSAS	GAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGC
	PGTSPSGESSTAPGTS	GGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGC
	PSGESSTAPGTSPSGE	TCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCT
	SSTAPGSTSSTAESPG	CCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACT
	PGSTSSTAESPGPGTS	GCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCC
	PSGESSTAPGSSPSAS	TGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGT
	TGTGPGSSTPSGATG	TCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCC
	SPGSSTPSGATGSPG	GTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAA
	FPTIPLSRLFDNAML	CCGGCTCCCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGAT
	RAHRLHQLAFDTYQ	AATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTA
	LQNPQTSLCFSESIPT	CTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTA
	PSNREETQQKSNLEL	TTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	GGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAAC
	FLRSVFANSLVYGAS	CAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGC
	DSNVYDLLKDLEEGI	GCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAG
	QTLMGRLEDGSPRT	GCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGC
	HNDDALLKNYGLLY	CACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTT
	CFRKDMDKVETFLRI	TCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAG
	VQCRSVEGSCGFGG	TGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGA
	TSESATPESGPGSEP	AAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCC
	ATSGSETPGTSESAT	GGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTG
	PESGPGSEPATSGSE	GTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAC
	TPGTSESATPESGPG	CTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAA
	TSTEPSEGSAPGSPA	CCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCT
	GSPTSTEEGTSESATP	CCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCC
	ESGPGSEPATSGSET	AGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCT
	PGTSESATPESGPGSP	GAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSES	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCC
	ATPESGPGSEPATSG	GGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACC
	SETPGSEPATSGSETP	CCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	CAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGC
	EGSAPGSEPATSGSE	AGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAG
	TPGTSESATPESGPG	GTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACT
	TSTEPSEGSAP	GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
AG864-hGH-AE288	GASPGTSSTGSPGSS	GGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCC
	PSASTGTGPGSSPSA	GTCTGCTTCTACTGGTACTGGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCA
	STGTGPGTPGSGTAS	CTGGTACTGGTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCT
	SSPGSSTPSGATGSP	CCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTCTAA
	GSNPSASTGTGPGAS	CCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTGCTTCTCCGGGCACC
	PGTSSTGSPGTPGSG	AGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTT
	TASSSPGSSTPSGAT	CTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGTTCTCCAGGT
	GSPGTPGSGTASSSP	ACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGG
	GASPGTSSTGSPGAS	TACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTA
	PGTSSTGSPGTPGSG	CTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCA
	TASSSPGSSTPSGAT	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCC
	GSPGASPGTSSTGSP	GGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACC
	GTPGSGTASSSPGSS	GCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTC
	TPSGATGSPGSNPSA	TCCAGGTTCTAACCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCTA
	STGTGPGSSPSASTG	GCCCTTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	TGPGSSTPSGATGSP	GGTGCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGG

	GSSTPSGATGSPGAS	CTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTG
	PGTSSTGSPGASPGT	CATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGT
	SSTGSPGASPGTSST	ACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTC
	GSPGTPGSGTASSSP	TTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAG
	GASPGTSSTGSPGAS	GTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCCCCG
	PGTSSTGSPGASPGT	GGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTAC
	SSTGSPGSSPSASTGT	TGGTACTGGCCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTC
	GPGTPGSGTASSSPG	CAGGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCC
	ASPGTSSTGSPGASP	CCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAG
	GTSSTGSPGASPGTS	CTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTT
	STGSPGSSTPSGATG	CCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCA
	SPGSSTPSGATGSPG	TCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGCAGCG
	ASPGTSSTGSPGTPG	GTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACC
	SGTASSSPGSSTPSG	GGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAG
	ATGSPGSSTPSGATG	GTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCG
	SPGSSTPSGATGSPG	TCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTC
	SSPSASTGTGPGASP	TACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTC
	GTSSTGSPGASPGTS	CAGGTACTCCTGGCAGCGGTACTGCATCTTCCTCTCCAGGTGCTTCT
	STGSPGTPGSGTASS	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCTCCGGGCACTA
	SPGASPGTSSTGSPG	GCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGT
	ASPGTSSTGSPGASP	TCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAC
	GTSSTGSPGASPGTS	CCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGT
	STGSPGTPGSGTASS	CTGGTGCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCATC
	SPGSSTPSGATGSPG	TTCTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAG
	TPGSGTASSSPGSSTP	GTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACC
	SGATGSPGTPGSGTA	CCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGC
	SSSPGSSTPSGATGSP	TACTGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTC
	GSSTPSGATGSPGSS	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACTGGTACTGGTCCAGGTGCATCC
	PSASTGTGPGSSPSA	CCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCTGGTAGCGGTA
	STGTGPGASPGTSST	CTGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTT
	GSPGTPGSGTASSSP	CTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCT
	GSSTPSGATGSPGSS	AGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCTTCTCCGGGTAC
	PSASTGTGPGSSPSA	TAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCTCCTGGTACTAGCTCTACTG
	STGTGPGASPGTSST	GTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGT
	GSPGASPGTSSTGSP	TCTAGCCCTTCTGCATCTACCGGTACTGGTCCAGGTGCATCCCCTGG
	GSSTPSGATGSPGSS	TACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCG
	PSASTGTGPGASPGT	GTACCGGTCCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCC
	SSTGSPGSSPSASTGT	AGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCT
	GPGTPGSGTASSSPG	ACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAG
	SSTPSGATGSPGSSTP	CTCTACCGGTTCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTT
	SGATGSPGASPGTSS	TGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTG
	TGSPGFPTIPLSRLFD	ATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAA
	NAMLRAHRLHQLAF	GTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAAT
	DTYQEFEEAYIPKEQ	CTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAA
	KYSFLQNPQTSLCFS	TCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAG
	ESIPTPSNREETQQKS	AACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTAT
	NLELLRISLLLIQSWL	GGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGG
	EPVQFLRSVFANSLV	AAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCG
	YGASDSNVYDLLKD	TACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACA
	LEEGIQTLMGRLEDG	GCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTG
	SPRTGQIFKQTYSKF	TTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTC
	DTNSHNDDALLKNY	AGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCT
	GLLYCFRKDMDKVE	GAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCT
	TFLRIVQCRSVEGSC	CCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	GFGGTSESATPESGP	TGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGT
	GSEPATSGSETPGTS	ACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG

	ESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPG SPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSESATPES GPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATS GSETPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGS AP	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAAC CTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGC CCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTC TCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCT ACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAG GTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGA AAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACC CCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAA CCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAG CCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAA CCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG GCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCC AGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCT ACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
AM875- hGH- AE288	GTSTEPSEGSAPGSE PATSGSETPGSPAGS PTSTEEGSTSSTAESP GPGTSTPESGSASPG STSESPSGTAPGSTSE SPSGTAPGTSTPESGS ASPGTSTPESGSASP GSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGTSTE PSEGSAPGSEPATSG SETPGSPAGSPTSTEE GSSTPSGATGSPGTP GSGTASSSPGSSTPS GATGSPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGASASGAPSTGGT SESATPESGPGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTS TEEGSTSSTAESPGP GSTSESPSGTAPGTSP SGESSTAPGTPGSGT ASSSPGSSTPSGATG SPGSSPSASTGTGPG SEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSEPATSG	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAAC CGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCC AACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCT GGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTT CTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGA ATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTT CCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTG AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCC GACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGC GCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTA CTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGA ACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACC TCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC CAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTC TGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT ACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCA GCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGG TACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTACT GAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTG GTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGA GGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTC CGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT GGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA GCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG TAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCTGCT GGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGA CTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGC TCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTACTTC TGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCT CCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTA CTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGG TTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTA GCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGC TTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTC CAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTAGCGA ACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT ACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTG

	SETPGSTSSTAESPGP	AAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGG
	GSTSSTAESPGPGTSP	TTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCTCCTA
	SGESSTAPGSEPATS	GCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGG
	GSETPGSEPATSGSE	CTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGAAACC
	TPGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTCTA
	STSSTAESPGPGTSTP	CCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGA
	ESGSASPGSTSESPSG	AAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCA
	TAPGTSTEPSEGSAP	CTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGG
	GTSTEPSEGSAPGTS	TACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACC
	TEPSEGSAPGSSTPSG	GAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTG
	ATGSPGSSPSASTGT	CAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGC
	GPGASPGTSSTGSPG	CCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCG
	SEPATSGSETPGTSES	AACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGC
	ATPESGPGSPAGSPT	AACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACCTCC
	STEEGSSTPSGATGS	ACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAG
	PGSSPSASTGTGPGA	GTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCG
	SPGTSSTGSPGTSESA	GGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTC
	TPESGPGTSTEPSEGS	CGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGC
	APGTSTEPSEGSAPG	TCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTTT
	FPTIPLSRLFDNAML	CCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGC
	RAHRLHQLAFDTYQ	GCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAA
	EFEEAYIPKEQKYSF	GAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACC
	LQNPQTSLCFSESIPT	CACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAAT
	PSNREETQQKSNLEL	CGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	CTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGT
	FLRSVFANSLVYGAS	TCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACG
	DSNVYDLLKDLEEGI	TATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGAT
	QTLMGRLEDGSPRT	GGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAG
	GQIFKQTYSKFDTNS	CAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGC
	HNDDALLKNYGLLY	TTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGAC
	CFRKDMDKVETFLRI	AAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGG
	VQCRSVEGSCGFGG	CAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAG
	TSESATPESGPGSEP	TCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAG
	ATSGSETPGTSESAT	GTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACC
	PESGPGSEPATSGSE	TGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACT
	TPGTSESATPESGPG	CCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCG
	TSTEPSEGSAPGSPA	CACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTAC
	GSPTSTEEGTSESATP	CTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCA
	ESGPGSEPATSGSET	ACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGA
	AGSPTSTEEGSPAGS	AGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	ACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTA
	APGTSESATPESGPG	CCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATC
	TSESATPESGPGTSES	CGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGT
	ATPESGPGSEPATSG	AGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGG
	SETPGSEPATSGSETP	CTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	GSPAGSPTSTEEGTS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCG
	EGSAPGSEPATSGSE	AACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGC
	TPGTSESATPESGPG	TACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGC
	TSTEPSEGSAP	AGCGCACCA
AE912-hGH-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG

	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC

	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTG
	QCRSVEGSCGFGGTS	GTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACC
	ESATPESGPGSEPAT	TGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACC
	SGSETPGTSESATPES	CCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAA
	GPGSEPATSGSETPG	CCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTAC
	TSESATPESGPGTSTE	TTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGC
	PSEGSAPGSPAGSPT	TCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTG
	STEEGTSESATPESGP	AATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCC
	GSEPATSGSETPGTS	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	ESATPESGPGSPAGS	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	PTSTEEGSPAGSPTST	CAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAG
	EEGTSTEPSEGSAPG	CGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGT
	TSESATPESGPGTSES	ACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAA
	ATPESGPGTSESATP	GCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGG
	ESGPGSEPATSGSET	TTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACT
	PGSEPATSGSETPGSP	CCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTT
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACC
	EGSAPGTSTEPSEGS	TTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCT
	APGSEPATSGSETPG	GAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAG
	TSESATPESGPGTSTE	GTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	PSEGSAP	
AM923-hGH-AE288	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA
	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG

	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTG
	GSCGFGGTSESATPE	AGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCC
	SGPGSEPATSGSETP	AGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAA
	GTSESATPESGPGSE	CCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	PATSGSETPGTSESA	CTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAG
	TPESGPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGT
	APGSPAGSPTSTEEG	ACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGG
	TSESATPESGPGSEP	CAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCC
	ATSGSETPGTSESAT	TGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAG

	PESGPGSPAGSPTSTE	GAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTT
	EGSPAGSPTSTEEGT	CTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGC
	STEPSEGSAPGTSES	TACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAA
	ATPESGPGTSESATP	TCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAG
	ESGPGTSESATPESG	GTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACC
	PGSEPATSGSETPGS	GGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCG
	EPATSGSETPGSPAG	ACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCG
	SPTSTEEGTSTEPSEG	CACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAG
	SAPGTSTEPSEGSAP	CGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGC
	GSEPATSGSETPGTS	GCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGG
	ESATPESGPGTSTEPS	GCAGCGCACCA
	EGSAP	
AM1318-hGH-AE288	GTSTEPSEGSAPGSE	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAAC
	PATSGSETPGSPAGS	CGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCC
	PTSTEEGSTSSTAESP	AACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCT
	GPGTSTPESGSASPG	GGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTT
	STSESPSGTAPGSTSE	CTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCGA
	SPSGTAPGTSTPESGS	ATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTT
	ASPGTSTPESGSASP	CCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA
	GSEPATSGSETPGTS	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTG
	ESATPESGPGSPAGS	AAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGC
	APGTSESATPESGPG	GCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTA
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGA
	PSEGSAPGSPAGSPT	ACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACC
	STEEGTSTEPSEGSAP	TCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTC
	ESATPESGPGTSESA	TGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT
	TPESGPGTSTEPSEGS	ACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	GCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGG
	TSESATPESGPGTSTE	TACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTACT
	PSEGSAPGSEPATSG	GAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTG
	SETPGSPAGSPTSTEE	GTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGA
	GSSTPSGATGSPGTP	GGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTACTC
	GSGTASSSPGSSTPS	CGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGTSTEPSEG	GGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTA
	SAPGTSTEPSEGSAP	GCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGG
	GSEPATSGSETPGSP	TAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCTGCT
	AGSPTSTEEGSPAGS	GGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGA
	PTSTEEGTSTEPSEGS	CTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGC
	APGPEPTGPAPSGGS	TCCAGGTCCAGAACCAACGGGGCCGGCCCCAAGCGGAGGTAGCGA
	EPATSGSETPGTSES	ACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT
	ATPESGPGSPAGSPT	ACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCA
	STEEGTSESATPESGP	CTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGG
	GSPAGSPTSTEEGSP	TAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCT
	AGSPTSTEEGTSESA	GGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	TPESGPGSPAGSPTST	CTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	EEGSPAGSPTSTEEG	GGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCT
	STSSTAESPGPGSTSE	ACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACTAGCGAAT
	SPSGTAPGTSPSGESS	CTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCT
	TAPGSTSESPSGTAP	ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAG
	GSTSESPSGTAPGTSP	GTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCT
	SGESSTAPGTSTEPSE	AGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCG
	GSAPGTSESATPESG	AGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGG
	PGTSESATPESGPGS	CCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTAGC
	EPATSGSETPGTSES	GAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCG

	ATPESGPGTSESATP	CTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGA
	ESGPGTSTEPSEGSA	ATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCA
	PGTSESATPESGPGT	GGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTA
	STEPSEGSAPGTSPSG	CTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGA
	ESSTAPGTSPSGESST	ATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCG
	APGTSPSGESSTAPG	CTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTACT
	TSTEPSEGSAPGSPA	TCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGG
	GSAPGSSPSASTGTG	TAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCA
	PGSSTPSGATGSPGS	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTAC
	STPSGATGSPGSSTPS	TCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTG
	GATGSPGSSTPSGAT	CTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCC
	GSPGASPGTSSTGSP	CCAGGTGCATCCCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTGCAA
	GASASGAPSTGGTSP	GCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTACTTCTCCGAGCGGTG
	SGESSTAPGSTSSTA	AATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCG
	ESPGPGTSPSGESSTA	GGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTA
	PGTSESATPESGPGT	CCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGA
	STEPSEGSAPGTSTEP	ACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAA
	SEGSAPGSSPSASTG	GGTAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCC
	TGPGSSTPSGATGSP	AGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTC
	GASPGTSSTGSPGTS	CGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAG
	TPESGSASPGTSPSGE	CGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTG
	SSTAPGTSPSGESSTA	CTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACT
	PGTSESATPESGPGS	TCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTA
	EPATSGSETPGTSTEP	CTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGG
	SEGSAPGSTSESPSGT	TAGCGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCA
	APGSTSESPSGTAPG	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCTAC
	TSTPESGSASPGSPA	CCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCG
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCG
	ESGPGTSTEPSEGSA	GCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTAG
	PGSPAGSPTSTEEGT	CCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGC
	SESATPESGPGSEPA	GCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTT
	TSGSETPGSSTPSGA	CTGAAACCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCC
	TGSPGASPGTSSTGS	AGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTA
	PGSSTPSGATGSPGS	CCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCG
	TSESPSGTAPGTSPSG	TCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGC
	ESSTAPGSTSSTAESP	TCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTAGC
	GPGSSTPSGATGSPG	TCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCATCCCCGGGTAC
	ASPGTSSTGSPGTPG	CAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTT
	SGTASSSPGSPAGSP	CCTCTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGT
	TSTEEGSPAGSPTSTE	AGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCG
	EGTSTEPSEGSAPGF	AACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTCT
	PTIPLSRLFDNAMLR	CGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGCT
	AHRLHQLAFDTYQE	GGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAAG
	FEEAYIPKEQKYSFL	AGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTTC
	QNPQTSLCFSESIPTP	AGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAAA
	SNREETQQKSNLELL	AGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAGC
	RISLLLIQSWLEPVQF	TGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCCT
	LRSVFANSLVYGAS	AGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGAT
	DSNVYDLLKDLEEGI	CTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGAT
	GQIFKQTYSKFDTNS	ACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTGC
	HNDDALLKNYGLLY	TGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGT
	CFRKDMDKVETFLRI	ATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTGG
	VQCRSVEGSCGFGG	TACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCT
	TSESATPESGPGSEP	GCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCC
	ATSGSETPGTSESAT	CGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAAC
	PESGPGSEPATSGSE	CCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACT
	TPGTSESATPESGPG	TCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCT
	TSTEPSEGSAPGSPA	CTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGA
	GSPTSTEEGTSESATP	ATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGG
	PGTSESATPESGPGSP	CTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	AACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	ATPESGPGSEPATSG	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTC
	GSPAGSPTSTEEGTS	TACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTG
	EGSAPGSEPATSGSE	AAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	TSTEPSEGSAP	

* Наименование последовательности отражает от N- к С-концу конфигурацию фактора роста и компонентов XTEN.

Таблица 37

Примеры ГР-XTEN, включающих гормоны роста, XTEN и расщепляемые последовательности

ГР-XTEN Название *	**Аминокислотная последовательность**	**Последовательность нуклеотидов ДНК**
AE912-hGH-Тромбин-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT PGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGASPGTSST GSPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATS GSETPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSTEPS EGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPG TSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATP ESGPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAP	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT

	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTct
	QCRSVEGSCGFGLTP	gaccccgcgcagcctgctggtgggcggcGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGC
	RSLLVGGGGSEPATS	TCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCC
	GSETPGTSESATPES	CAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCC
	GPGSEPATSGSETPG	GGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCT
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTG
	PSEGSAPGSEPATSG	AAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGG
	SETPGSEPATSGSETP	TAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACC
	GSEPATSGSETPGTS	GAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCC
	TEPSEGSAPGTSESA	CTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGAC
	TPESGPGSEPATSGS	TCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA

	ETPGTSTEPSEGSAP	
AE912-hGH-FXIa-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC

	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTg
	QCRSVEGSCGFGGG	gcggcaaactgacccgcgtggtgggcggcGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGC
	KLTRVVGGGGSEPA	TCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCC
	TSGSETPGTSESATPE	CAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCC
	SGPGSEPATSGSETP	GGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCT
	GSPAGSPTSTEEGTS	TCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTG
	TEPSEGSAPGSEPAT	AAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGG
	SGSETPGSEPATSGS	TAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACC
	ETPGSEPATSGSETP	GAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGAC
	ESATPESGPGSEPAT	TCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
	SGSETPGTSTEPSEGS AP	
AE912-hGH-Elastase-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC

	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTg
	QCRSVEGSCGFGGG	gcggcctgggcccggtgagcggcgtgccgGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGG
	LGPVSGVPGGSEPAT	CTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGC
	SGSETPGTSESATPES	CCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCC
	GPGSEPATSGSETPG	CGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCT
	PSEGSAPGSEPATSG	GAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAG
	SETPGSEPATSGSETP	GTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTAC
	GSEPATSGSETPGTS	CGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACC
	TEPSEGSAPGTSESA	CCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGA
	TPESGPGSEPATSGS	CTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
	ETPGTSTEPSEGSAP	

AE912-hGH-MMP-17-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT

	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTg
	QCRSVEGSCGFGAPL	cgccgctgggcctgcgcctgcgcggcggcGGTGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGC
	GLRLRGGGGSEPATS	TCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGCC
	GSETPGTSESATPES	CAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCCC
	GPGSEPATSGSETPG	GGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCT
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTG
	PSEGSAPGSEPATSG	AAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGG
	SETPGSEPATSGSETP	TAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACC
	GSEPATSGSETPGTS	GAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCC
	TEPSEGSAPGTSESA	CTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGAC
	TPESGPGSEPATSGS	TCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
	ETPGTSTEPSEGSAP	
AE912-hGH-Тромбин-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG

	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTct
	QCRSVEGSCGFGLTP	gaccccgcgcagcctgctggtgggcggcGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTG
	RSLLVGGGGTSESAT	AGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCC
	PESGPGSEPATSGSE	AGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAA
	TPGTSESATPESGPG	CCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	SEPATSGSETPGTSES	CTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAG
	ATPESGPGTSTEPSE	CGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGT
	GSAPGSPAGSPTSTE	ACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGG
	EGTSESATPESGPGS	CAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCC
	EPATSGSETPGTSES	TGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAG
	ATPESGPGSPAGSPT	GAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACTT
	STEEGSPAGSPTSTEE	CTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGC
	GTSTEPSEGSAPGTS	TACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAA
	ESATPESGPGTSESA	TCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAG

	TPESGPGTSESATPES	GTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACC
	GPGSEPATSGSETPG	GGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCG
	SEPATSGSETPGSPA	ACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCG
	GSPTSTEEGTSTEPSE	CACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAG
	GSAPGTSTEPSEGSA	CGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGC
	PGSEPATSGSETPGT	GCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGG
	SESATPESGPGTSTEP	GCAGCGCACCA
	SEGSAP	
AE912-hGH-FXIa-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG

	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTg
	QCRSVEGSCGFGGG	gcggcaaactgacccgcgtggtgggcggcGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCT
	KLTRVVGGGGTSES	GAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTC
	ATPESGPGSEPATSG	CAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGA
	SETPGTSESATPESGP	ACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT
	GSEPATSGSETPGTS	ACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCA
	ESATPESGPGTSTEPS	GCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGG
	EGSAPGSPAGSPTST	TACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCG
	EEGTSESATPESGPG	GCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	SEPATSGSETPGTSES	CTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	ATPESGPGSPAGSPT	GGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACT
	STEEGSPAGSPTSTEE	TCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCG
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGA
	ESATPESGPGTSESA	ATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCA
	TPESGPGTSESATPES	GGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAAC
	GPGSEPATSGSETPG	CGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCC
	SEPATSGSETPGSPA	GACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGC
	GSPTSTEEGTSTEPSE	GCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTA
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGSEPATSGSETPGT	CGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAG
	SESATPESGPGTSTEP	GGCAGCGCACCA
	SEGSAP	
AE912-hGH-Elastase-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG

	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA

	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTg
	QCRSVEGSCGFGGG	gcggcctgggcccggtgagcggcgtgccgGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCT
	LGPVSGVPGGTSESA	GAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTC
	TPESGPGSEPATSGS	CAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGA
	ETPGTSESATPESGP	ACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT
	GSEPATSGSETPGTS	ACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCA
	ESATPESGPGTSTEPS	GCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGG
	EGSAPGSPAGSPTST	TACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCG
	EEGTSESATPESGPG	GCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	SEPATSGSETPGTSES	CTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	ATPESGPGSPAGSPT	GGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACT
	STEEGSPAGSPTSTEE	TCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCG
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGA
	ESATPESGPGTSESA	ATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCA
	TPESGPGTSESATPES	GGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAAC
	GPGSEPATSGSETPG	CGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCC
	SEPATSGSETPGSPA	GACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGC
	GSPTSTEEGTSTEPSE	GCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTA
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGSEPATSGSETPGT	CGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAG
	SESATPESGPGTSTEP	GGCAGCGCACCA
	SEGSAP	
AE912-hGH-MMP-17-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC

	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTGAAA
	TSESATPESGPGSEP	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATSGSETPGTSESAT	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	PESGPGSEPATSGSE	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	TPGTSESATPESGPG	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	TSTEPSEGSAPGSPA	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	GSPTSTEEGTSESATP	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	ESGPGSEPATSGSET	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	PGTSESATPESGPGSP	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	AGSPTSTEEGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	APGTSESATPESGPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	SETPGSEPATSGSETP	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	GSPAGSPTSTEEGTS	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	TEPSEGSAPGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGSEPATSGSE	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	TPGTSESATPESGPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSTEPSEGSAPGFPTI	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTATTCCGCTGTC
	PLSRLFDNAMLRAH	TCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGTCTGCACCAGC
	RLHQLAFDTYQEFEE	TGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTACATTCCTAAA
	AYIPKEQKYSFLQNP	GAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACTTCTCTCTGCTT
	QTSLCFSESIPTPSNR	CAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGAAACTCAGCAA
	EETQQKSNLELLRIS	AAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCTGATTCAGAG
	LLLIQSWLEPVQFLR	CTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCGCCAATAGCC
	SVFANSLVYGASDS	TAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCTCCTGAAAGA
	NVYDLLKDLEEGIQT	TCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTCGAGGATGGC
	LMGRLEDGSPRTGQI	TCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACTCTAAATTTGA
	FKQTYSKFDTNSHN	TACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAACTATGGTCTG
	DDALLKNYGLLYCF	CTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAAACCTTCCTGCG
	RKDMDKVETFLRIV	TATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTg
	QCRSVEGSCGFGAPL	cgccgctgggcctgcgcctgcgcggcggcGGTGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCT
	GLRLRGGGGTSESA	GAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTC
	TPESGPGSEPATSGS	CAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGA
	ETPGTSESATPESGP	ACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT
	GSEPATSGSETPGTS	ACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCA
	ESATPESGPGTSTEPS	GCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGG
	EGSAPGSPAGSPTST	TACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCG
	EEGTSESATPESGPG	GCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	SEPATSGSETPGTSES	CTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	ATPESGPGSPAGSPT	GGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTACT
	STEEGSPAGSPTSTEE	TCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCG
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGA
	ESATPESGPGTSESA	ATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCA
	TPESGPGTSESATPES	GGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAAC

	GPGSEPATSGSETPG	CGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCC
	SEPATSGSETPGSPA	GACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGC
	GSPTSTEEGTSTEPSE	GCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTA
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGSEPATSGSETPGT	CGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAG
	SESATPESGPGTSTEP	GGCAGCGCACCA
	SEGSAP	
AM923-hGH-Тромбин-AE144	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA
	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG
	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC

	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTctgaccccgcgcagcctgctggtgggcggcGGTGGT
	GSCGFGLTPRSLLVG	AGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAA
	GGGSEPATSGSETPG	GCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGG
	TSESATPESGPGSEP	CTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAG
	ATSGSETPGSPAGSP	GAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCG
	TSTEEGTSTEPSEGS	AACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	APGSEPATSGSETPG	CTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCT
	SEPATSGSETPGSEP	GAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAG
	ATSGSETPGTSTEPSE	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACC
	GSAPGTSESATPESG	GGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCG
	PGSEPATSGSETPGT	AAGGTAGCGCACCA
	STEPSEGSAP	
AM923-hGH-FXIa-AE144	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA
	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA

	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG
	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTggcggcaaactgacccgcgtggtgggcggcGGTGG
	GSCGFGGGKLTRVV	TAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAA
	GGGGSEPATSGSETP	AGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTG
	GTSESATPESGPGSE	GCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	PATSGSETPGSPAGS	GGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC

	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTA
	APGSEPATSGSETPG	CCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTC
	SEPATSGSETPGSEP	TGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCA
	ATSGSETPGTSTEPSE	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAAC
	GSAPGTSESATPESG	CGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PGSEPATSGSETPGT	GAAGGTAGCGCACCA
	STEPSEGSAP	
AM923-hGH-Elastase-AE144	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA
	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG
	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC

	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTggcggcctgggcccggtgagcggcgtgccgGGTGG
	GSCGFGGGLGPVSG	TAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAA
	VPGGSEPATSGSETP	AGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTG
	GTSESATPESGPGSE	GCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	PATSGSETPGSPAGS	GGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTA
	APGSEPATSGSETPG	CCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTC
	SEPATSGSETPGSEP	TGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCA
	ATSGSETPGTSTEPSE	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAAC
	GSAPGTSESATPESG	CGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PGSEPATSGSETPGT	GAAGGTAGCGCACCA
	STEPSEGSAP	
AM923-hGH-MMP-17-AE144	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA
	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA

	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG
	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTgcgccgctgggcctgcgcctgcgcggcggcGGTGG
	GSCGFGAPLGLRLR	TAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAA
	GGGGSEPATSGSETP	AGCGCTACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTG
	GTSESATPESGPGSE	GCTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGA
	PATSGSETPGSPAGS	GGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC

	PTSTEEGTSTEPSEGS	GAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTA
	APGSEPATSGSETPG	CCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTC
	SEPATSGSETPGSEP	TGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCA
	ATSGSETPGTSTEPSE	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAAC
	GSAPGTSESATPESG	CGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PGSEPATSGSETPGT	GAAGGTAGCGCACCA
	STEPSEGSAP	
AM923-hGH-Тромбин-AE288	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA
	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG
	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC

	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTctgaccccgcgcagcctgctggtgggcggcGGTGGT
	GSCGFGLTPRSLLVG	ACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTG
	GGGTSESATPESGPG	CTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCC
	SEPATSGSETPGTSES	GGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACC
	ATPESGPGSEPATSG	CCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTT
	SETPGTSESATPESGP	CTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTC
	GTSTEPSEGSAPGSP	TCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAA
	AGSPTSTEEGTSESA	TCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAG
	TPESGPGSEPATSGS	GTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGC
	ETPGTSESATPESGP	TGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCA
	GSPAGSPTSTEEGSP	ACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCG
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTAC
	EGSAPGTSESATPES	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	GPGTSESATPESGPG	GCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCC
	ATSGSETPGSEPATS	AGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	ACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTT
	EEGTSTEPSEGSAPG	CTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGA
	TSTEPSEGSAPGSEP	AACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGT
	ATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGS AP	ACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
AM923-hGH-FXIa-AE288	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA

	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG
	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA

	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTggcggcaaactgacccgcgtggtgggcggcGGTGG
	GSCGFGGGKLTRVV	TACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCT
	GGGGTSESATPESGP	GCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCC
	GSEPATSGSETPGTS	CGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAAC
	ESATPESGPGSEPAT	CCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACT
	SGSETPGTSESATPES	TCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCT
	GPGTSTEPSEGSAPG	CTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGA
	SPAGSPTSTEEGTSES	ATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCA
	ATPESGPGSEPATSG	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGG
	SETPGTSESATPESGP	CTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	GSPAGSPTSTEEGSP	AACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTA
	EGSAPGTSESATPES	CTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAG
	GPGTSESATPESGPG	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	TSESATPESGPGSEP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	ATSGSETPGSEPATS	CAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTC
	GSETPGSPAGSPTST	TACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCT
	EEGTSTEPSEGSAPG	TCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTG
	TSTEPSEGSAPGSEP	AAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGG
	ATSGSETPGTSESAT	TACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	PESGPGTSTEPSEGS	
	AP	
AM923-hGH-Elastase-AE288	MAEPAGSPTSTEEGA	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT
	SPGTSSTGSPGSSTPS	CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT
	GATGSPGSSTPSGAT	GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG
	GSPGTSTEPSEGSAP	CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT
	GSEPATSGSETPGSP	AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG
	AGSPTSTEEGSTSST	GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA
	AESPGPGTSTPESGS	ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC
	ASPGSTSESPSGTAP	CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT
	GSTSESPSGTAPGTS	AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA
	TPESGSASPGTSTPES	GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA
	GSASPGSEPATSGSE	TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA
	TPGTSESATPESGPG	CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG
	SPAGSPTSTEEGTSTE	TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG
	PSEGSAPGTSESATP	GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC
	ESGPGTSTEPSEGSA	AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT
	PGTSTEPSEGSAPGSP	ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG
	EGSAPGTSTEPSEGS	CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT
	APGTSESATPESGPG	ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA
	TSESATPESGPGTSTE	GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA
	PSEGSAPGTSTEPSE	AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA
	GSAPGTSESATPESG	CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT
	PGTSTEPSEGSAPGS	CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC
	EPATSGSETPGSPAG	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA
	SPTSTEEGSSTPSGAT	CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG
	GSPGTPGSGTASSSP	TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC
	GSSTPSGATGSPGTS	CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC
	EGSAPGSEPATSGSE	CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC

	TPGSPAGSPTSTEEG	TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG
	PSEGSAPGASASGAP	CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC
	STGGTSESATPESGP	TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC
	GSPAGSPTSTEEGSP	TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT
	AGSPTSTEEGSTSST	CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC
	AESPGPGSTSESPSGT	AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC
	APGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA
	TPGSGTASSSPGSSTP	CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC
	SGATGSPGSSPSAST	TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA
	GTGPGSEPATSGSET	GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGS	CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC
	EPATSGSETPGSTSST	TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC
	AESPGPGSTSSTAESP	CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT
	GPGTSPSGESSTAPG	CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT
	SEPATSGSETPGSEP	CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA
	ATSGSETPGTSTEPSE	AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT
	GSAPGSTSSTAESPG	TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC
	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTggcggcctgggcccggtgagcggcgtgccgGGTGG
	GSCGFGGGLGPVSG	TACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCT
	VPGGTSESATPESGP	GCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCC
	GSEPATSGSETPGTS	CGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAAC
	ESATPESGPGSEPAT	CCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACT
	SGSETPGTSESATPES	TCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCT
	GPGTSTEPSEGSAPG	CTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGA
	SPAGSPTSTEEGTSES	ATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCA
	ATPESGPGSEPATSG	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGG
	SETPGTSESATPESGP	CTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	GSPAGSPTSTEEGSP	AACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTA
	EGSAPGTSESATPES	CTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAG

	GPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATS GSETPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGS AP	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC CAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTC TACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCT TCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTG AAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGG TACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
AM923-hGH-MMP-17-AE288	MAEPAGSPTSTEEGA SPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGAT GSPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGSTSST AESPGPGTSTPESGS ASPGSTSESPSGTAP GSTSESPSGTAPGTS TPESGSASPGTSTPES GSASPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPG SPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPG TSESATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGS EPATSGSETPGSPAG SPTSTEEGSSTPSGAT GSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGTS TEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEG SPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGASASGAP STGGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGSTSST AESPGPGSTSESPSGT APGTSPSGESSTAPG TPGSGTASSSPGSSTP SGATGSPGSSPSAST GTGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSTSST AESPGPGSTSSTAESP GPGTSPSGESSTAPG SEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSE GSAPGSTSSTAESPG	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTGCAT CCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCT GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGG CTCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGT AGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAG GTTCTCCAACTTCTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGA ATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTC CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACT AGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAA GCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA TCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTA CCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGG TTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGG GCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCC AGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT ACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTC CTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAG CGCACCAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAA GCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGA AGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA CCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACTT CTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTAC TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCA CCGAGGAAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGG TACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCC CTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAG GGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTC CAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC TGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTC CGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAG CGCTCCAGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTAC TTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGC TCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTT CTACTGAAGAAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCC AGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCC CCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACCCCTGGCAGCGGTA CCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC TCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCAGGTA GCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAG CGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGC TCTGAAACCCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC CAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCT CCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCT CTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGA AACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGT TCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCC

	PGTSTPESGSASPGST	GGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTG
	SESPSGTAPGTSTEPS	GCACTGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT
	APGTSTEPSEGSAPG	ACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCTG
	SSTPSGATGSPGSSPS	GTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACT
	ASTGTGPGASPGTSS	GGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTA
	TGSPGSEPATSGSET	GCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAG
	PGTSESATPESGPGSP	CGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACC
	AGSPTSTEEGSSTPS	TCCACTGAGGAAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC
	GATGSPGSSPSASTG	CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCC
	TGPGASPGTSSTGSP	CCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTA
	GTSESATPESGPGTS	CTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAG
	TEPSEGSAPGTSTEPS	CGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGT
	EGSAPGFPTIPLSRLF	TTTCCGACTATTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCG
	DNAMLRAHRLHQL	TGCGCACCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTG
	AFDTYQEFEEAYIPK	AAGAAGCcTACATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAA
	EQKYSFLQNPQTSLC	CCCACAGACTTCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCA
	FSESIPTPSNREETQQ	ATCGCGAGGAAACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCAT
	KSNLELLRISLLLIQS	TTCTCTGCTTCTGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGC
	WLEPVQFLRSVFAN	GTTCCGTCTTCGCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAA
	SLVYGASDSNVYDL	CGTATACGATCTCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTG
	LKDLEEGIQTLMGRL	ATGGGTCGTCTCGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCA
	EDGSPRTGQIFKQTY	AGCAGACTTACTCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGC
	SKFDTNSHNDDALL	GCTTCTAAAAAACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGG
	KNYGLLYCFRKDMD	ACAAAGTTGAAACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAG
	KVETFLRIVQCRSVE	GGCAGCTGTGGTTTCTAAGGTgcgccgctgggcctgcgcctgcgcggcggcGGTGG
	GSCGFGAPLGLRLR	TACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCT
	GGGGTSESATPESGP	GCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCC
	GSEPATSGSETPGTS	CGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAAC
	ESATPESGPGSEPAT	CCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACT
	SGSETPGTSESATPES	TCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCT
	GPGTSTEPSEGSAPG	CTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGA
	SPAGSPTSTEEGTSES	ATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCA
	ATPESGPGSEPATSG	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGG
	SETPGTSESATPESGP	CTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	GSPAGSPTSTEEGSP	AACTTCTACTGAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGC
	AGSPTSTEEGTSTEPS	GCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTA
	EGSAPGTSESATPES	CTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAG
	GPGTSESATPESGPG	CGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGT
	TSESATPESGPGSEP	TCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTC
	ATSGSETPGSEPATS	CAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTC
	GSETPGSPAGSPTST	TACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCT
	EEGTSTEPSEGSAPG	TCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTG
	TSTEPSEGSAPGSEP	AAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGG
	ATSGSETPGTSESAT	TACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	PESGPGTSTEPSEGS	
	AP	
AE624-hGH-Тромбин-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC

	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC
	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGL	GTTTCTAAGGTctgaccccgcgcagcctgctggtgggcggcGGTGGTAGCGAACCG
	TPRSLLVGGGGSEPA	GCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	TSGSETPGTSESATPE	CTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAAC
	SGPGSEPATSGSETP	CCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACC
	GSPAGSPTSTEEGTS	TCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAA
	TEPSEGSAPGSEPAT	CCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTC
	SGSETPGSEPATSGS	TGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCA
	ETPGSEPATSGSETP	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTG
	GTSTEPSEGSAPGTS	AAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTC
	ESATPESGPGSEPAT	TGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGC
	SGSETPGTSTEPSEGS AP	GCACCA

AE624-hGH-FXIa-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC
	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGG	GTTTCTAAGGTggcggcaaactgacccgcgtggtgggcggcGGTGGTAGCGAACCG
	GKLTRVVGGGGSEP	GCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	ATSGSETPGTSESAT	CTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAAC

	PESGPGSEPATSGSE	CCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACC
	TPGSPAGSPTSTEEG	TCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAA
	TSTEPSEGSAPGSEP	CCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTC
	ATSGSETPGSEPATS	TGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCA
	GSETPGSEPATSGSE	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTG
	TPGTSTEPSEGSAPG	AAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTC
	TSESATPESGPGSEP	TGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGC
	ATSGSETPGTSTEPSE	GCACCA
	GSAP	
AE624-hGH-Elastase-AE144	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC

	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGG	GTTTCTAAGGTggcggcctgggcccggtgagcggcgtgccgGGTGGTAGCGAACCG
	GLGPVSGVPGGSEPA	GCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	TSGSETPGTSESATPE	CTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAAC
	SGPGSEPATSGSETP	CCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACC
	GSPAGSPTSTEEGTS	TCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAA
	TEPSEGSAPGSEPAT	CCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTC
	SGSETPGSEPATSGS	TGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCA
	ETPGSEPATSGSETP	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTG
	GTSTEPSEGSAPGTS	AAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTC
	ESATPESGPGSEPAT	TGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGC
	SGSETPGTSTEPSEGS AP	GCACCA
ΛE624-hGH-MMP-17-AE144	MΛEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC

	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC
	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGA	GTTTCTAAGGTgcgccgctgggcctgcgcctgcgcggcggcGGTGGTAGCGAACCG
	PLGLRLRGGGGSEPA	GCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTC
	TSGSETPGTSESATPE	CTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAAC
	SGPGSEPATSGSETP	CCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACC
	GSPAGSPTSTEEGTS	TCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAA
	TEPSEGSAPGSEPAT	CCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTC
	SGSETPGSEPATSGS	TGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCA
	ETPGSEPATSGSETP	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACTTCTG
	GTSTEPSEGSAPGTS	AAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTC
	ESATPESGPGSEPAT	TGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGC
	SGSETPGTSTEPSEGS AP	GCACCA
AE624-hGH-Тромбин-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG

	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC
	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGL	GTTTCTAAGGTctgaccccgcgcagcctgctggtgggcggcGGTGGTACCTCTGAAA
	TPRSLLVGGGGTSES	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATPESGPGSEPATSG	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	SETPGTSESATPESGP	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	GSEPATSGSETPGTS	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	ESATPESGPGTSTEPS	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	EGSAPGSPAGSPTST	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	EEGTSESATPESGPG	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	SEPATSGSETPGTSES	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	ATPESGPGSPAGSPT	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	STEEGSPAGSPTSTEE	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	ESATPESGPGTSESA	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	TPESGPGTSESATPES	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	GPGSEPATSGSETPG	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	SEPATSGSETPGSPA	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	SESATPESGPGTSTEP	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	SEGSAP	
AE624-hGH-FXIa-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG

	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC
	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT
	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGG	GTTTCTAAGGTggcggcaaactgacccgcgtggtgggcggcGGTGGTACCTCTGAA
	GKLTRVVGGGGTSE	AGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCG
	SATPESGPGSEPATS	GCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGG
	GSETPGTSESATPES	TCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACC
	GPGSEPATSGSETPG	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAAC
	TSESATPESGPGTSTE	CGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTC
	PSEGSAPGSPAGSPT	CACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	STEEGTSESATPESGP	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	GSEPATSGSETPGTS	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	ESATPESGPGSPAGS	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	PTSTEEGSPAGSPTST	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	EEGTSTEPSEGSAPG	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	TSESATPESGPGTSES	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	ATPESGPGTSESATP	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC

	ESGPGSEPATSGSET	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	PGSEPATSGSETPGSP	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	AGSPTSTEEGTSTEPS	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	EGSAPGTSTEPSEGS	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	APGSEPATSGSETPG	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	TSESATPESGPGTSTE	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	PSEGSAP	
AE624-hGH-Elastase-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTC
	LRISLLLIQSWLEPVQ	TGATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTC
	FLRSVFANSLVYGAS	GCCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATC
	DSNVYDLLKDLEEGI	TCCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCT

	QTLMGRLEDGSPRT	CGAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTAC
	GQIFKQTYSKFDTNS	TCTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	ACTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGA
	CFRKDMDKVETFLRI	AACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTG
	VQCRSVEGSCGFGG	GTTTCTAAGGTggcggcctgggcccggtgagcggcgtgccgGGTGGTACCTCTGAA
	GLGPVSGVPGGTSES	AGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCG
	ATPESGPGSEPATSG	GCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGG
	SETPGTSESATPESGP	TCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACC
	GSEPATSGSETPGTS	TCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAAC
	ESATPESGPGTSTEPS	CGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTC
	EGSAPGSPAGSPTST	CACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	EEGTSESATPESGPG	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	SEPATSGSETPGTSES	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	ATPESGPGSPAGSPT	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	STEEGSPAGSPTSTEE	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	ESATPESGPGTSESA	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	TPESGPGTSESATPES	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	GPGSEPATSGSETPG	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	SEPATSGSETPGSPA	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	SESATPESGPGTSTEP	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	SEGSAP	
AE624-hGH-MMP-17-AE288	MAEPAGSPTSTEEGT	ATGGCTGAACCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTACCC
	PGSGTASSSPGSSTPS	CGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCT
	GATGSPGASPGTSST	GGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCG
	GSPGSPAGSPTSTEE	GTTCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGG
	GTSESATPESGPGTS	TACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTG
	TEPSEGSAPGSPAGS	AACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGAC
	PTSTEEGTSTEPSEGS	TTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCA
	APGTSTEPSEGSAPG	CCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTT
	TSESATPESGPGSEP	CTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTAC
	ATSGSETPGSEPATS	TTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCT
	GSETPGSPAGSPTST	GAAACTCCAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAG
	EEGTSESATPESGPG	GTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTAC
	TSTEPSEGSAPGTSTE	CGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCGTCC
	PSEGSAPGSPAGSPT	GAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCG
	STEEGTSTEPSEGSAP	AGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAC
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGC
	ESATPESGPGTSTEPS	GCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAG
	EGSAPGTSESATPES	GTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCC
	GPGSEPATSGSETPG	AGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCT
	TSTEPSEGSAPGTSTE	ACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGT
	PSEGSAPGTSESATP	CTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATC
	ESGPGTSESATPESG	CGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	PGSPAGSPTSTEEGT	AGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAA
	SESATPESGPGSEPA	GCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGG
	TSGSETPGTSESATPE	TTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGC
	SGPGTSTEPSEGSAP	CCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTT
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACC
	TEPSEGSAPGTSTEPS	GTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGC
	EGSAPGTSTEPSEGS	AGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAG
	APGTSTEPSEGSAPG	GTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGC
	SPAGSPTSTEEGTSTE	AGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCC

	PSEGSAPGTSESATP	GAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTG
	ESGPGSEPATSGSET	GCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAC
	PGTSESATPESGPGS	CTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCGAACCTGCA
	EPATSGSETPGTSES	ACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTG
	ATPESGPGTSTEPSE	AATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACC
	GSAPGTSESATPESG	AGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCG
	PGSPAGSPTSTEEGSP	GCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTC
	AGSPTSTEEGSPAGS	CAACTTCTACTGAAGAAGGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTAC
	PTSTEEGTSESATPES	TGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGT
	GPGTSTEPSEGSAPG	ACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTTTTCCGACTA
	FPTIPLSRLFDNAML	TTCCGCTGTCTCGTCTGTTTGATAATGCTATGCTGCGTGCGCACCGT
	RAHRLHQLAFDTYQ	CTGCACCAGCTGGCCTTTGATACTTACCAGGAATTTGAAGAAGCcTA
	EFEEAYIPKEQKYSF	CATTCCTAAAGAGCAGAAGTACTCTTTCCTGCAAAACCCACAGACT
	LQNPQTSLCFSESIPT	TCTCTCTGCTTCAGCGAATCTATTCCGACGCCTTCCAATCGCGAGGA
	PSNREETQQKSNLEL	AACTCAGCAAAAGTCAATCTGGAACTACTCCGCATTTCTCTGCTTCT
	LRISLLLIQSWLEPVQ	GATTCAGAGCTGGCTAGAACCAGTGCAATTTCTGCGTTCCGTCTTCG
	FLRSVFANSLVYGAS	CCAATAGCCTAGTTTATGGCGCATCCGACAGCAACGTATACGATCT
	DSNVYDLLKDLEEGI	CCTGAAAGATCTCGAGGAAGGCATTCAGACCCTGATGGGTCGTCTC
	QTLMGRLEDGSPRT	GAGGATGGCTCTCCGCGTACTGGTCAGATCTTCAAGCAGACTTACT
	GQIFKQTYSKFDTNS	CTAAATTTGATACTAACAGCCACAATGACGATGCGCTTCTAAAAAA
	HNDDALLKNYGLLY	CTATGGTCTGCTGTATTGTTTTCGTAAAGATATGGACAAAGTTGAA
	CFRKDMDKVETFLRI	ACCTTCCTGCGTATTGTTCAGTGTCGTTCCGTTGAGGGCAGCTGTGG
	VQCRSVEGSCGFGA	TTTCTAAGGTgcgccgctgggcctgcgcctgcgcggcggcGGTGGTACCTCTGAAA
	PLGLRLRGGGGTSES	GCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGG
	ATPESGPGSEPATSG	CTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGT
	SETPGTSESATPESGP	CCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCT
	GSEPATSGSETPGTS	CTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACC
	ESATPESGPGTSTEPS	GTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCC
	EGSAPGSPAGSPTST	ACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCA
	EEGTSESATPESGPG	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACTTCTG
	SEPATSGSETPGTSES	AAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCC
	ATPESGPGSPAGSPT	GACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACT
	STEEGSPAGSPTSTEE	GAAGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTA
	GTSTEPSEGSAPGTS	CTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAG
	ESATPESGPGTSESA	CGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCG
	TPESGPGTSESATPES	GAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCC
	GPGSEPATSGSETPG	CAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTAGCCC
	SEPATSGSETPGSPA	AGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCT
	GSPTSTEEGTSTEPSE	TCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCA
	GSAPGTSTEPSEGSA	GCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGG
	PGSEPATSGSETPGT	TACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTG
	SESATPESGPGTSTEP	AACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
	SEGSAP	

* Наименование последовательности отражает конфигурацию от N- к С-концу фактора роста и компонентов XTEN.

Перечень последовательностей

<110> Амуникс оперэйтинг Инк.

<120> ГИБРИДНЫЙ БЕЛОК, ВКЛЮЧАЮЩИЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ГОРМОНА РОСТА И XTEN, СПОСОБ ЕГО ПОЛУЧЕНИЯ И ПРИМЕНЕНИЯ

<130> 32808-716.601

<140> PCT/US2010/037849
<141> 2010-06-08

<150> 12/699,761
<151> 2010-02-03

<150> PCT/US2010/023106
<151> 2010-02-03

<150> 61/280,955
<151> 2009-11-10

<150> 61/236,836
<151> 2009-08-25

<150> 61/185,112
<151> 2009-06-08

<160> 850

<170> PatentIn версия 3.5

<210> 1
<211> 191
<212> ПРТ
<213> Homo sapiens

<400> 1

```
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1               5                  10                  15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
        35                  40                  45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
    50                  55                  60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
                85                  90                  95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
            100                 105                 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
            180                 185                 190
```

<210> 2
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Sus sp.

<400> 2
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
20 25 30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
35 40 45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
50 55 60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
85 90 95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
100 105 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
115 120 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
130 135 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145 150 155 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
165 170 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
180 185 190

<210> 3
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Vicugna pacos

<400> 3
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
20 25 30

```
Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Arg Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 4
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Camelus sp.

```
<400> 4
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Val Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
```

65 70 75 80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
85 90 95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
100 105 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
115 120 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Arg Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
130 135 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145 150 155 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
165 170 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
180 185 190

<210> 5
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Equus ferus

<400> 5
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
20 25 30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
35 40 45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
50 55 60

Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Met Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65 70 75 80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Leu Leu Ser Arg Val Phe
85 90 95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
100 105 110

```
Arg Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 6
<211> 190
<212> ПРТ
<213> неизвестный

<220>
<223> описание неизвестного: белок гормона роста слона

<400> 6

```
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125
```

Gly Ser Pro Arg Pro Gly Gln Val Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
130 135 140

Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145 150 155 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
165 170 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
180 185 190

<210> 7
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Vulpes vulpes

<400> 7
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
20 25 30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
35 40 45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
50 55 60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Leu Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
85 90 95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
100 105 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
115 120 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
130 135 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145 150 155 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg

```
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190


<210> 8
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Canis familiaris

<400> 8
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190


<210> 9
<211> 190
```

<212> ПРТ
<213> Felis catus

<400> 9
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
20 25 30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
35 40 45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
50 55 60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
85 90 95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
100 105 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
115 120 125

Gly Ser Pro Arg Gly Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
130 135 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145 150 155 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
165 170 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
180 185 190

<210> 10
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Neovison vison

<400> 10
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Asp Phe Glu

```
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Met Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Pro Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 11
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Balaenoptera physalus

```
<400> 11
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60
```

```
Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Val Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 12
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста дельфина

<400> 12

```
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Thr Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Val Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80
```

```
Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 13
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Hippopotamus amphibius

```
<400> 13
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Thr Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
```

```
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 14
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста кролика

<400> 14

```
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Met Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Ala Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Thr Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Val Gly Gln Leu Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140
```

```
Asp Thr Asn Leu Arg Gly Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Val Phe
            180                 185                 190
```

<210> 15
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Rattus sp.

<400> 15

```
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Glu
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Gln Arg Thr Asp Met Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Ile Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Met Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Gln Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Pro Arg Ile Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Ala Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175
```

```
Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Ala Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190


<210> 16
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Mus sp.

<400> 16
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ser Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15


Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30


Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45


Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Glu
    50                  55                  60


Glu Ala Gln Gln Arg Thr Asp Met Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80


Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Ile Phe
                85                  90                  95


Thr Asn Ser Leu Met Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110


Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Gln Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125


Gly Ser Pro Arg Val Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140


Asp Ala Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160


Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175


Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190


<210> 17
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Неизвестный
```

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста хомяка

<400> 17
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
20 25 30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
35 40 45

Thr Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Glu
50 55 60

Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Met Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65 70 75 80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Ile Phe
85 90 95

Thr Asn Ser Leu Met Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
100 105 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Gln Glu Leu Glu Asp
115 120 125

Gly Ser Pro Arg Val Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
130 135 140

Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145 150 155 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
165 170 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
180 185 190

<210> 18
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста слепыша

<400> 18
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Asn Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

```
Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
        35                  40                  45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Glu
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Met Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Phe Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Leu Arg Ala Gly Gln Leu Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 19
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Cavia porcellus

```
<400> 19
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Gly Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile His Asn Thr Gln
        35                  40                  45
```

```
Thr Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Asp Lys Glu
    50                  55                  60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Thr Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asn Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Arg Lys Asp Leu His Arg Thr Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 20
<211> 191
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста вола

```
<400> 20
Ala Phe Pro Ala Met Ser Leu Ser Gly Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu
1               5                   10                  15

Arg Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Phe Lys Glu Phe
            20                  25                  30

Glu Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Thr
        35                  40                  45

Gln Val Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys
    50                  55                  60
```

```
Asn Glu Ala Gln Gln Lys Ser Asp Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Leu Gln Phe Leu Ser Arg Val
                85                  90                  95

Phe Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys
            100                 105                 110

Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Leu Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu
        115                 120                 125

Asp Gly Thr Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys
    130                 135                 140

Phe Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly
145                 150                 155                 160

Leu Leu Ser Cys Phe Arg Lys Asp Leu His Lys Thr Glu Thr Tyr Leu
                165                 170                 175

Arg Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Gly Glu Ala Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 21
<211> 191
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста овцы или козы

```
<400> 21
Ala Phe Pro Ala Met Ser Leu Ser Gly Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu
1               5                   10                  15

Arg Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Phe Lys Glu Phe
            20                  25                  30

Glu Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Thr
        35                  40                  45

Gln Val Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys
    50                  55                  60

Asn Glu Ala Gln Gln Lys Ser Asp Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Leu Gln Phe Leu Ser Arg Val
                85                  90                  95
```

```
Phe Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys
            100                 105                 110

Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Leu Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu
        115                 120                 125

Asp Val Thr Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys
    130                 135                 140

Phe Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly
145                 150                 155                 160

Leu Leu Ser Cys Phe Arg Lys Asp Leu His Lys Thr Glu Thr Tyr Leu
                165                 170                 175

Arg Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Gly Glu Ala Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 22
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Cervus elaphus

```
<400> 22
Phe Pro Ala Met Ser Leu Ser Gly Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Phe Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Thr Gln
        35                  40                  45

Val Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asn
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Gln Lys Ser Asp Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Leu Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Leu Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125
```

```
Gly Thr Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Arg Lys Asp Leu His Lys Thr Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Gly Glu Ala Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 23
<211> 191
<212> ПРТ
<213> Giraffa camelopardalis

<400> 23

```
Ala Phe Pro Ala Met Ser Leu Ser Gly Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu
1               5                   10                  15

Arg Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Phe Lys Glu Phe
            20                  25                  30

Glu Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Thr
        35                  40                  45

Gln Val Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys
    50                  55                  60

Asn Glu Ala Gln Gln Lys Ser Asp Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Leu Gln Phe Leu Ser Arg Val
                85                  90                  95

Phe Ser Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys
            100                 105                 110

Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Leu Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu
        115                 120                 125

Asp Gly Thr Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys
    130                 135                 140

Phe Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly
145                 150                 155                 160
```

```
Leu Leu Ser Cys Phe Arg Lys Asp Leu His Lys Thr Glu Thr Tyr Leu
                165                 170                 175

Arg Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Gly Glu Ala Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 24
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста оленька-1

<400> 24

```
Phe Pro Ala Met Ser Leu Ser Gly Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1               5                   10                  15

Val Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Phe Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Thr Gln
        35                  40                  45

Val Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asn
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Gln Lys Ser Asp Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Leu Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Leu Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Pro Pro Arg Ala Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Met Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Arg Lys Asp Leu His Lys Thr Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Gly Glu Ala Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 25
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста медленного лори

<400> 25
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg
1 5 10 15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Ala Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
20 25 30

Arg Ala Tyr Ile Pro Glu Gly Gln Arg Tyr Ser Ile Gln Asn Ala Gln
35 40 45

Ala Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
50 55 60

Glu Ala Gln Gln Arg Ser Asp Met Glu Leu Leu Arg Phe Ser Leu Leu
65 70 75 80

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Gly Pro Val Gln Leu Leu Ser Arg Val Phe
85 90 95

Thr Asn Ser Leu Val Leu Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
100 105 110

Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Arg Glu Leu Glu Asp
115 120 125

Gly Ser Pro Arg Val Gly Gln Ile Leu Lys Gln Thr Tyr Asp Lys Phe
130 135 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145 150 155 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
165 170 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
180 185 190

<210> 26
<211> 191
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста мартышки

<400> 26
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Leu Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ala Ser Lys
50 55 60

Lys Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Met Ser Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Phe Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
85 90 95

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

Tyr Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
115 120 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Glu Ile Phe Met Gln Thr Tyr Arg
130 135 140

Lys Phe Asp Val Asn Ser Gln Asn Asn Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145 150 155 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
165 170 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
180 185 190

<210> 27
<211> 190
<212> ПРТ
<213> Неизвестный

<220>
<223> Описание неизвестного: белок гормона роста хвостатого опоссума

<400> 27
Phe Pro Ala Met Pro Leu Ser Ser Leu Phe Ala Asn Ala Val Leu Arg

```
1               5                   10                  15

Ala Gln His Leu His Gln Leu Val Ala Asp Thr Tyr Lys Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Arg Thr Tyr Ile Pro Glu Ala Gln Arg His Ser Ile Gln Ser Thr Gln
        35                  40                  45

Thr Ala Phe Cys Phe Ser Glu Thr Ile Pro Ala Pro Thr Gly Lys Asp
    50                  55                  60

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

Leu Ile Gln Ser Trp Leu Ser Pro Val Gln Phe Leu Ser Arg Val Phe
                85                  90                  95

Thr Asn Ser Leu Val Phe Gly Thr Ser Asp Arg Val Tyr Glu Lys Leu
            100                 105                 110

Arg Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Ala Leu Met Gln Glu Leu Glu Asp
        115                 120                 125

Gly Ser Ser Arg Gly Gly Leu Val Leu Lys Thr Thr Tyr Asp Lys Phe
    130                 135                 140

Asp Thr Asn Leu Arg Ser Asp Glu Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ser Cys Phe Lys Lys Asp Leu His Lys Ala Glu Thr Tyr Leu Arg
                165                 170                 175

Val Met Lys Cys Arg Arg Phe Val Glu Ser Ser Cys Ala Phe
            180                 185                 190
```

<210> 28
<211> 191
<212> ПРТ
<213> Macaca mulatta

```
<400> 28
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1               5                   10                  15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
        35                  40                  45
```

```
Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
    50                  55                  60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
                85                  90                  95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Thr Ser Tyr Ser Asp Val Tyr Asp
            100                 105                 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Ser Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asn Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Ile Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
            180                 185                 190
```

<210> 29
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

```
<400> 29
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
1               5                   10
```

<210> 30
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

```
<400> 30
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
```

1 5 10

<210> 31
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 31
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
1 5 10

<210> 32
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 32
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
1 5 10

<210> 33
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 33
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1 5 10

<210> 34
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 34
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1 5 10

<210> 35
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 35
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1 5 10

<210> 36
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 36
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1 5 10

<210> 37
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 37
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
1 5 10

<210> 38
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 38
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
1 5 10

<210> 39
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 39
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

1 5 10

<210> 40
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 40
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
1 5 10

<210> 41
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 41
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
1 5 10

<210> 42
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 42
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1 5 10

<210> 43
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 43
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
1 5 10

<210> 44
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 44
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1 5 10

<210> 45
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 45
Gly Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Ser Glu
1 5 10

<210> 46
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 46
Gly Thr Gly Glu Pro Ser Ser Thr Pro Ala Ser Glu
1 5 10

<210> 47
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 47
Gly Ser Gly Pro Ser Thr Glu Ser Ala Pro Thr Glu
1 5 10

<210> 48
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 48
Gly Ser Glu Thr Pro Ser Gly Pro Ser Glu Thr Ala

1 5 10

<210> 49
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 49
Gly Pro Ser Glu Thr Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala
1 5 10

<210> 50
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 50
Gly Ser Pro Ser Glu Pro Thr Glu Gly Thr Ser Ala
1 5 10

<210> 51
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 51
Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
1 5 10

<210> 52
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 52
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
1 5 10

<210> 53
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 53
Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala
1 5 10

<210> 54
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 54
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
1 5 10

<210> 55
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 55
Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala
1 5 10

<210> 56
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 56
Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
1 5 10

<210> 57
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 57
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala

1 5 10

<210> 58
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 58
Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser
1 5 10

<210> 59
<211> 48
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 59
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

<210> 60
<211> 48
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 60
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

<210> 61
<211> 144

<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 61
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 62
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 62
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro

```
        35                  40                  45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
65                  70                  75                  80

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
            100                 105                 110

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
    130                 135                 140
```

<210> 63
<211> 288
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 63

```
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                   10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            20                  25                  30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65                  70                  75                  80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            100                 105                 110
```

```
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        115                 120                 125

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                165                 170                 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        195                 200                 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    210                 215                 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
                245                 250                 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        275                 280                 285


<210> 64
<211> 504
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид


<220>
<221> MOD_RES
<222> (63)..(63)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
```

<222> (207)..(207)
<223> Любая аминокислота

<400> 64

```
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1               5                   10                  15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
            20                  25                  30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Xaa Pro
    50                  55                  60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65                  70                  75                  80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
            100                 105                 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        115                 120                 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                165                 170                 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Xaa Pro
        195                 200                 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225                 230                 235                 240
```

```
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            260                 265                 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305                 310                 315                 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
            340                 345                 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        355                 360                 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                405                 410                 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        435                 440                 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    450                 455                 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
                485                 490                 495
```

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
500

<210> 65
<211> 540
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 65
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
130 135 140

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
180 185 190

```
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    290                 295                 300

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
        435                 440                 445
```

```
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
    450                 455                 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
                485                 490                 495

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
            500                 505                 510

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
    530                 535                 540
```

<210> 66
<211> 576
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 66

```
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1               5                   10                  15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            20                  25                  30

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
    50                  55                  60

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
            100                 105                 110
```

```
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        115                 120                 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
145                 150                 155                 160

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
                165                 170                 175

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        275                 280                 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                325                 330                 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
            340                 345                 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        355                 360                 365
```

```
Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
385                 390                 395                 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                405                 410                 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
        435                 440                 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
    450                 455                 460

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            500                 505                 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
    530                 535                 540

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
545                 550                 555                 560

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
                565                 570                 575
```

<210> 67
<211> 576
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 67
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255

```
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
```

```
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575


<210> 68
<211> 576
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 68
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1               5                   10                  15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            20                  25                  30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            100                 105                 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
    130                 135                 140
```

```
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                165                 170                 175

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    290                 295                 300

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
```

385 390 395 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
405 410 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
420 425 430

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
435 440 445

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465 470 475 480

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
485 490 495

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
500 505 510

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
515 520 525

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
530 535 540

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
545 550 555 560

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
565 570 575

<210> 69
<211> 625
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 69
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

```
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
```

```
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525
```

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
530 535 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
565 570 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
580 585 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
610 615 620

Pro
625

<210> 70
<211> 836
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 70
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
35 40 45

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
50 55 60

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro

```
            100                 105                 110

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
        115                 120                 125

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
    130                 135                 140

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
                165                 170                 175

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
        195                 200                 205

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
            260                 265                 270

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
    290                 295                 300

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
                325                 330                 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
            340                 345                 350
```

```
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
                405                 410                 415

Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
            420                 425                 430

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly
        435                 440                 445

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            500                 505                 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
    530                 535                 540

Ser Ser Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
545                 550                 555                 560

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
                565                 570                 575

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
            580                 585                 590

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
        595                 600                 605
```

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
610 615 620

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
625 630 635 640

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
645 650 655

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
660 665 670

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
675 680 685

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
690 695 700

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
705 710 715 720

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
725 730 735

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
740 745 750

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
755 760 765

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
770 775 780

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
785 790 795 800

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
805 810 815

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
820 825 830

Ser Gly Ser Ser
835

<210> 71
<211> 864

<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 71

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1               5                  10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65                  70                  75                  80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            100                 105                 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220
```

```
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480
```

```
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
            580                 585                 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        595                 600                 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                645                 650                 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    690                 695                 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
```

```
                725                 730                 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785                 790                 795                 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
            820                 825                 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        835                 840                 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    850                 855                 860


<210> 72
<211> 875
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид


<220>
<221> MOD_RES
<222> (430)..(432)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (443)..(446)
<223> Любая аминокислота

<400> 72
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1               5                   10                  15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            20                  25                  30
```

```
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            100                 105                 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
                165                 170                 175

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        275                 280                 285
```

```
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    290                 295                 300

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
        435                 440                 445

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    450                 455                 460

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
```

```
    530                 535                 540

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro
625                 630                 635                 640

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser
                645                 650                 655

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser
        675                 680                 685

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    690                 695                 700

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser
                725                 730                 735

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    770                 775                 780
```

```
Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser
            820                 825                 830

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
        835                 840                 845

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
865                 870                 875
```

<210> 73
<211> 864
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 73

```
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1               5                   10                  15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
            20                  25                  30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
    50                  55                  60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65                  70                  75                  80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
            100                 105                 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
```

```
        115                 120                 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                165                 170                 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
        195                 200                 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            260                 265                 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305                 310                 315                 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
            340                 345                 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        355                 360                 365
```

```
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                405                 410                 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        435                 440                 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    450                 455                 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    530                 535                 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
545                 550                 555                 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            580                 585                 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
        595                 600                 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    610                 615                 620
```

```
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
625                 630                 635                 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                645                 650                 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
        675                 680                 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
    690                 695                 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
705                 710                 715                 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
                725                 730                 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
    770                 775                 780

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            820                 825                 830

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
        835                 840                 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860
```

<210> 74
<211> 875

<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 74

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                  10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220
```

```
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser
        435                 440                 445

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
    450                 455                 460

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480
```

```
Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
545                 550                 555                 560

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
                565                 570                 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser
            580                 585                 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
        595                 600                 605

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
625                 630                 635                 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                645                 650                 655

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro
```

```
                725                 730                 735

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            740                 745                 750

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
    770                 775                 780

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
785                 790                 795                 800

Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
            820                 825                 830

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
        835                 840                 845

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
    850                 855                 860

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
865                 870                 875


<210> 75
<211> 913
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 75
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                   10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60
```

```
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
```

```
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560
```

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815
```

```
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro
```

<210> 76
<211> 924
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 76

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1               5                   10                  15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
    50                  55                  60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65                  70                  75                  80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
                85                  90                  95
```

```
Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605
```

```
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
```

```
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        915                 920


<210> 77
<211> 1318
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 77
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                   10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140
```

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
```

385 390 395 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
435 440 445

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
450 455 460

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465 470 475 480

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
485 490 495

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
500 505 510

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
515 520 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
530 535 540

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545 550 555 560

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
565 570 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
580 585 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
595 600 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
610 615 620

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
625 630 635 640

```
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
                645                 650                 655

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
        675                 680                 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
                725                 730                 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
    770                 775                 780

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
785                 790                 795                 800

Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
            820                 825                 830

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
        835                 840                 845

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Ala Ser
865                 870                 875                 880

Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr
                885                 890                 895
```

```
Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr
            900                 905                 910

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
        915                 920                 925

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
    930                 935                 940

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
945                 950                 955                 960

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
            980                 985                 990

Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu  Ser Gly Ser Ala Ser  Pro Gly Thr
        995                 1000                1005

Ser Pro  Ser Gly Glu Ser Ser  Thr Ala Pro Gly Thr  Ser Pro Ser
    1010                1015                1020

Gly Glu  Ser Ser Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1025                1030                1035

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1040                1045                1050

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1055                1060                1065

Thr Ser  Glu Ser Pro Ser Gly  Thr Ala Pro Gly Ser  Thr Ser Glu
    1070                1075                1080

Ser Pro  Ser Gly Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Thr Pro  Glu Ser Gly
    1085                1090                1095

Ser Ala  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1100                1105                1110

Glu Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1115                1120                1125

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1130                1135                1140
```

```
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1145                1150                1155

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1160                1165                1170

Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1175                1180                1185

Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro
    1190                1195                1200

Ser Gly  Ala Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Thr Ser Glu  Ser Pro Ser
    1205                1210                1215

Gly Thr  Ala Pro Gly Thr Ser  Pro Ser Gly Glu Ser  Ser Thr Ala
    1220                1225                1230

Pro Gly  Ser Thr Ser Ser Thr  Ala Glu Ser Pro Gly  Pro Gly Ser
    1235                1240                1245

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1250                1255                1260

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala
    1265                1270                1275

Ser Ser  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1280                1285                1290

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1295                1300                1305

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1310                1315
```

<210> 78
<211> 864
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 78

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
1               5                  10                  15
```

```
Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            20                  25                  30

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro
    50                  55                  60

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65                  70                  75                  80

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        115                 120                 125

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
    130                 135                 140

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr
145                 150                 155                 160

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
            180                 185                 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Glu
        195                 200                 205

Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
    210                 215                 220

Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala
225                 230                 235                 240

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro
                245                 250                 255

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270
```

```
Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
        275                 280                 285

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
                325                 330                 335

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        355                 360                 365

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
385                 390                 395                 400

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
    450                 455                 460

Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            500                 505                 510

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
```

```
        515                 520                 525

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
    530                 535                 540

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545                 550                 555                 560

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
            580                 585                 590

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        595                 600                 605

Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser
                645                 650                 655

Glu Pro Gly Ala Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
            660                 665                 670

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
        675                 680                 685

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
705                 710                 715                 720

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
                725                 730                 735

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            740                 745                 750

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
        755                 760                 765
```

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Glu
770 775 780

Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
785 790 795 800

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
820 825 830

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
835 840 845

Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
850 855 860

<210> 79
<211> 864
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 79
Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala
35 40 45

Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Ser Glu Thr
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Ser Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser
85 90 95

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu

```
        115                 120                 125

Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
                165                 170                 175

Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Ser Glu Thr
        195                 200                 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
    210                 215                 220

Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser
225                 230                 235                 240

Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Thr Ser Glu
                245                 250                 255

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Ser Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Ser Thr Ala
    290                 295                 300

Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr
            340                 345                 350

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser
        355                 360                 365
```

```
Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Ser Glu Thr
385                 390                 395                 400

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu
                405                 410                 415

Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala
            420                 425                 430

Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu
        435                 440                 445

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr
    450                 455                 460

Ser Thr Glu Ala Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala
465                 470                 475                 480

Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Ala Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala
        515                 520                 525

Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
545                 550                 555                 560

Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr
            580                 585                 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser
        595                 600                 605

Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala
    610                 615                 620
```

```
Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu
625                 630                 635                 640

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
                645                 650                 655

Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser
            660                 665                 670

Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala
        675                 680                 685

Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr
    690                 695                 700

Ser Thr Glu Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
            740                 745                 750

Ser Glu Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr
    770                 775                 780

Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser
785                 790                 795                 800

Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser
        835                 840                 845

Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
    850                 855                 860
```

<210> 80

<211> 48
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 80
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

<210> 81
<211> 48
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 81
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

<210> 82
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 82
Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val
1 5

<210> 83
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 83
Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val
1 5

<210> 84
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 84
Lys Leu Thr Arg Val Val Gly Gly
1 5

<210> 85
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 85
Thr Met Thr Arg Ile Val Gly Gly
1 5

<210> 86
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 86
Ser Pro Phe Arg Ser Thr Gly Gly
1 5

<210> 87
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 87
Leu Gln Val Arg Ile Val Gly Gly
1 5

<210> 88
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 88
Pro Leu Gly Arg Ile Val Gly Gly
1 5

<210> 89
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 89
Ile Glu Gly Arg Thr Val Gly Gly
1 5

<210> 90
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 90
Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val
1 5

<210> 91
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 91
Leu Gly Pro Val Ser Gly Val Pro
1 5

<210> 92
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 92
Val Ala Gly Asp Ser Leu Glu Glu
1 5

<210> 93
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 93
Gly Pro Ala Gly Leu Gly Gly Ala
1 5

<210> 94
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (2)..(2)
<223> Pro или Ala

<220>
<221> MOD_RES
<222> (3)..(3)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (6)..(6)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (8)..(8)
<223> Любая аминокислота

<400> 94
Gly Xaa Xaa Gly Leu Xaa Gly Xaa
1 5

<210> 95
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 95
Gly Pro Ala Gly Leu Arg Gly Ala
1 5

<210> 96
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (3)..(3)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (6)..(6)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (7)..(7)
<223> Gly или Ala

<220>
<221> MOD_RES
<222> (8)..(8)
<223> Любая аминокислота

<400> 96
Gly Pro Xaa Gly Leu Xaa Xaa Xaa
1 5

<210> 97
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 97
Ala Pro Leu Gly Leu Arg Leu Arg
1 5

<210> 98
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 98
Pro Ala Leu Pro Leu Val Ala Gln
1 5

<210> 99
<211> 7
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 99
Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Gly
1 5

<210> 100
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 100
Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Gly Ser
1 5

<210> 101
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 101
Asp Asp Asp Lys Ile Val Gly Gly
1 5

<210> 102
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 102
Asp Asp Asp Lys Ile Val Gly Gly
1 5

<210> 103
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 103
Leu Glu Val Leu Phe Gln Gly Pro
1 5

<210> 104
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 104
Leu Glu Val Leu Phe Gln Gly Pro
1 5

<210> 105
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 105
Leu Pro Lys Thr Gly Ser Glu Ser
1 5

<210> 106
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (3)..(3)
<223> Lys, Glu, Ala или Asp

<220>
<221> MOD_RES
<222> (6)..(6)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (7)..(7)
<223> Glu, Lys или Ser

<400> 106
Leu Pro Xaa Thr Gly Xaa Xaa Ser
1 5

<210> 107
<211> 144
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 107
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttct 144

<210> 108
<211> 144
<212> ДНК
<213> ДНК;!

<400> 108
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctct 144

<210> 109
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 109
ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa accccaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tctggctctg aaaccccagg tagcccggca 120

ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca 180

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta gcgaacctgc tacctccggc 240

tctgaaactc caggtagcga accggctact tccggttctg aaactccagg tacctctacc 300

gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact tctgaaagcg caacccctga atccggtcca 360

ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag actccaggta cttctaccga accgtccgaa 420

ggtagcgcac ca 432

<210> 110
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 110
ggtacttcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ctgctccagg ttctaccagc 120

tctaccgctg aatctcctgg cccaggttct accagcgaat ccccgtctgg caccgcacca 180

ggttctacta gctctaccgc agaatctccg ggtccaggta cttcccctag cggtgaatct 240

tctactgctc caggtacctc tactccggaa agcggctccg catctccagg ttctactagc 300

tctactgctg aatctcctgg tccaggtacc tcccctagcg gcgaatcttc tactgctcca 360

ggtacctctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta cctcccctag cggtgaatct 420

tctaccgcac ca 432

<210> 111
<211> 864
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 111
ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc 60

tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca accccggaat ctggtccagg tagcgaacct 120

gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg ctactcctga atctggccca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc 240

tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg 300

gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca 360

ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact 420

tctactgaag aaggtacttc taccgaacct tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca 540

ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt 600

tctgaaaccc caggtagcga accggctacc tccggttctg aaactccagg tagcccagca 660

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 720

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc 780

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact 840

gaaccgtccg agggcagcgc acca 864

<210> 112
<211> 1728
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 112
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg tagcccagca 120

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 180

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 240

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg 300

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccggcaggct ctccgacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta cctctaccga accgtctgag 420

ggcagcgcac caggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca 480

ggttctccta cctccaccga ggaaggtact tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 540

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 600

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 660

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 720

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accgtctgaa 780

ggtagcgcac caggtacttc tgaaagcgca accccggaat ccggcccagg tacctctgaa 840

agcgcaaccc cggagtccgg cccaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 900

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 960

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggagt ctggcccagg tacctctact 1020

gaaccgtctg agggtagcgc tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 1080

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 1140

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 1200

gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 1320

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 1380

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 1440

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 1500

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 1560

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 1620

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 1680

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcacca 1728

<210> 113
<211> 1728
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 113
ggttctacta gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagcgaatcc ccttctggta ccgctccagg ttctactagc 120

tctaccgctg aatctccggg tccaggttct accagctcta ctgcagaatc tcctggccca 180

ggtacttcta ctccggaaag cggttccgct tctccaggtt ctaccagcga atctccttct 240

ggcaccgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ccgctccagg ttctactagc 300

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccttctgg caccgctcca 360

ggtacctctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggtt ctactagcga atctccttct 420

ggcactgcac caggttctac cagcgaatct ccttctggca ccgctccagg tacctctcct 480

agcggcgaat cttctaccgc tccaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 540

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctaccagcga atctccgtct 600

ggcactgcac caggtacctc taccccctgaa agcggttccg cttctccagg ttctactagc 660

gaatctcctt ctggtaccgc tccaggtact tctacccctg aaagcggctc cgcttctcca 720

ggttccacta gctctaccgc tgaatctccg ggtccaggtt ctactagctc tactgcagaa 780

tctcctggcc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg tacttctacc 840

cctgaaagcg gttctgcatc tccaggttct actagcgaat ccccgtctgg taccgcacca 900

ggtacttcta ccccggaaag cggctctgct tctccaggta cttctacccc ggaaagcggc 960

tccgcatctc caggttctac tagcgaatct ccttctggta ccgctccagg ttctaccagc 1020

gaatccccgt ctggtactgc tccaggttct accagcgaat ctccttctgg tactgcacca 1080

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 1140

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctccagg ttctactagc 1200

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 1260

ggtacctcta cccctgaaag cggttccgct tctccaggtt ctactagcga atctccttct 1320

ggcactgcac caggttctac cagcgaatct ccgtctggca ctgcaccagg tacctctacc 1380

cctgaaagcg gttccgcttc tccaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgcacca 1440

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggta cttctccgag cggtgaatct 1500

tctactgctc caggttccac tagctctact gctgaatctc ctggcccagg tacttctact 1560

ccggaaagcg gttccgcttc tccaggttct actagcgaat ctccgtctgg caccgcacca 1620

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 1680

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctcca 1728

<210> 114
<211> 1875
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 114
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg cacca 1875

<210> 115
<211> 2625
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 115
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaagg ttctaccagc 120

tctaccgcag aatctcctgg tccaggtacc tctactccgg aaagcggctc tgcatctcca 180

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggttccg cttctccagg tacctctact 300

ccggaaagcg gttctgcatc tccaggtagc gaaccggcaa cctccggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatcc ggcccaggta gcccggcagg ttctccgact 420

tccactgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc cggagtccgg tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 540

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 600

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tacttctacc 660

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 720

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cctctactga accttccgaa 780

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 840

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 900

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 960

tccaccgagg aaggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttctccagg tactccgggc 1020

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctacccctt ctggtgctac tggctctcca 1080

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 1140

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tagccctgct 1200

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtg caagcgcaag cggcgcgcca 1320

agcacgggag gtacttctga aagcgctact cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc 1380

tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg gctggctctc caacttctac tgaagaaggt 1440

tctaccagct ctaccgctga atctcctggc ccaggttcta ctagcgaatc tccgtctggc 1500

accgcaccag gtacttcccc tagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ccctggcagc 1560

ggtaccgctt cttcctctcc aggtagctct accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt 1620

tctagcccgt ctgcatctac cggtaccggc ccaggtagcg aaccggcaac ctccggctct 1680

gaaactccag gtacttctga aagcgctact ccggaatccg gcccaggtag cgaaccggct 1740

acttccggct ctgaaacccc aggttccacc agctctactg cagaatctcc gggcccaggt 1800

tctactagct ctactgcaga atctccgggt ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgctccag gtagcgaacc ggcaacctct ggctctgaaa ctccaggtag cgaacctgca 1920

acctccggct ctgaaacccc aggtacttct actgaacctt ctgagggcag cgcaccaggt 1980

tctaccagct ctaccgcaga atctcctggt ccaggtacct ctactccgga aagcggctct 2040

gcatctccag gttctactag cgaatctcct tctggcactg caccaggtac ttctaccgaa 2100

ccgtccgaag gcagcgctcc aggtacctct actgaacctt ccgagggcag cgctccaggt 2160

acctctaccg aaccttctga aggtagcgca ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaacc 2220

ggctccccag gttctagccc gtctgcttcc actggtactg gcccaggtgc ttccccgggc 2280

accagctcta ctggttctcc aggtagcgaa cctgctacct ccggttctga aaccccaggt 2340

acctctgaaa gcgcaactcc ggagtctggt ccaggtagcc ctgcaggttc tcctacctcc 2400

actgaggaag gtagctctac tccgtctggt gcaaccggct ccccaggttc tagcccgtct 2460

gcttccactg gtactggccc aggtgcttcc ccgggcacca gctctactgg ttctccaggt 2520

acctctgaaa gcgctactcc ggagtctggc ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt 2580

agcgctccag gtacttctac tgaaccgtcc gaaggtagcg cacca 2625

<210> 116
<211> 2592
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 116
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg tagcccagca 120

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 180

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 240

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg 300

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccggcaggct ctccgacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta cctctaccga accgtctgag 420

ggcagcgcac caggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca 480

ggttctccta cctccaccga ggaaggtact tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 540

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 600

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 660

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 720

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accgtctgaa 780

ggtagcgcac caggtacttc tgaaagcgca accccggaat ccggcccagg tacctctgaa 840

agcgcaaccc cggagtccgg cccaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 900

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 960

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggagt ctggcccagg tacctctact 1020

gaaccgtctg agggtagcgc tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 1080

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 1140

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 1200

gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 1320

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 1380

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 1440

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 1500

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 1560

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 1620

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 1680

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg tacctctgaa 1740

agcgcaactc ctgagtctgg cccaggtagc gaacctgcta cctccggctc tgagactcca 1800

ggtacctctg aaagcgcaac cccggaatct ggtccaggta gcgaacctgc aacctctggc 1860

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact 1920

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 1980

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 2040

tctgaaaccc caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 2100

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 2160

ggtacttcta ccgaaccttc cgagggcagc gcaccaggta cttctgaaag cgctacccct 2220

gagtccggcc caggtacttc tgaaagcgct actcctgaat ccggtccagg tacttctgaa 2280

agcgctaccc cggaatctgg cccaggtagc gaaccggcta cttctggttc tgaaacccca 2340

ggtagcgaac cggctacctc cggttctgaa actccaggta gcccagcagg ctctccgact 2400

tccactgagg aaggtacttc tactgaacct tccgaaggca gcgcaccagg tacctctact 2460

gaaccttctg agggcagcgc tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 2520

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 2580

ggcagcgcac ca 2592

<210> 117
<211> 2625
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
полинуклеотид

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1287)..(1298)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1330)..(1337)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<400> 117

ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 60

tctaccgctc caggttctac tagcgaatct ccttctggca ctgcaccagg ttctactagc 120

gaatccccgt ctggtactgc tccaggtact tctactcctg aaagcggttc cgcttctcca 180

ggtacctcta ctccggaaag cggttctgca tctccaggtt ctaccagcga atctccttct 240

ggcaccgctc caggttctac tagcgaatcc ccgtctggta ccgcaccagg tacttctcct 300

agcggcgaat cttctaccgc accaggttct actagcgaat ctccgtctgg cactgctcca 360

ggtacttctc ctagcggtga atcttctacc gctccaggta cttcccctag cggcgaatct 420

tctaccgctc caggttctac tagctctact gcagaatctc cgggcccagg tacctctcct 480

agcggtgaat cttctaccgc tccaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgctcca 540

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 600

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctccagg ttctactagc 660

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 720

ggtacctcta cccctgaaag cggttccgct tctccaggtt ctaccagctc taccgcagaa 780

tctcctggtc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg ttctactagc 840

gaatctcctt ctggcactgc accaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgcacca 900

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggta cttctccgag cggtgaatct 960

tctactgctc caggtacctc tactcctgaa agcggttctg catctccagg ttccactagc 1020

tctaccgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgctgaatc tcctggccca 1080

ggttctacta gctctactgc tgaatctccg ggtccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 1140

tctcctggtc caggtacctc cccgagcggt gaatcttcta ctgcaccagg ttctactagc 1200

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 1260

ggtacctcta cccctgaaag cggtccnnnn nnnnnnnntg caagcgcaag cggcgcgcca 1320

agcacgggan nnnnnnntag cgaatctcct tctggtaccg ctccaggttc taccagcgaa 1380

tccccgtctg gtactgctcc aggttctacc agcgaatctc cttctggtac tgcaccaggt 1440

tctactagcg aatctccttc tggtaccgct ccaggttcta ccagcgaatc cccgtctggt 1500

actgctccag gttctaccag cgaatctcct tctggtactg caccaggtac ttctactccg 1560

gaaagcggtt ccgcatctcc aggtacttct cctagcggtg aatcttctac tgctccaggt 1620

acctctccta gcggcgaatc ttctactgct ccaggttcta ccagctctac tgctgaatct 1680

ccgggtccag gtacttcccc gagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ttctactccg 1740

gaaagcggtt ccgcttctcc aggttctacc agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt 1800

tctactagcg aatccccgtc tggtaccgca ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgcaccag gttctactag cgaatccccg tctggtaccg caccaggtac ttctaccccg 1920

gaaagcggct ctgcttctcc aggtacttct accccggaaa gcggctccgc atctccaggt 1980

tctactagcg aatctccttc tggtaccgct ccaggtactt ctacccctga aagcggctcc 2040

gcttctccag gttccactag ctctaccgct gaatctccgg gtccaggttc taccagcgaa 2100

tctccttctg gcaccgctcc aggttctact agcgaatccc cgtctggtac cgcaccaggt 2160

acttctccta gcggcgaatc ttctaccgca ccaggttcta ccagctctac tgctgaatct 2220

ccgggtccag gtacttcccc gagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ttctactccg 2280

gaaagcggtt ccgcttctcc aggtacctcc cctagcggcg aatcttctac tgctccaggt 2340

acctctccta gcggcgaatc ttctaccgct ccaggtacct cccctagcgg tgaatcttct 2400

accgcaccag gttctactag ctctactgct gaatctccgg gtccaggttc taccagctct 2460

actgctgaat ctcctggtcc aggtacctcc ccgagcggtg aatcttctac tgcaccaggt 2520

tctagccctt ctgcttccac cggtaccggc ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaact 2580

ggctctccag gtagctctac tccgtctggt gcaaccggct cccca 2625

<210> 118
<211> 2592
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 118
ggtgcttccc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctact 60

ggtactggtc caggttctag cccttctgct tccactggta ctggtccagg taccccgggt 120

agcggtaccg cttcttcttc tccaggtagc tctactccgt ctggtgctac cggctctcca 180

ggttctaacc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtg cttctccggg caccagctct 240

actggttctc caggtacccc gggcagcggt accgcatctt cttctccagg tagctctact 300

ccttctggtg caactggttc tccaggtact cctggcagcg gtaccgcttc ttcttctcca 360

ggtgcttctc ctggtactag ctctactggt tctccaggtg cttctccggg cactagctct 420

actggttctc caggtacccc gggtagcggt actgcttctt cctctccagg tagctctacc 480

ccttctggtg caaccggctc tccaggtgct tctccgggca ccagctctac cggttctcca 540

ggtaccccgg gtagcggtac cgcttcttct tctccaggta gctctactcc gtctggtgct 600

accggctctc caggttctaa cccttctgca tccaccggta ccggcccagg ttctagccct 660

tctgcttcca ccggtactgg cccaggtagc tctacccctt ctggtgctac cggctcccca 720

ggtagctcta ctccttctgg tgcaactggc tctccaggtg catctccggg cactagctct 780

actggttctc caggtgcatc ccctggcact agctctactg gttctccagg tgcttctcct 840

ggtaccagct ctactggttc tccaggtact cctggcagcg gtaccgcttc ttcttctcca 900

ggtgcttctc ctggtactag ctctactggt tctccaggtg cttctccggg cactagctct 960

actggttctc caggtgcttc cccgggcact agctctaccg gttctccagg ttctagccct 1020

tctgcatcta ctggtactgg cccaggtact ccgggcagcg gtactgcttc ttcctctcca 1080

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 1140

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctccagg tagctctact 1200

ccgtctggtg caaccggttc cccaggtagc tctactcctt ctggtgctac tggctcccca 1260

ggtgcatccc ctggcaccag ctctaccggt tctccaggta ccccgggcag cggtaccgca 1320

tcttcctctc caggtagctc taccccgtct ggtgctaccg gttccccagg tagctctacc 1380

ccgtctggtg caaccggctc cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctcccca 1440

ggttctagcc cgtctgcttc cactggtact ggcccaggtg cttccccggg caccagctct 1500

actggttctc caggtgcatc cccgggtacc agctctaccg gttctccagg tactcctggc 1560

agcggtactg catcttcctc tccaggtgct tctccgggca ccagctctac tggttctcca 1620

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 1680

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctccagg taccctggt 1740

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctactccgt ctggtgctac cggttctcca 1800

ggtaccccgg gtagcggtac cgcatcttct tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 1860

actggttctc caggtactcc gggcagcggt actgcttctt cctctccagg tagctctacc 1920

ccttctggtg ctactggctc tccaggtagc tctaccccgt ctggtgctac tggctcccca 1980

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggtccaggtt ctagcccgtc tgcatctact 2040

ggtactggtc caggtgcatc cccgggcact agctctaccg gttctccagg tactcctggt 2100

agcggtactg cttcttcttc tccaggtagc tctactcctt ctggtgctac tggttctcca 2160

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 2220

ggtactggtc caggtgcttc tccgggtact agctctactg gttctccagg tgcatctcct 2280

ggtactagct ctactggttc tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctctcca 2340

ggttctagcc cttctgcatc taccggtact ggtccaggtg catcccctgg taccagctct 2400

accggttctc caggttctag cccttctgct tctaccggta ccggtccagg taccctggc 2460

agcggtaccg catcttcctc tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 2520

ggtagctcta ctccttctgg tgctactggc tccccaggtg catcccctgg caccagctct 2580

accggttctc ca 2592

<210> 119

<211> 2772
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 119
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac ca 2772

<210> 120
<211> 2739
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 120
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc tacccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcacca 2739

<210> 121
<211> 3954
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 121
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaagg ttctaccagc 120

tctaccgcag aatctcctgg tccaggtacc tctactccgg aaagcggctc tgcatctcca 180

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggttccg cttctccagg tacctctact 300

ccggaaagcg gttctgcatc tccaggtagc gaaccggcaa cctccggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatcc ggcccaggta gcccggcagg ttctccgact 420

tccactgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc cggagtccgg tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 540

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 600

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tacttctacc 660

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 720

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cctctactga accttccgaa 780

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 840

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 900

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 960

tccaccgagg aaggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttctccagg tactccgggc 1020

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctacccctt ctggtgctac tggctctcca 1080

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 1140

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tagccctgct 1200

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtc cagaaccaac ggggccggcc 1320

ccaagcggag gtagcgaacc ggcaacctcc ggctctgaaa ccccaggtac ctctgaaagc 1380

gctactcctg aatccggccc aggtagcccg gcaggttctc cgacttccac tgaggaaggt 1440

acttctgaaa gcgctactcc tgagtccggc ccaggtagcc cggctggctc tccgacttcc 1500

accgaggaag gtagcccggc tggctctcca acttctactg aagaaggtac ttctgaaagc 1560

gctactcctg agtccggccc aggtagcccg gctggctctc cgacttccac cgaggaaggt 1620

agcccggctg gctctccaac ttctactgaa gaaggttcta ccagctctac cgctgaatct 1680

cctggcccag gttctactag cgaatctccg tctggcaccg caccaggtac ttcccctagc 1740

ggtgaatctt ctactgcacc aggttctacc agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt 1800

tctactagcg aatccccgtc tggtaccgca ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgcaccag gtacttctac cgaaccttcc gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc 1920

gctacccctg agtccggccc aggtacttct gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt 1980

agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc ccaggtacct ctgaaagcgc tactccggaa 2040

tctggtccag gtacttctga aagcgctact ccggaatccg gtccaggtac ctctactgaa 2100

ccttctgagg gcagcgctcc aggtacttct gaaagcgcta ccccggagtc cggtccaggt 2160

acttctactg aaccgtccga aggtagcgca ccaggtacct cccctagcgg cgaatcttct 2220

actgctccag gtacctctcc tagcggcgaa tcttctaccg ctccaggtac ctcccctagc 2280

ggtgaatctt ctaccgcacc aggtacttct accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt 2340

agcccagcag gttctcctac ctccaccgag gaaggtactt ctaccgaacc gtccgagggt 2400

agcgcaccag gttctagccc ttctgcttcc accggtaccg gcccaggtag ctctactccg 2460

tctggtgcaa ctggctctcc aggtagctct actccgtctg gtgcaaccgg ctccccaggt 2520

agctctaccc cgtctggtgc taccggctct ccaggtagct ctaccccgtc tggtgcaacc 2580

ggctccccag gtgcatcccc gggtactagc tctaccggtt ctccaggtgc aagcgcaagc 2640

ggcgcgccaa gcacgggagg tacttctccg agcggtgaat cttctaccgc accaggttct 2700

actagctcta ccgctgaatc tccgggccca ggtacttctc cgagcggtga atcttctact 2760

gctccaggta cctctgaaag cgctactccg gagtctggcc caggtacctc tactgaaccg 2820

tctgagggta gcgctccagg tacttctact gaaccgtccg aaggtagcgc accaggttct 2880

agcccttctg catctactgg tactggccca ggtagctcta ctccttctgg tgctaccggc 2940

tctccaggtg cttctccggg tactagctct accggttctc caggtacttc tactccggaa 3000

agcggttccg catctccagg tacttctcct agcggtgaat cttctactgc tccaggtacc 3060

tctcctagcg gcgaatcttc tactgctcca ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc 3120

ggtccaggta gcgaaccggc tacttctggc tctgagactc caggtacttc taccgaaccg 3180

tccgaaggta gcgcaccagg ttctaccagc gaatcccctt ctggtactgc tccaggttct 3240

accagcgaat ccccttctgg caccgcacca ggtacttcta cccctgaaag cggctccgct 3300

tctccaggta gcccggcagg ctctccgacc tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgca 3360

accccggagt ccggcccagg tacctctacc gaaccgtctg agggcagcgc accaggtagc 3420

cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc 3480

ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt tctgaaaccc caggtagctc taccccgtct 3540

ggtgctaccg gttccccagg tgcttctcct ggtactagct ctaccggttc tccaggtagc 3600

tctaccccgt ctggtgctac tggctctcca ggttctacta gcgaatcccc gtctggtact 3660

gctccaggta cttcccctag cggtgaatct tctactgctc caggttctac cagctctacc 3720

gcagaatctc cgggtccagg tagctctacc ccttctggtg caaccggctc tccaggtgca 3780

tccccgggta ccagctctac cggttctcca ggtactccgg gtagcggtac cgcttcttcc 3840

tctccaggta gccctgctgg ctctccgact tctactgagg aaggtagccc ggctggttct 3900

ccgacttcta ctgaggaagg tacttctacc gaaccttccg aaggtagcgc tcca 3954

<210> 122
<211> 2592
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 122
ggtacttcca ccgaaccatc cgaaccaggt agcgcaggta cttccaccga accatccgaa 60

cctggcagcg caggtagcga accggcaacc tctggtactg aaccatcagg tagcggcgca 120

tccgagccta cctctactga accaggtagc gaaccggcta cctccggtac tgagccatca 180

ggtagcgaac cggcaacttc cggtactgaa ccatcaggta gcgaaccggc aacttccggc 240

actgaaccat caggtagcgg tgcatctgag ccgacctcta ctgaaccagg tacttctact 300

gaaccatctg agccgggcag cgcaggtagc gaaccagcta cttctggcac tgaaccatca 360

ggtacttcta ctgaaccatc cgaaccaggt agcgcaggta gcgaacctgc tacctctggt 420

actgagccat caggtagcga accggctacc tctggtactg aaccatcagg tacttctacc 480

gaaccatccg agcctggtag cgcaggtact tctaccgaac catccgagcc aggcagcgca 540

ggtagcgaac cggcaacctc tggcactgag ccatcaggta gcgaaccagc aacttctggt 600

actgaaccat caggtactag cgagccatct acttccgaac caggtgcagg tagcggcgca 660

tccgaaccta cttccactga accaggtact agcgagccat ccacctctga accaggtgca 720

ggtagcgaac cggcaacttc cggcactgaa ccatcaggta gcgaaccggc tacctctggt 780

actgaaccat caggtacttc taccgaacca tccgagcctg gtagcgcagg tacttctacc 840

gaaccatccg agccaggcag cgcaggtagc ggtgcatccg agccgacctc tactgaacca 900

ggtagcgaac cagcaacttc tggcactgag ccatcaggta gcgaaccagc tacctctggt 960

actgaaccat caggtagcga accggctact tccggcactg aaccatcagg tagcgaacca 1020

gcaacctccg gtactgaacc atcaggtact tccactgaac catccgaacc gggtagcgca 1080

ggtagcgaac cggcaacttc cggcactgaa ccatcaggta gcggtgcatc tgagccgacc 1140

tctactgaac caggtacttc tactgaacca tctgagccgg gcagcgcagg tagcgaacct 1200

gcaacctccg gcactgagcc atcaggtagc ggcgcatctg aaccaacctc tactgaacca 1260

ggtacttcca ccgaaccatc tgagccaggc agcgcaggta gcggcgcatc tgaaccaacc 1320

tctactgaac caggtagcga accagcaact tctggtactg aaccatcagg tagcggcgca 1380

tctgagccta cttccactga accaggtagc gaaccggcaa cttccggcac tgaaccatca 1440

ggtagcggtg catctgagcc gacctctact gaaccaggta cttctactga accatctgag 1500

ccgggcagcg caggtagcga accggcaact tccggcactg aaccatcagg tagcggtgca 1560

tctgagccga cctctactga accaggtact tctactgaac catctgagcc gggcagcgca 1620

ggtagcgaac cagctacttc tggcactgaa ccatcaggta cttctactga accatccgaa 1680

ccaggtagcg caggtagcga acctgctacc tctggtactg agccatcagg tacttctact 1740

gaaccatccg agccgggtag cgcaggtact tccactgaac catctgaacc tggtagcgca 1800

ggtacttcca ctgaaccatc cgaaccaggt agcgcaggta cttctactga accatccgag 1860

ccgggtagcg caggtacttc cactgaacca tctgaacctg gtagcgcagg tacttccact 1920

gaaccatccg aaccaggtag cgcaggtact agcgaaccat ccacctccga accaggcgca 1980

ggtagcggtg catctgaacc gacttctact gaaccaggta cttccactga accatctgag 2040

ccaggtagcg caggtacttc caccgaacca tccgaaccag gtagcgcagg tacttccacc 2100

gaaccatccg aacctggcag cgcaggtagc gaaccggcaa cctctggtac tgaaccatca 2160

ggtagcggtg catccgagcc gacctctact gaaccaggta gcgaaccagc aacttctggc 2220

actgagccat caggtagcga accagctacc tctggtactg aaccatcagg tagcgaaccg 2280

gcaacctctg gcactgagcc atcaggtagc gaaccagcaa cttctggtac tgaaccatca 2340

ggtactagcg agccatctac ttccgaacca ggtgcaggta gcgaacctgc aacctccggc 2400

actgagccat caggtagcgg cgcatctgaa ccaacctcta ctgaaccagg tacttccacc 2460

gaaccatctg agccaggcag cgcaggtagc gaacctgcaa cctccggcac tgagccatca 2520

ggtagcggcg catctgaacc aacctctact gaaccaggta cttccaccga accatctgag 2580

ccaggcagcg ca 2592

<210> 123
<211> 2592
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 123
ggtagcgaaa ctgctacttc cggctctgag actgcaggta ctagtgaatc cgcaactagc 60

gaatctggcg caggtagcac tgcaggctct gagacttcca ctgaagcagg tactagcgag 120

tccgcaacca gcgaatccgg cgcaggtagc gaaactgcta cctctggctc cgagactgca 180

ggtagcgaaa ctgcaacctc tggctctgaa actgcaggta cttccactga agcaagtgaa 240

ggctccgcat caggtacttc caccgaagca agcgaaggct ccgcatcagg tactagtgag 300

tccgcaacta gcgaatccgg tgcaggtagc gaaaccgcta cctctggttc cgaaactgca 360

ggtacttcta ccgaggctag cgaaggttct gcatcaggta gcactgctgg ttccgagact 420

tctactgaag caggtactag cgaatctgct actagcgaat ccggcgcagg tactagcgaa 480

tccgctacca gcgaatccgg cgcaggtagc gaaactgcaa cctctggttc cgagactgca 540

ggtactagcg agtccgctac tagcgaatct ggcgcaggta cttccactga agctagtgaa 600

ggttctgcat caggtagcga aactgctact tctggttccg aaactgcagg tagcgaaacc 660

gctacctctg gttccgaaac tgcaggtact tctaccgagg ctagcgaagg ttctgcatca 720

ggtagcactg ctggttccga gacttctact gaagcaggta ctagcgagtc cgctactagc 780

gaatctggcg caggtacttc cactgaagct agtgaaggtt ctgcatcagg tagcgaaact 840

gctacttctg gttccgaaac tgcaggtagc actgctggct ccgagacttc taccgaagca 900

ggtagcactg caggttccga aacttccact gaagcaggta gcgaaactgc tacctctggc 960

tctgagactg caggtactag cgaatctgct actagcgaat ccggcgcagg tactagcgaa 1020

tccgctacca gcgaatccgg cgcaggtagc gaaactgcaa cctctggttc cgagactgca 1080

ggtactagcg aatctgctac tagcgaatcc ggcgcaggta ctagcgaatc cgctaccagc 1140

gaatccggcg caggtagcga aactgcaacc tctggttccg agactgcagg tagcgaaacc 1200

gctacctctg gttccgaaac tgcaggtact tctaccgagg ctagcgaagg ttctgcatca 1260

ggtagcactg ctggttccga gacttctact gaagcaggta gcgaaactgc tacttccggc 1320

tctgagactg caggtactag tgaatccgca actagcgaat ctggcgcagg tagcactgca 1380

ggctctgaga cttccactga agcaggtagc actgctggtt ccgaaacctc taccgaagca 1440

ggtagcactg caggttctga aacctccact gaagcaggta cttccactga ggctagtgaa 1500

ggctctgcat caggtagcac tgctggttcc gaaacctcta ccgaagcagg tagcactgca 1560

ggttctgaaa cctccactga agcaggtact tccactgagg ctagtgaagg ctctgcatca 1620

ggtagcactg caggttctga gacttccacc gaagcaggta gcgaaactgc tacttctggt 1680

tccgaaactg caggtacttc cactgaagct agtgaaggtt ccgcatcagg tactagtgag 1740

tccgcaacca gcgaatccgg cgcaggtagc gaaaccgcaa cctccggttc tgaaactgca 1800

ggtactagcg aatccgcaac cagcgaatct ggcgcaggta ctagtgagtc cgcaaccagc 1860

gaatccggcg caggtagcga aaccgcaacc tccggttctg aaactgcagg tactagcgaa 1920

tccgcaacca gcgaatctgg cgcaggtagc gaaactgcta cttccggctc tgagactgca 1980

ggtacttcca ccgaagcaag cgaaggttcc gcatcaggta cttccaccga ggctagtgaa 2040

ggctctgcat caggtagcac tgctggctcc gagacttcta ccgaagcagg tagcactgca 2100

ggttccgaaa cttccactga agcaggtagc gaaactgcta cctctggctc tgagactgca 2160

ggtactagcg aatctgctac tagcgaatcc ggcgcaggta ctagcgaatc cgctaccagc 2220

gaatccggcg caggtagcga aactgcaacc tctggttccg agactgcagg tagcgaaact 2280

gctacttccg gctccgagac tgcaggtagc gaaactgcta cttctggctc cgaaactgca 2340

ggtacttcta ctgaggctag tgaaggttcc gcatcaggta ctagcgagtc cgcaaccagc 2400

gaatccggcg caggtagcga aactgctacc tctggctccg agactgcagg tagcgaaact 2460

gcaacctctg gctctgaaac tgcaggtact agcgaatctg ctactagcga atccggcgca 2520

ggtactagcg aatccgctac cagcgaatcc ggcgcaggta gcgaaactgc aacctctggt 2580

tccgagactg ca 2592

<210> 124
<211> 37
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 124
aggtgcaagc gcaagcggcg cgccaagcac gggaggt 37

<210> 125
<211> 37
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 125
aggtccagaa ccaacggggc cggccccaag cggaggt 37

<210> 126
<211> 6
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 126
His His His His His His
1 5

<210> 127
<211> 4
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 127
Asp Asp Asp Lys
1

<210> 128
<211> 4
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 128
Ile Asp Gly Arg
1

<210> 129
<211> 6
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 129
Leu Val Pro Arg Gly Ser
1 5

<210> 130
<211> 8
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 130
Leu Glu Val Leu Phe Gln Gly Pro
1 5

<210> 131
<211> 7
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 131
Glu Gln Leu Tyr Phe Gln Gly
1 5

<210> 132
<211> 7
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 132
Glu Thr Leu Phe Gln Gly Pro
1 5

<210> 133
<211> 5
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 133
Leu Pro Glu Thr Gly
1 5

<210> 134
<211> 147
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полинуклеотид

<400> 134
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctcca 147

<210> 135
<211> 147
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 135
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctcca 147

<210> 136
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 136
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
1 5 10

<210> 137
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 137
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
1 5 10

<210> 138
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 138
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
1 5 10

<210> 139
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 139
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
1 5 10

<210> 140
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 140
aggtgaatct ccdggtggyt cyagcggttc ygartc 36

<210> 141
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 141
acctgaytcr gaaccgctrg arccacchgg agattc 36

<210> 142
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 142
aggtagcgaa ggttcttcyg gtccdggyga rtcytc 36

<210> 143
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 143
acctgargay tcrcchggac crgaagaacc ttcgct 36

<210> 144
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 144
aggttcytcy gaaagcggtt cttcygargg yggtcc 36

<210> 145
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 145
acctggaccr ccytcrgaag aaccgctttc rgarga 36

<210> 146
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 146
aggttcyggt ggygaaccdt cygartctgg tagctc 36

<210> 147
<211> 24
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 147
aggttcgtct tcactcgagg gtac 24

<210> 148
<211> 16

<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 148
cctcgagtga agacga 16

<210> 149
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 149
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 150
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 150
ggttctggtg gcgaaccgtc cgagtctggt agctcaggtg aatctccggg tggctctagc 60

ggttccgagt caggtgaatc tcctggtggt tccagcggtt ccgagtca 108

<210> 151
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 151
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro
35

<210> 152
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 152
ggtagcgaag gttcttctgg tcctggcgag tcttcaggtg aatctcctgg tggttccagc 60

ggttctgaat caggttcctc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtcca 108

<210> 153
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 153
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 154
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 154
ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggt ggtccaggtt cctctgaaag cggttcttct 60

gagggtggtc caggtgaatc tccgggtggc tccagcggtt ccgagtca 108

<210> 155
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 155
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 156
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 156
ggttccggtg gcgaaccgtc tgaatctggt agctcaggtt cttctgaaag cggttcttcc 60

gagggtggtc caggttctgg tggtgaacct tccgagtctg gtagctca 108

<210> 157
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 157
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 158
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 158
ggttcttccg aaagcggttc ttctgagggt ggtccaggta gcgaaggttc ttccggtcca 60

ggtgagtctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcttca 108

<210> 159
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 159
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 160
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 160
ggttcctctg aaagcggttc ttccgagggt ggtccaggtg aatctccagg tggttccagc 60

ggttctgagt caggtagcga aggttcttct ggtccaggtg aatcctca 108

<210> 161
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 161
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser

35

<210> 162
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 162
ggttctggtg gtgaaccgtc tgagtctggt agctcaggtt ccggtggcga accatccgaa 60

tctggtagct caggtagcga aggttcttcc ggtccaggtg agtcttca 108

<210> 163
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 163
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 164
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 164
ggttcttccg aaagcggttc ttccgaaggc ggtccaggta gcgaaggttc ttctggtcca 60

ggcgaatctt caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ctgagtca 108

<210> 165
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 165
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro
35

<210> 166
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 166
ggttcctccg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cctccgaaag cggttcttcc 60

gagggcggtc caggttcttc tgaaagcggt tcttccgagg gcggtcca 108

<210> 167
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 167
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro
35

<210> 168
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 168
ggttccggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttctggtcca 60

ggcgaatctt caggttcctc tgaaagcggt tcttctgagg gcggtcca 108

<210> 169
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 169
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 170
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 170
ggttctggtg gtgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttct 60

gaaggtggtc caggttccgg tggcgaacct tctgaatctg gtagctca 108

<210> 171
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 171
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 172

<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 172
ggttctggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtt cctccgaaag cggttcttct 60

gaaggtggtc caggtgaatc tccaggtggt tctagcggtt ctgaatca 108

<210> 173
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 173
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 174
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 174
ggttctggtg gcgaaccgtc tgagtctggt agctcaggtg aatctcctgg tggctccagc 60

ggttctgaat caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcttca 108

<210> 175
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 175
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 176
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 176
ggttccggtg gcgaaccttc cgaatctggt agctcaggtg aatctccggg tggttctagc 60

ggttctgagt caggttctgg tggtgaacct tccgagtctg gtagctca 108

<210> 177
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 177
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro
35

<210> 178
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 178
ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttcc 60

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttctgaag gcggtcca 108

<210> 179

<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 179
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 180
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 180
ggtgaatctc cgggtggctc cagcggttct gagtcaggta gcgaaggttc ttccggtccg 60

ggtgagtcct caggtagcga aggttcttcc ggtcctggtg agtcttca 108

<210> 181
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 181
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro
35

<210> 182
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 182
ggttctggtg gcgaaccttc cgaatctggt agctcaggtt ccggtggtga accttctgaa 60

tctggtagct caggttcttc tgaaagcggt tcttccgagg gcggtcca 108

<210> 183
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 183
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 184
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 184
ggttccggtg gtgaaccttc tgaatctggt agctcaggtt ccggtggcga accatccgag 60

tctggtagct caggttccgg tggtgaacca tccgagtctg gtagctca 108

<210> 185
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 185
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 186
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 186
ggttccggtg gcgaaccttc tgaatctggt agctcaggtt cctccgaaag cggttcttct 60

gagggcggtc caggtagcga aggttcttct ggtccgggcg agtcttca 108

<210> 187
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 187
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 188
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 188
ggttccggtg gtgaaccgtc cgagtctggt agctcaggta gcgaaggttc ttctggtccg 60

ggtgagtctt caggttctgg tggcgaaccg tccgaatctg gtagctca 108

<210> 189
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 189
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 190
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 190
ggttctggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtg aatctcctgg tggttccagc 60

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctca 108

<210> 191
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 191
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro
35

<210> 192
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 192
ggttcttccg aaagcggttc ttccgagggc ggtccaggtt ccggtggtga accatctgaa 60

tctggtagct caggttcttc tgaaagcggt tcttctgaag gtggtcca 108

<210> 193
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 193
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 194
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 194
ggtagcgaag gttcttccgg tcctggtgag tcttcaggtg aatctccagg tggctctagc 60

ggttccgagt caggtagcga aggttcttct ggtcctggcg agtcctca 108

<210> 195
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 195
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro
35

<210> 196
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 196
ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttct 60

gagggcggtc caggttcctc cgaaagcggt tcttctgagg gtggtcca 108

<210> 197
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 197
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 198
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 198
ggttctggtg gcgaaccttc cgagtctggt agctcaggtg aatctccggg tggttctagc 60

ggttccgagt caggtgaatc tccgggtggt tccagcggtt ctgagtca 108

<210> 199
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 199
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 200
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 200
ggttctggtg gcgaaccatc tgagtctggt agctcaggta gcgaaggttc ttccggtcca 60

ggcgagtctt caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ctgagtca 108

<210> 201
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 201
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 202
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 202
ggtgaatctc ctggtggttc cagcggttcc gagtcaggtg aatctccagg tggctctagc 60

ggttccgagt caggtgaatc tcctggtggt tctagcggtt ctgaatca 108

<210> 203
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 203
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 204
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 204
ggtagcgaag gttcttccgg tccaggtgaa tcttcaggta gcgaaggttc ttctggtcct 60

ggtgaatcct caggttccgg tggcgaacca tctgaatctg gtagctca 108

<210> 205
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 205
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 206
<211> 108

<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 206
ggttctggtg gcgaaccatc cgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttctggtcct 60

ggcgaatctt caggtgaatc tccaggtggc tctagcggtt ccgaatca 108

<210> 207
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 207
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 208
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 208
ggttccggtg gtgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtt cctctgaaag cggttcttcc 60

gagggtggtc caggttccgg tggtgaacct tctgagtctg gtagctca 108

<210> 209
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 209
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 210
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 210
ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt ctggtggcga accatctgaa 60

tctggtagct caggtagcga aggttcttcc ggtccgggtg aatcttca 108

<210> 211
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 211
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 212
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 212
ggttctggtg gtgaaccgtc cgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttctggtcct 60

ggcgagtctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcttca 108

<210> 213
<211> 36

<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 213
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 214
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 214
ggttctggtg gcgaaccatc cgagtctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttcc 60

gaaggcggtc caggttctgg tggtgaaccg tccgaatctg gtagctca 108

<210> 215
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 215
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 216
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 216
ggttccggtg gcgaaccttc cgaatctggt agctcaggtg aatctccggg tggttctagc 60

ggttccgaat caggtgaatc tccaggtggt tctagcggtt ccgaatca 108

<210> 217
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 217
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 218
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 218
ggttccggtg gtgaaccatc tgagtctggt agctcaggtt ccggtggcga accgtccgag 60

tctggtagct caggtgaatc tccgggtggt tccagcggtt ccgaatca 108

<210> 219
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 219
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 220
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 220
ggtagcgaag gttcttctgg tccgggcgaa tcctcaggtt cctccgaaag cggttcttcc 60

gaaggtggtc caggtagcga aggttcttcc ggtcctggtg aatcttca 108

<210> 221
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 221
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 222
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 222
ggttcctctg aaagcggttc ttctgaaggc ggtccaggtg aatctccggg tggctccagc 60

ggttctgaat caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ccgagtca 108

<210> 223
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 223
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 224
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 224
ggtagcgaag gttcttctgg tccaggcgag tcttcaggta gcgaaggttc ttccggtcct 60

ggcgagtctt caggttccgg tggcgaaccg tccgaatctg gtagctca 108

<210> 225
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 225
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1 5 10

<210> 226
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 226
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1 5 10

<210> 227
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 227
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1 5 10

<210> 228
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 228
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1 5 10

<210> 229
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 229
aggtagcccd gcwggytctc cdacytcyac ygarga 36

<210> 230
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 230
accttcytcr gtrgargthg gagarccwgc hgggct 36

<210> 231
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 231
aggtagcgaa cckgcwacyt cyggytctga racycc 36

<210> 232
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 232
acctggrgty tcagarccrg argtwgcmgg ttcgct 36

<210> 233
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 233
aggtacytct gaaagcgcwa cycckgartc yggycc 36

<210> 234
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 234
acctggrccr gaytcmggrg twgcgctttc agargt 36

<210> 235
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 235
aggtacytct acygaacckt cygarggyag cgcwcc 36

<210> 236
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 236
acctggwgcg ctrccytcrg amggttcrgt agargt 36

<210> 237
<211> 24
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 237
aggttcgtct tcactcgagg gtac 24

<210> 238
<211> 16
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 238
cctcgagtga agacga 16

<210> 239
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 239
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 240
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 240
ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 60

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcacca 108

<210> 241
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 241
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 242
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 242
ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 60

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcacca 108

<210> 243
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 243
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 244
<211> 108

<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 244
ggtacctcta ccgaaccgtc tgaaggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 60

gagtccggtc caggtacttc tgaaagcgca accccggagt ctggccca 108

<210> 245
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 245
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 246
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 246
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggtagc gcaccaggta cttctgaaag cgcaaccccg 60

gaatccggcc caggtacctc tgaaagcgca accccggagt ccggccca 108

<210> 247
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 247
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu
35

<210> 248
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 248
ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactcct 60

gaatccggcc caggtagccc ggcaggttct ccgacttcca ctgaggaa 108

<210> 249
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 249
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 250
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 250
ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggta gcgaaccggc tacttctggc 60

tctgagactc caggtacttc taccgaaccg tccgaaggta gcgcacca 108

<210> 251
<211> 36

<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 251
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 252
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 252
ggtagcccgg ctggctctcc aacctccact gaggaaggta gcccggctgg ctctccaacc 60

tccactgaag aaggtagcga accggctacc tccggctctg aaactcca 108

<210> 253
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 253
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 254
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 254
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctcca 108

<210> 255
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 255
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 256
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 256
ggtagccctg ctggctctcc gacttctact gaggaaggta gcccggctgg ttctccgact 60

tctactgagg aaggtacttc taccgaacct tccgaaggta gcgctcca 108

<210> 257
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 257
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 258
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 258
ggtacttctg aaagcgctac tccggagtcc ggtccaggta cctctaccga accgtccgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tctgagggta gcgctcca 108

<210> 259
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 259
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 260
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 260
ggtacctcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcccggcagg ttctcctact 60

tccactgagg aaggtacttc taccgaacct tctgagggta gcgcacca 108

<210> 261
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 261
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 262
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 262
ggtagcgaac cggctacttc cggctctgag actccaggta gccctgctgg ctctccgacc 60

tctaccgaag aaggtacctc tgaaagcgct acccctgagt ctggccca 108

<210> 263
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 263
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 264
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 264

ggtacttcta ccgaaccttc cgagggcagc gcaccaggta cttctgaaag cgctacccct 60

gagtccggcc caggtacttc tgaaagcgct actcctgaat ccggtcca 108

<210> 265
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 265
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu
35

<210> 266
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 266
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaa 108

<210> 267
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 267
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 268
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 268
ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct 60

gaatccggcc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaacccca 108

<210> 269
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 269
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu
35

<210> 270
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 270
ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtcc ggcccaggta gcccggctgg ctctccgact 60

tccaccgagg aaggtagccc ggctggctct ccaacttcta ctgaagaa 108

<210> 271
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 271

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 272
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 272
ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 60

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcacca 108

<210> 273
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 273
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 274
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 274
ggtagcccgg caggctctcc gacttccacc gaggaaggta cctctactga accttctgag 60

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tctggctctg aaacccca 108

<210> 275
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 275
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 276
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 276
ggtagcccag caggctctcc gacttccact gaggaaggta cttctactga accttccgaa 60

ggcagcgcac caggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctcca 108

<210> 277
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 277
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu
35

<210> 278
<211> 108
<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 278
ggtagcgaac ctgctacctc cggttctgaa accccaggta cctctgaaag cgcaactccg 60

gagtctggtc caggtagccc tgcaggttct cctacctcca ctgaggaa 108

<210> 279
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 279
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 280
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 280
ggtacctctg aaagcgctac tccggagtct ggcccaggta cctctactga accgtctgag 60

ggtagcgctc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcacca 108

<210> 281
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 281
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 282
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 282
ggtagcccgg ctggttctcc gacttccacc gaggaaggta cctctactga accttctgag 60

ggtagcgctc caggtacctc tactgaacct tccgaaggca gcgctcca 108

<210> 283
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 283
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 284
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 284
ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggcagc gctccaggta cttctactga accttctgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tccgaaggta gcgcacca 108

<210> 285
<211> 36
<212> ПРТ

<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 285
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 286
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 286
ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactcct 60

gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg tccgagggca gcgcacca 108

<210> 287
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 287
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 288
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полинуклеотид

<400> 288
ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 60

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcacca 108

<210> 289
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 289
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 290
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 290
ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 60

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaacccca 108

<210> 291
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 291
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 292
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 292
ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa accccaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tctggctctg aaacccca 108

<210> 293
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 293
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 294
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 294
ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa actccaggta gcgaacctgc aacctccggc 60

tctgaaaccc caggtacttc tactgaacct tctgagggca gcgcacca 108

<210> 295
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полипептид

<400> 295
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 296
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 296
ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt 60

tctgaaaccc caggtagcga accggctacc tccggttctg aaactcca 108

<210> 297
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 297
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 298
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 298
ggtacctcta ctgaaccttc cgaaggcagc gctccaggta cctctaccga accgtccgag 60

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgca acccctgaat ccggtcca 108

<210> 299
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 299
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 300
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 300
ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactccg 60

gaatctggtc caggtacttc tgaaagcgct actccggaat ccggtcca 108

<210> 301
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 301
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 302
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 302
ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa actccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaactc caggtacctc taccgaacct tccgaaggca gcgcacca 108

<210> 303
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 303
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 304
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 304
ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa actccaggta cttctaccga accgtccgag 60

ggtagcgctc caggtagcga acctgctact tctggttctg aaactcca 108

<210> 305
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 305
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 306
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 306
ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 60

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactcca 108

<210> 307
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 307
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu
35

<210> 308
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 308
ggtacttcta ctgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcgaacctgc tacttctggt 60

tctgaaaccc caggtagccc ggctggctct ccgacctcca ccgaggaa 108

<210> 309
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 309
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 310
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 310
ggtagcgaac cggctacttc cggctctgag actccaggta gcccagctgg ttctccaacc 60

tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgct acccctgaat ctggtcca 108

<210> 311
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 311
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 312
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 312
ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc 60

tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca accccggaat ctggtcca 108

<210> 313
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 313
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
1 5 10

<210> 314
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 314
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
1 5 10

<210> 315
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 315
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
1 5 10

<210> 316
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 316

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
1 5 10

<210> 317
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 317
aggttctacy agcgaatcyc cktctggyac ygcwcc 36

<210> 318
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 318
acctggwgcr gtrccagamg grgattcgct rgtaga 36

<210> 319
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 319
aggtacytct acycckgaaa gcggytcygc wtctcc 36

<210> 320
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 320
acctggagaw gcrgarccgc tttcmggrgt agargt 36

<210> 321
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

олигонуклеотид

<400> 321
aggtacytcy cckagcggyg aatcttctac ygcwcc 36

<210> 322
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 322
acctggwgcr gtagaagatt crccgctmgg rgargt 36

<210> 323
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 323
aggttcyacy agctctacyg cwgaatctcc kggycc 36

<210> 324
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 324
acctggrccm ggagattcwg crgtagagct rgtrga 36

<210> 325
<211> 24
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 325
aggttcgtct tcactcgagg gtac 24

<210> 326
<211> 16
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 326
cctcgagtga agacga 16

<210> 327
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 327
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 328
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 328
ggtacttcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ctgctcca 108

<210> 329
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 329
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 330
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 330
ggtacttctc cgagcggtga atcttctacc gcaccaggtt ctactagctc taccgctgaa 60

tctccgggcc caggtacttc tccgagcggt gaatcttcta ctgctcca 108

<210> 331
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 331
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 332
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 332
ggttccacca gctctactgc tgaatctcct ggtccaggta cctctcctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggctctg cttctcca 108

<210> 333
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полипептид

<400> 333
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 334
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 334
ggttctacca gctctactgc agaatctcct ggcccaggtt ccaccagctc taccgcagaa 60

tctccgggtc caggtacttc ccctagcggt gaatcttcta ccgcacca 108

<210> 335
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 335
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 336
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 336
ggttctacta gctctactgc tgaatctcct ggcccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctaccgctc caggtacctc tactccggaa agcggttctg catctcca 108

<210> 337
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 337
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 338
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 338
ggttctacca gctctaccgc agaatctcct ggtccaggta cctctactcc ggaaagcggc 60

tctgcatctc caggttctac tagcgaatct ccttctggca ctgcacca 108

<210> 339
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 339
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 340
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 340
ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 60

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctcca 108

<210> 341
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 341
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 342
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 342
ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 60

tctaccgctc caggttctac tagcgaatct ccttctggca ctgcacca 108

<210> 343
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 343
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 344
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 344
ggttccacca gctctactgc agaatctccg ggcccaggtt ctactagctc tactgcagaa 60

tctccgggtc caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgctcca 108

<210> 345
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 345
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 346
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 346
ggttccacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctacccc tgaaagcggc 60

tctgcatctc caggttctac cagcgaatcc ccgtctggca ccgcacca 108

<210> 347
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 347
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 348
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 348
ggttctacta gctctactgc tgaatctccg ggtccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 60

tctcctggtc caggtacctc cccgagcggt gaatcttcta ctgcacca 108

<210> 349
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 349
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 350
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 350
ggttctacca gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ctaccagcga atccccgtct 60

ggcaccgcac caggttctac tagctctacc gctgaatctc cgggtcca 108

<210> 351
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 351
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 352
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 352
ggttctacca gctctaccgc agaatctcct ggcccaggtt ccactagctc taccgctgaa 60

tctcctggtc caggttctac tagctctacc gctgaatctc ctggtcca 108

<210> 353
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 353
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 354
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 354
ggttctacta gcgaatcccc ttctggtact gctccaggtt ccactagctc taccgctgaa 60

tctcctggcc caggttccac tagctctact gcagaatctc ctggtcca 108

<210> 355
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 355
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 356
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 356
ggttctacta gcgaatctcc ttctggtacc gctccaggtt ctaccagcga atccccgtct 60

ggtactgctc caggttctac agcgaatct ccttctggta ctgcacca 108

<210> 357
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 357
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 358
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 358
ggttccacca gctctactgc tgaatctcct ggcccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 60

tctccgggcc caggttccac cagctctacc gctgaatctc cgggtcca 108

<210> 359
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 359
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 360
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 360
ggttccacta gctctaccgc agaatctcct ggtccaggtt ctactagctc tactgctgaa 60

tctccgggtc caggtacctc ccctagcggc gaatcttcta ccgctcca 108

<210> 361
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 361
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 362
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 362
ggttctagcc cttctgcttc caccggtacc ggcccaggta gctctactcc gtctggtgca 60

actggctctc caggtagctc tactccgtct ggtgcaaccg gctcccca 108

<210> 363
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 363
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro

35

<210> 364
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 364
ggtacttccc ctagcggtga atcttctact gctccaggta cctctactcc ggaaagcggc 60

tccgcatctc caggttctac tagctctact gctgaatctc ctggtcca 108

<210> 365
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 365
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 366
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 366
ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggtccaggtt ctaccagctc tactgcagaa 60

tctcctggcc caggtacttc tactccggaa agcggttccg cttctcca 108

<210> 367
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 367
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 368
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 368
ggtacttctc ctagcggtga atcttctacc gctccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 60

tctcctggcc caggtacttc taccccggaa agcggctccg cttctcca 108

<210> 369
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 369
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 370
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 370
ggttctacta gcgaatcccc ttctggtact gcaccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 60

tctccgggcc caggttccac cagctctacc gcagaatctc ctggtcca 108

<210> 371
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 371
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 372
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 372
ggttccacca gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggtt ctaccagcga atccccttct 60

ggcactgcac caggttctac tagctctacc gcagaatctc cgggccca 108

<210> 373
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 373
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 374

<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 374
ggttctacca gctctactgc tgaatctccg ggtccaggta cttccccgag cggtgaatct 60

tctactgcac caggtacttc tactccggaa agcggttccg cttctcca 108

<210> 375
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 375
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 376
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 376
ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggtt ctactagcga atccccgtct 60

ggtaccgcac caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgcacca 108

<210> 377
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 377
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 378
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 378
ggttctacca gcgaatcccc ttctggtact gctccaggtt ctaccagcga atccccttct 60

ggcaccgcac caggtacttc tacccctgaa agcggctccg cttctcca 108

<210> 379
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 379
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 380
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 380
ggtacctcta ctcctgaaag cggttctgca tctccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagctctact gctgaatctc ctggccca 108

<210> 381

<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 381
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 382
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 382
ggttctacca gcgaatcccc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccttct 60

ggtaccgcac caggtacttc tccgagcggc gaatcttcta ctgctcca 108

<210> 383
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 383
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 384
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 384
ggttctacta gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagcgaatcc ccttctggta ccgctcca 108

<210> 385
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 385
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 386
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 386
ggttccacca gctctactgc agaatctcct ggcccaggtt ctactagctc taccgcagaa 60

tctcctggtc caggtacctc tactcctgaa agcggttccg catctcca 108

<210> 387
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 387
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 388
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 388
ggttctacta gctctactgc tgaatctccg ggcccaggtt ctactagctc taccgctgaa 60

tctccgggtc caggttctac tagcgaatct ccttctggta ccgctcca 108

<210> 389
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 389
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 390
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 390
ggtacctccc cgagcggtga atcttctact gcaccaggtt ctactagcga atccccttct 60

ggtactgctc caggttccac agctctact gcagaatctc cgggtcca 108

<210> 391
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 391
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 392
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 392
ggttctacta gcgaatcccc gtctggtact gctccaggta cttcccctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggttctac agctctacc gcagaatctc cgggtcca 108

<210> 393
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 393
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 394
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 394
ggttctacca gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ctactagcga atctccgtct 60

ggcaccgcac caggtacttc ccctagcggt gaatcttcta ctgcacca 108

<210> 395
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 395
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 396
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 396
ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctaccagcga atctccgtct 60

ggcactgcac caggtacctc tacccctgaa agcggttccg cttctcca 108

<210> 397
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 397
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 398
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 398
ggtacctcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggtt ctaccagcga atccccgtct 60

ggcaccgcac caggttctac tagctctact gctgaatctc cgggccca 108

<210> 399
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 399
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 400
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 400
ggttctacta gctctactgc agaatctccg ggcccaggta cctctcctag cggtgaatct 60

tctaccgctc caggtacttc tccgagcggt gaatcttcta ccgctcca 108

<210> 401
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 401
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 402
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 402
ggtacctccc ctagcggcga atcttctact gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 60

tctaccgctc caggtacctc ccctagcggt gaatcttcta ccgcacca 108

<210> 403
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 403
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 404
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 404
ggttccacta gctctactgc tgaatctcct ggcccaggta cttctactcc ggaaagcggt 60

tccgcttctc caggttctac tagcgaatct ccgtctggca ccgcacca 108

<210> 405
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 405
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 406
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 406
ggttctacta gcgaatctcc gtctggcact gctccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctaccgctc caggtacttc ccctagcggc gaatcttcta ccgctcca 108

<210> 407
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 407
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 408
<211> 108

<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 408
ggttctacta gcgaatctcc ttctggtacc gctccaggta cttctacccc tgaaagcggc 60

tccgcttctc caggttccac tagctctacc gctgaatctc cgggtcca 108

<210> 409
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 409
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 410
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 410
ggttccacta gctctactgc tgaatctcct ggcccaggtt ctaccagctc taccgctgaa 60

tctcctggcc caggttctac cagcgaatct ccgtctggca ccgcacca 108

<210> 411
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 411
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 412
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 412
ggttctacta gcgaatcccc gtctggtacc gcaccaggta cttctacccc ggaaagcggc 60

tctgcttctc caggtacttc taccccggaa agcggctccg catctcca 108

<210> 413
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 413
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 414
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 414
ggttctacta gcgaatcccc gtctggtact gctccaggta cttctactcc tgaaagcggt 60

tccgcttctc caggtacctc tactccggaa agcggttctg catctcca 108

<210> 415
<211> 12

<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 415
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
1 5 10

<210> 416
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 416
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1 5 10

<210> 417
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 417
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
1 5 10

<210> 418
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 418
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1 5 10

<210> 419
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 419
aggtacycck ggyagcggta cygcwtcttc ytctcc 36

<210> 420
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 420
acctggagar gaagawgcrg taccgctrcc mggrgt 36

<210> 421
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 421
aggtagctct acyccktctg gtgcwacygg ytcycc 36

<210> 422
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 422
acctggrgar ccrgtwgcac cagamggrgt agagct 36

<210> 423
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 423
aggttctagc ccktctgcwt cyacyggtac yggycc 36

<210> 424
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

олигонуклеотид

<400> 424
acctggrccr gtaccrgtrg awgcagamgg gctaga 36

<210> 425
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 425
aggtgcwtcy cckggyacya gctctacygg ttctcc 36

<210> 426
<211> 36
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 426
acctggagaa ccrgtagagc trgtrccmgg rgawgc 36

<210> 427
<211> 24
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 427
aggttcgtct tcactcgagg gtac 24

<210> 428
<211> 16
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 428
cctcgagtga agacga 16

<210> 429
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 429
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 430
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 430
ggtgcatccc cgggcactag ctctaccggt tctccaggta ctcctggtag cggtactgct 60

tcttcttctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gttctcca 108

<210> 431
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 431
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 432
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 432
ggtagctcta ccccttctgg tgctaccggc tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tacccccttct ggtgctactg gttctcca 108

<210> 433
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 433
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 434
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 434
ggtgcatctc cgggtactag ctctaccggt tctccaggtt ctagcccttc tgcttccact 60

ggtaccggcc caggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttcccca 108

<210> 435
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 435
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 436
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 436
ggtactccgg gcagcggtac tgcttcttcc tctccaggta gctctacccc ttctggtgca 60

actggttccc caggtgcatc ccctggtact agctctaccg gttctcca 108

<210> 437
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 437
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Arg Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 438
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 438
ggtacccctg gcagcggtac tgcttcttct tctccaggtg cttcccctgg taccagctct 60

accggttctc caggttctag accttctgca tccaccggta ctggtcca 108

<210> 439
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 439
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 440
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 440
ggtgcatctc ctggtaccag ctctaccggt tctccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

actggctctc caggtgcttc cccgggtacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 441
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 441
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 442
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 442
ggtaccccgg gcagcggtac cgcatcttcc tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 60

accggttccc caggtagctc taccccgtct ggtgcaaccg gctcccca 108

<210> 443
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 443
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 444
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 444
ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 60

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctcca 108

<210> 445
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 445
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 446
<211> 108

<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 446
ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 60

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctcca 108

<210> 447
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 447
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 448
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 448
ggtagctcta ctccttctgg tgctaccggt tccccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

actggttccc caggtactcc gggcagcggt actgcttctt cctctcca 108

<210> 449
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 449
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 450
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 450
ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggt tccccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

actggctccc caggtgcatc ccctggcacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 451
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 451
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 452
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 452
ggtactcctg gtagcggtac cgcatcttcc tctccaggtt ctagcccttc tgcatctacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gctctcca 108

<210> 453
<211> 36

<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 453
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 454
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 454
ggtgcttccc cgggcactag ctctaccggt tctccaggtt ctagcccttc tgcatctact 60

ggtactggcc caggtactcc gggcagcggt actgcttctt cctctcca 108

<210> 455
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 455
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 456
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 456
ggtagctcta ctccgtctgg tgctaccggc tctccaggta gctctacccc ttctggtgca 60

accggctccc caggtgcttc tccgggtacc agctctactg gttctcca 108

<210> 457
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 457
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 458
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 458
ggtacccctg gcagcggtac cgcttcttcc tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 60

actggctctc caggttctag cccgtctgca tctaccggta ccggccca 108

<210> 459
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 459
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 460
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 460
ggtagctcta ctccttctgg tgcaaccggc tccccaggta ccccgggcag cggtaccgca 60

tcttcctctc caggtactcc gggtagcggt actgcttctt cttctcca 108

<210> 461
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 461
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 462
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 462
ggtaccccgg gtagcggtac tgcttcttcc tctccaggta gctctacccc ttctggtgca 60

accggctctc caggtgcttc tccgggcacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 463
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 463
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 464
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 464
ggtagctcta ccccgtctgg tgctaccggc tctccaggta gctctacccc gtctggtgca 60

accggctccc caggtgcatc cccgggtact agctctaccg gttctcca 108

<210> 465
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 465
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 466
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 466

ggtgcttctc cgggcaccag ctctactggt tctccaggta ccccgggcag cggtaccgca 60

tcttcttctc caggtagctc tactccttct ggtgcaactg gttctcca 108

<210> 467
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 467
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 468
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 468
ggttctagcc cgtctgcttc caccggtact ggcccaggta gctctacccc gtctggtgca 60

actggttccc caggtacccc tggtagcggt accgcttctt cttctcca 108

<210> 469
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 469
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 470
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 470
ggtgcttctc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccttc tgcatccacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tacccccttct ggtgcaaccg gctctcca 108

<210> 471
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 471
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 472
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 472
ggtgcatccc cgggcaccag ctctaccggt tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 60

accggctctc caggtagctc taccccgtct ggtgctactg gctctcca 108

<210> 473
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 473

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 474
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 474
ggtacccctg gtagcggtac tgcttcttcc tctccaggta gctctactcc gtctggtgct 60

accggttctc caggtacccc gggtagcggt accgcatctt cttctcca 108

<210> 475
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 475
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 476
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 476
ggttctagcc cttctgcttc caccggtact ggcccaggta gctctacccc ttctggtgct 60

accggctccc caggtagctc tactccttct ggtgcaactg gctctcca 108

<210> 477
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 477
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 478
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 478
ggtgcttctc ctggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccttc tgcttctacc 60

ggtactggtc caggttctag cccttctgca tccactggta ctggtcca 108

<210> 479
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 479
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 480
<211> 108
<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 480
ggtactcctg gcagcggtac cgcttcttct tctccaggtg cttctcctgg tactagctct 60

actggttctc caggtgcttc tccgggcact agctctactg gttctcca 108

<210> 481
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 481
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 482
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 482
ggtagctcta ccccgtctgg tgctaccggt tccccaggtg cttctcctgg tactagctct 60

accggttctc caggtagctc taccccgtct ggtgctactg gctctcca 108

<210> 483
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 483
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 484
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 484
ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggt tctccaggta ctccgggcag cggtactgct 60

tcttcctctc caggtagctc tacccttct ggtgctactg gctctcca 108

<210> 485
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 485
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 486
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 486
ggtgcatctc ctggtaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccttc tgcttctacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tactccttct ggtgctaccg gttctcca 108

<210> 487
<211> 36
<212> ПРТ

<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 487
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 488
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 488
ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggc tctccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

actggttccc caggtagctc taccccgtct ggtgcaactg gctctcca 108

<210> 489
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 489
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 490
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полинуклеотид

<400> 490
ggtgcatccc cgggtaccag ctctaccggt tctccaggta ctcctggcag cggtactgca 60

tcttcctctc caggtgcttc tccgggcacc agctctactg gttctcca 108

<210> 491
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 491
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 492
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 492
ggtagctcta ctccttctgg tgcaactggt tctccaggtt ctagcccgtc tgcatccact 60

ggtaccggtc caggtgcttc ccctggcacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 493
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 493
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 494
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 494
ggtgcatctc ctggtactag ctctactggt tctccaggta gctctactcc gtctggtgca 60

accggctctc caggttctag cccttctgca tctaccggta ctggtcca 108

<210> 495
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 495
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 496
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 496
ggtactcctg gcagcggtac cgcatcttcc tctccaggta gctctactcc gtctggtgca 60

actggttccc caggtgcttc tccgggtacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 497
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полипептид

<400> 497
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 498
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 498
ggtagctcta ccccgtctgg tgcaaccggc tccccaggta ctcctggtag cggtaccgct 60

tcttcttctc caggtagctc tactccgtct ggtgctaccg gctcccca 108

<210> 499
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 499
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 500
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 500
ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 60

ggtactggtc caggtgcttc tccgggtact agctctactg gttctcca 108

<210> 501
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 501
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 502
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 502
ggtaccccgg gtagcggtac cgcttcttct tctccaggta gctctactcc gtctggtgct 60

accggctctc caggttctaa cccttctgca tccaccggta ccggccca 108

<210> 503
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 503
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 504
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 504
ggttctagcc cttctgcatc tactggtact ggcccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

accggctctc caggtgcttc tccgggtact agctctaccg gttctcca 108

<210> 505
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 505
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 506
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 506
ggtagctcta ccccttctgg tgcaaccggc tctccaggtg catccccggg taccagctct 60

accggttctc caggtactcc gggtagcggt accgcttctt cctctcca 108

<210> 507
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 507
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 508
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 508
ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggt tccccaggta gctctacccc ttctggtgca 60

accggctccc caggtagctc tacccccttct ggtgcaactg gctctcca 108

<210> 509
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 509
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 510
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 510
ggtgcttctc ctggcactag ctctaccggt tctccaggta cccctggtag cggtaccgca 60

tcttcctctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gttcccca 108

<210> 511
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 511
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 512
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 512
ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggc tccccaggtt ctagcccttc tgcatccacc 60

ggtaccggtc caggttctag cccgtctgca tctactggta ctggtcca 108

<210> 513
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 513
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 514
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 514
ggtgcttccc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctact 60

ggtactggtc caggttctag cccttctgct tccactggta ctggtcca 108

<210> 515
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 515
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 516
<211> 108
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 516
ggtgcttccc cgggtaccag ctctaccggt tctccaggtt ctagcccttc tgcttctacc 60

ggtaccggtc caggtacccc tggcagcggt accgcatctt cctctcca 108

<210> 517
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 517
ggtaccccgg gcagcggtac cgcatcttcc tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 60

accggttccc caggtagctc taccccgtct ggtgcaaccg gctccccagg tagcccggct 120

ggctctccta cctctactga ggaaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtctggtcca 180

ggtacctcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gctccaggtt ctagcccttc tgcatccacc 240

ggtaccggcc caggttctag cccgtctgct tctaccggta ctggtccagg tgcttctccg 300

ggtactagct ctactggttc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 360

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta gcgaaccggc aacctccggt 420

tctgaaactc ca 432

<210> 518
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 518
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
65 70 75 80

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
130 135 140

<210> 519
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 519
ggttctacca gcgaatcccc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccttct 60

ggtaccgcac caggtacttc tccgagcggc gaatcttcta ctgctccagg tacctctact 120

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg cagcgcacca 180

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggtg catctcctgg taccagctct 240

accggttctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gctctccagg tgcttccccg 300

ggtaccagct ctaccggttc tccaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 360

ggttctacca gcgaatctcc gtctggcact gcaccaggta cctctacccc tgaaagcggt 420

tccgcttctc ca 432

<210> 520
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 520
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 521
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 521
ggtacttcta ccgaaccttc cgagggcagc gcaccaggta cttctgaaag cgctacccct 60

gagtccggcc caggtacttc tgaaagcgct actcctgaat ccggtccagg tacctctact 120

gaaccttctg agggcagcgc tccaggtact tctgaaagcg ctaccccgga gtccggtcca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accttccgaa 240

ggtagcgctc caggtagcga acctgctact tctggttctg aaaccccagg tagcccggct 300

ggctctccga cctccaccga ggaaggtgct tctcctggca ccagctctac tggttctcca 360

ggttctagcc cttctgcttc taccggtact ggtccaggtt ctagcccttc tgcatccact 420

ggtactggtc ca 432

<210> 522
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 522
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Pro
100 105 110

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
130 135 140

<210> 523
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 523
ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactccg 60

gaatctggtc caggtacttc tgaaagcgct actccggaat ccggtccagg ttctaccagc 120

gaatctcctt ctggcaccgc tccaggttct actagcgaat ccccgtctgg taccgcacca 180

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gcaccaggtg catctccggg tactagctct 240

accggttctc caggttctag cccttctgct tccactggta ccggcccagg tagctctacc 300

ccgtctggtg ctactggttc cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 360

ggtagctcta ctccttctgg tgctactggc tccccaggtg catcccctgg caccagctct 420

accggttctc ca 432

<210> 524
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 524
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
50 55 60

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 525
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 525
ggtgcttctc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccttc tgcatccacc 60

ggtaccggtc caggtagctc taccccttct ggtgcaaccg gctctccagg tacttctgaa 120

agcgctaccc cggaatctgg cccaggtagc gaaccggcta cttctggttc tgaaacccca 180

ggtagcgaac cggctacctc cggttctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 240

gagtccggtc caggtacctc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacttctact 300

gaaccttctg agggtagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 360

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta gcgaaccggc aacctccggt 420

tctgaaactc ca 432

<210> 526
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 526
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
130 135 140

<210> 527
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 527
ggtacctcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcccggcagg ttctcctact 60

tccactgagg aaggtacttc taccgaacct tctgagggta gcgcaccagg tacctctgaa 120

agcgcaactc ctgagtctgg cccaggtagc gaacctgcta cctccggctc tgagactcca 180

ggtacctctg aaagcgcaac cccggaatct ggtccaggta gcccggctgg ctctcctacc 240

tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ctggtccagg tacctctact 300

gaaccgtccg aaggtagcgc tccaggtagc gaacctgcta cttctggttc tgaaactcca 360

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gctccaggta gcgaacctgc tacttctggt 420

tctgaaactc ca 432

<210> 528

<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 528
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
130 135 140

<210> 529
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 529
ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 60

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 120

gaaccgtccg aaggcagcgc tccaggtacc tctactgaac cttccgaggg cagcgctcca 180

ggtacctcta ccgaaccttc tgaaggtagc gcaccaggta cttctaccga accttccgag 240

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa 300

agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 360

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 420

tccaccgagg aa 432

<210> 530
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 530
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140

<210> 531
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 531
ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggcagc gctccaggta cttctactga accttctgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tccgaaggta gcgcaccagg ttctaccagc 120

gaatcccctt ctggtactgc tccaggttct accagcgaat ccccttctgg caccgcacca 180

ggtacttcta cccctgaaag cggctccgct tctccaggta gcgaacctgc aacctctggc 240

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact 300

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtact tctactgaac cgtctgaagg tagcgcacca 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggaatcc ggcccaggta cctctgaaag cgcaaccccg 420

gagtccggcc ca 432

<210> 532
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 532
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
130 135 140

<210> 533
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 533
ggtagctcta ccccttctgg tgctaccggc tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tacccccttct ggtgctactg gttctccagg tagccctgct 120

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 180

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtg cttccccggg cactagctct 240

accggttctc caggttctag cccttctgca tctactggta ctggcccagg tactccgggc 300

agcggtactg cttcttcctc tccaggttct actagctcta ctgctgaatc tcctggccca 360

ggtacttctc ctagcggtga atcttctacc gctccaggta cctctactcc ggaaagcggt 420

tctgcatctc ca 432

<210> 534
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 534
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 535
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 535
ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 60

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctact 120

gaaccgtctg aaggtagcgc accaggtact tctgaaagcg caaccccgga atccggccca 180

ggtacctctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta ctcctggcag cggtaccgct 240

tcttcttctc caggtgcttc tcctggtact agctctactg gttctccagg tgcttctccg 300

ggcactagct ctactggttc tccaggtagc cctgctggct ctccgacttc tactgaggaa 360

ggtagcccgg ctggttctcc gacttctact gaggaaggta cttctaccga accttccgaa 420

ggtagcgctc ca 432

<210> 536
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 536
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 537
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 537
ggtagcccag caggctctcc gacttccact gaggaaggta cttctactga accttccgaa 60

ggcagcgcac caggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacctctacc 120

gaaccgtctg aaggtagcgc accaggtacc tctgaaagcg caactcctga gtccggtcca 180

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtct ggcccaggta ccccgggtag cggtactgct 240

tcttcctctc caggtagctc tacccttct ggtgcaaccg gctctccagg tgcttctccg 300

ggcaccagct ctaccggttc tccaggtacc tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca 360

ggtacttctg aaagcgctac cccggagtcc ggtccaggta cttctactga accgtccgaa 420

ggtagcgcac ca 432

<210> 538
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 538
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 539
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 539
ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 60

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg tagctctacc 120

ccgtctggtg caaccggctc cccaggtact cctggtagcg gtaccgcttc ttcttctcca 180

ggtagctcta ctccgtctgg tgctaccggc tccccaggtg catctcctgg taccagctct 240

accggttctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gctctccagg tgcttccccg 300

ggtaccagct ctaccggttc tccaggtagc gaacctgcta cttctggttc tgaaactcca 360

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gctccaggta gcgaacctgc tacttctggt 420

tctgaaactc ca 432

<210> 540
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 540
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
35 40 45

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
50 55 60

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
130 135 140

<210> 541
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 541
ggtacctcta ctgaaccttc cgaaggcagc gctccaggta cctctaccga accgtccgag 60

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgca acccctgaat ccggtccagg tagccctgct 120

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 180

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcccggctgg ttctccgact 240

tccaccgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggta gcgctccagg tacctctact 300

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtgct tccccgggca ccagctctac tggttctcca 360

ggttctagcc cgtctgcttc tactggtact ggtccaggtt ctagcccttc tgcttccact 420

ggtactggtc ca 432

<210> 542
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 542
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Pro
100 105 110

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
130 135 140

<210> 543
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 543
ggtagctcta ccccgtctgg tgctaccggt tccccaggtg cttctcctgg tactagctct 60

accggttctc caggtagctc taccccgtct ggtgctactg gctctccagg tagccctgct 120

ggctctccaa cctccaccga agaaggtacc tctgaaagcg caacccctga atccggccca 180

ggtagcgaac cggcaacctc cggttctgaa accccaggtg catctcctgg tactagctct 240

actggttctc caggtagctc tactccgtct ggtgcaaccg gctctccagg ttctagccct 300

tctgcatcta ccggtactgg tccaggttct accagcgaat ccccttctgg tactgctcca 360

ggttctacca gcgaatcccc ttctggcacc gcaccaggta cttctacccc tgaaagcggc 420

tccgcttctc ca 432

<210> 544
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 544
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 545

<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 545
ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggtt ctactagcga atccccgtct 60

ggtaccgcac caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgcaccagg tacctctgaa 120

agcgctactc cggagtctgg cccaggtacc tctactgaac cgtctgaggg tagcgctcca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cctctactga accttctgag 240

ggcagcgctc caggtacttc tgaaagcgct accccggagt ccggtccagg tacttctact 300

gaaccgtccg aaggtagcgc accaggtagc tctaccccgt ctggtgctac cggttcccca 360

ggtgcttctc ctggtactag ctctaccggt tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 420

actggctctc ca 432

<210> 546
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 546
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 547
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 547
ggttctacta gctctactgc agaatctccg ggcccaggta cctctcctag cggtgaatct 60

tctaccgctc caggtacttc tccgagcggt gaatcttcta ccgctccagg ttctactagc 120

tctaccgctg aatctccggg tccaggttct accagctcta ctgcagaatc tcctggccca 180

ggtacttcta ctccggaaag cggttccgct tctccaggta cttctcctag cggtgaatct 240

tctaccgctc caggttctac cagctctact gctgaatctc ctggcccagg tacttctacc 300

ccggaaagcg gctccgcttc tccaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 360

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 420

tctactgcac ca 432

<210> 548
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 548
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

65 70 75 80

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
130 135 140

<210> 549
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 549
ggtacctcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggtt ctaccagcga atccccgtct 60

ggcaccgcac caggttctac tagctctact gctgaatctc cgggcccagg tacctctact 120

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg cagcgcacca 180

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggta cctctgaaag cgctactccg 240

gagtctggcc caggtacctc tactgaaccg tctgagggta gcgctccagg tacttctact 300

gaaccgtccg aaggtagcgc accaggtact tctgaaagcg ctactccgga gtccggtcca 360

ggtacctcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cttctactga accttctgag 420

ggtagcgctc cc 432

<210> 550
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 550
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 551
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 551
ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 60

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tacttctact 120

gaaccgtctg aaggtagcgc accaggtact tctgaaagcg caaccccgga atccggccca 180

ggtacctctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggtg catctccggg tactagctct 240

accggttctc caggttctag cccttctgct tccactggta ccggcccagg tagctctacc 300

ccgtctggtg ctactggttc cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 360

ggtagctcta ctccttctgg tgctactggc tccccaggtg catcccctgg caccagctct 420

accggttctc ca 432

<210> 552
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полипептид

<400> 552
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 553
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 553
ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa actccaggta gcgaacctgc aacctccggc 60

tctgaaaccc caggtacttc tactgaacct tctgagggca gcgcaccagg tagcgaacct 120

gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg ctactcctga atctggccca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc gcaccaggta gctctactcc gtctggtgct 240

accggctctc caggtagctc tacccttct ggtgcaaccg gctccccagg tgcttctccg 300

ggtaccagct ctactggttc tccaggtagc tctaccccgt ctggtgctac cggttcccca 360

ggtgcttctc ctggtactag ctctaccggt tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 420

actggctctc ca 432

<210> 554
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 554
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 555
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 555
ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggcagc gctccaggta cttctactga accttctgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 120

agcgctactc cggagtccgg tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaagg cagcgctcca 180

ggtacttcta ctgaaccttc tgagggtagc gctccaggtt ctactagcga atctccgtct 240

ggcactgctc caggtacttc tcctagcggt gaatcttcta ccgctccagg tacttcccct 300

agcggcgaat cttctaccgc tccaggtagc ccggctggct ctcctacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct ggtccaggta cctctactga accgtccgaa 420

ggtagcgctc ca 432

<210> 556
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 556
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 557
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 557
ggtacttcta ctgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcgaacctgc tacttctggt 60

tctgaaaccc caggtagccc ggctggctct ccgacctcca ccgaggaagg tagcccggca 120

ggctctccga cctctactga ggaaggtact tctgaaagcg caaccccgga gtccggccca 180

ggtacctcta ccgaaccgtc tgagggcagc gcaccaggta cctctactga accttccgaa 240

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 300

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctcccca 360

ggttctagcc cgtctgcttc cactggtact ggcccaggtg cttccccggg caccagctct 420

actggttctc ca 432

<210> 558
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 558
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 559
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 559
ggtagcgaac cggctacttc cggctctgag actccaggta gccctgctgg ctctccgacc 60

tctaccgaag aaggtacctc tgaaagcgct acccctgagt ctggcccagg tacctctact 120

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg cagcgcacca 180

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggta cctctactcc ggaaagcggt 240

tccgcatctc caggttctac cagcgaatcc ccgtctggca ccgcaccagg ttctactagc 300

tctactgctg aatctccggg cccaggtact tctgaaagcg ctactccgga gtccggtcca 360

ggtacctcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cttctactga accttctgag 420

ggtagcgctc ca 432

<210> 560
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 560
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
65 70 75 80

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 561
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 561
ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggcagc gctccaggta cttctactga accttctgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tccgaaggta gcgcaccagg tacctctacc 120

gaaccgtctg aaggtagcgc accaggtacc tctgaaagcg caactcctga gtccggtcca 180

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtct ggcccaggta ctcctggcag cggtaccgca 240

tcttcctctc caggtagctc tactccgtct ggtgcaactg gttccccagg tgcttctccg 300

ggtaccagct ctaccggttc tccaggttcc accagctcta ctgctgaatc tcctggtcca 360

ggtacctctc ctagcggtga atcttctact gctccaggta cttctactcc tgaaagcggc 420

tctgcttctc ca 432

<210> 562
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 562
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 563
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 563
ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 60

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 120

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 180

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta gcccggctgg ttctccgact 240

tccaccgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggta gcgctccagg tacctctact 300

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtact tctaccgaac cgtccgaggg cagcgctcca 360

ggtacttcta ctgaaccttc tgaaggcagc gctccaggta cttctactga accttccgaa 420

ggtagcgcac ca 432

<210> 564
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 564

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1               5                   10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65                  70                  75                  80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            100                 105                 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        115                 120                 125

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140
```

<210> 565
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 565
ggtacttctc cgagcggtga atcttctacc gcaccaggtt ctactagctc taccgctgaa 60

tctccgggcc caggtacttc tccgagcggt gaatcttcta ctgctccagg tacctctgaa 120

agcgctactc cggagtctgg cccaggtacc tctactgaac cgtctgaggg tagcgctcca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggtt ctagcccttc tgcatctact 240

ggtactggcc caggtagctc tactccttct ggtgctaccg gctctccagg tgcttctccg 300

ggtactagct ctaccggttc tccaggtact tctactccgg aaagcggttc cgcatctcca 360

ggtacttctc ctagcggtga atcttctact gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 420

tctactgctc ca 432

<210> 566
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 566
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
65 70 75 80

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
130 135 140

<210> 567
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 567
ggtacctctg aaagcgctac tccggagtct ggcccaggta cctctactga accgtctgag 60

ggtagcgctc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tagccctgct 120

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 180

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtt ctagcccttc tgcttccacc 240

ggtactggcc caggtagctc tacccttct ggtgctaccg gctccccagg tagctctact 300

ccttctggtg caactggctc tccaggtagc gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca 360

ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc 420

tctgaaaccc ca 432

<210> 568
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 568
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
65 70 75 80

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
130 135 140

<210> 569
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полинуклеотид

<400> 569
ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 60

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tagctctacc 120

ccgtctggtg ctaccggttc cccaggtgct tctcctggta ctagctctac cggttctcca 180

ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggc tctccaggta cttctgaaag cgcaacccct 240

gaatccggtc caggtagcga accggctact tctggctctg agactccagg tacttctacc 300

gaaccgtccg aaggtagcgc accaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 360

ggttctacca gcgaatctcc gtctggcact gcaccaggta cctctacccc tgaaagcggt 420

tccgcttctc ca 432

<210> 570
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 570
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
35 40 45

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
50 55 60

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

130 135 140

<210> 571
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 571
ggtacctcta ctcctgaaag cggttctgca tctccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagctctact gctgaatctc ctggcccagg ttctagccct 120

tctgcatcta ctggtactgg cccaggtagc tctactcctt ctggtgctac cggctctcca 180

ggtgcttctc cgggtactag ctctaccggt tctccaggta gcgaaccggc aacctccggc 240

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ccggcccagg tagcccggca 300

ggttctccga cttccactga ggaaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 360

ggttctacca gcgaatctcc gtctggcact gcaccaggta cctctacccc tgaaagcggt 420

tccgcttctc cc 432

<210> 572
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 572
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
50 55 60

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 573
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 573
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg ttctaccagc 120

gaatctcctt ctggcaccgc tccaggttct actagcgaat ccccgtctgg taccgcacca 180

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gcaccaggta cctctaccga accttccgaa 240

ggtagcgctc caggtagccc ggcaggttct cctacttcca ctgaggaagg tacttctacc 300

gaaccttctg agggtagcgc accaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 420

ggcagcgcac ca 432

<210> 574
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 574
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro

50 55 60

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 575
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 575
ggtacctcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcccggcagg ttctcctact 60

tccactgagg aaggtacttc taccgaacct tctgagggta gcgcaccagg tacctccccc 120

agcggcgaat cttctactgc tccaggtacc tctcctagcg gcgaatcttc taccgctcca 180

ggtacctccc ctagcggtga atcttctacc gcaccaggtt ctaccagcga atccccttct 240

ggtactgctc caggttctac cagcgaatcc ccttctggca ccgcaccagg tacttctacc 300

cctgaaagcg gctccgcttc tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 420

ggcagcgcac ca 432

<210> 576
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 576
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

```
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
    50                  55                  60

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140
```

<210> 577
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 577
ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactccg 60

gaatctggtc caggtacttc tgaaagcgct actccggaat ccggtccagg tacttctccg 120

agcggtgaat cttctaccgc accaggttct actagctcta ccgctgaatc tccgggccca 180

ggtacttctc cgagcggtga atcttctact gctccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc ccctagcggt gaatcttcta ctgctccagg ttctaccagc 300

tctaccgcag aatctccggg tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 360

ggtagctcta ccccttctgg tgcaaccggc tccccaggta gctctacccc ttctggtgca 420

aactggctct cc 432

<210> 578
<211> 144
<212> ПРТ

<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 578
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
50 55 60

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Asn Trp Leu Ser
130 135 140

<210> 579
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 579
ggtagccctg ctggctctcc gacttctact gaggaaggta gcccggctgg ttctccgact 60

tctactgagg aaggtacttc taccgaacct tccgaaggta gcgctccagg tacctctact 120

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg cagcgcacca 180

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggtg catctcctgg taccagctct 240

accggttctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gctctccagg tgcttccccg 300

ggtaccagct ctaccggttc tccaggtagc tctaccccgt ctggtgctac tggttctcca 360

ggtactccgg gcagcggtac tgcttcttcc tctccaggta gctctacccc ttctggtgct 420

actggctctc ca 432

<210> 580
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 580
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
115 120 125

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 581
<211> 432
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 581

ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggt tctccaggta ctccgggcag cggtactgct 60

tcttcctctc caggtagctc taccccttct ggtgctactg gctctccagg tagcccggct 120

ggctctccta cctctactga ggaaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtctggtcca 180

ggtacctcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gctccaggta cctctgaaag cgcaactcct 240

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 300

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtact tctactgaac cgtctgaagg tagcgcacca 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggaatcc ggcccaggta cctctgaaag cgcaaccccg 420

gagtccggcc ca 432

<210> 582
<211> 144
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 582
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
130 135 140

<210> 583
<211> 57
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 583
aggtgcaagc gcaagcggcg cgccaagcac gggaggttcg tcttcactcg agggtac 57

<210> 584
<211> 49
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 584
cctcgagtga agacgaacct cccgtgcttg gcgcgccgct tgcgcttgc 49

<210> 585
<211> 11
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 585
Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly
1 5 10

<210> 586
<211> 57
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 586
aggtccagaa ccaacggggc cggccccaag cggaggttcg tcttcactcg agggtac 57

<210> 587
<211> 49
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 587

cctcgagtga agacgaacct ccgcttgggg ccggccccgt tggttctgg 49

<210> 588
<211> 11
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 588
Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly
1 5 10

<210> 589
<211> 13
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 589
Met Ala Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1 5 10

<210> 590
<211> 13
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 590
Met Ala Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1 5 10

<210> 591
<211> 13
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 591
Met Ala Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
1 5 10

<210> 592
<211> 13
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 592
Met Glu Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
1 5 10

<210> 593
<211> 13
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 593
Met Ala Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1 5 10

<210> 594
<211> 13
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 594
Met Glu Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1 5 10

<210> 595
<211> 11
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 595
Met Ala Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ser Gly
1 5 10

<210> 596
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 596
atggctagtc cggctggctc tccgacctcc actgaggaag gtacttctac t 51

<210> 597
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 597
atggctagtc ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtacttctac t 51

<210> 598
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 598
atggctagtc cagcaggctc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac t 51

<210> 599
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 599
atggctagtc ctgctggctc tccgacctct actgaggaag gtacttctac t 51

<210> 600
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 600
atggctacat ccgaaagcgc aacccctgag tccggtccag gtacttctac t 51

<210> 601
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 601
atggctacat ccgaaagcgc aacccctgaa tctggtccag gtacttctac t 51

<210> 602
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 602
atggctacgt ctgaaagcgc tactccggaa tctggtccag gtacttctac t 51

<210> 603
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 603
atggctacgt ccgaaagcgc taccccctgaa tccggtccag gtacttctac t 51

<210> 604
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 604
atggctagtt ctaccccgtc tggtgcaacc ggttccccag gtacttctac t 51

<210> 605
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 605
atggctagct ccactccgtc tggtgctacc ggttccccag gtacttctac t 51

<210> 606
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

олигонуклеотид

<400> 606
atggctagct ctactccgtc tggtgctact ggttccccag gtacttctac t 51

<210> 607
<211> 51
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<400> 607
atggctagtt ctacccccttc tggtgctact ggttctccag gtacttctac t 51

<210> 608
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 608
atggctagtc ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 609
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 609
atggctagtc ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 610
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 610

atggctagtc ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 60

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 120

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 611
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 611
atggctagtc ctgctggctc tccgacctct actgaggaag gtacttctac tgaaccgtct 60

gaaggcagcg caccaggtag cgaaccggct acttccggtt ctgaaacccc aggtagccca 120

gcaggttctc caacttctac tgaagaaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 612
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 612
atggctagtc ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 613
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 613
atggctagtc ctgctggctc tccgacctct actgaggaag gtacttctac tgaaccgtct 60

gaaggcagcg caccaggtag cgaaccggct acttccggtt ctgaaacccc aggtagccca 120

gcaggttctc caacttctac tgaagaaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 614
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 614
atggctagtc ctgctggctc tccgacctct actgaggaag gtacctcccc tagcggcgaa 60

tcttctactg ctccaggtac ctctcctagc ggcgaatctt ctaccgctcc aggtacctcc 120

cctagcggtg aatcttctac cgcaccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 615
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 615
atggctagtc ctgctggctc tccgacctct actgaggaag gtacctctac tccggaaagc 60

ggttccgcat ctccaggttc taccagcgaa tccccgtctg gcaccgcacc aggttctact 120

agctctactg ctgaatctcc gggcccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 616
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 616
atggctagtc ctgctggctc tccgacctct actgaggaag gtacctcccc tagcggcgaa 60

tcttctactg ctccaggtac ctctcctagc ggcgaatctt ctaccgctcc aggtacctcc 120

cctagcggtg aatcttctac cgcaccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 617
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 617
atggctagtc ctgctggctc tccgacctct actgaggaag gtacctctac tccggaaagc 60

ggttccgcat ctccaggttc taccagcgaa tccccgtctg gcaccgcacc aggttctact 120

agctctactg ctgaatctcc gggcccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 618
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 618
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 619
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 619
atggctgaac ctgctggctc tccgacctct actgaggaag gtacctcccc tagcggcgaa 60

tcttctactg ctccaggtac ctctcctagc ggcgaatctt ctaccgctcc aggtacctcc 120

cctagcggtg aatcttctac cgcaccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

<210> 620
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 620
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

<210> 621
<211> 180
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 621
atggctgaaa ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

<210> 622
<211> 288
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 622
Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly
1 5 10 15

Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly
20 25 30

Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly
35 40 45

Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly
50 55 60

Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly
65 70 75 80

Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu
85 90 95

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly
100 105 110

Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu
115 120 125

Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu
130 135 140

Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly
145 150 155 160

Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly
165 170 175

Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly
180 185 190

Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly
195 200 205

Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly
210 215 220

Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu
225 230 235 240

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly
245 250 255

Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu
260 265 270

Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu
275 280 285

<210> 623
<211> 7
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 623
Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Gly
1 5

<210> 624
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 624
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
1 5 10

<210> 625
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 625
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

1 5 10

<210> 626
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 626
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
1 5 10

<210> 627
<211> 12
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 627
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
1 5 10

<210> 628
<211> 24
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 628
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20

<210> 629
<211> 36
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 629
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 630
<211> 48
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 630
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

<210> 631
<211> 60
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 631
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
50 55 60

<210> 632
<211> 108
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полипептид

<400> 632
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
100 105

<210> 633
<211> 216
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 633
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

```
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            100                 105                 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    210                 215
```

<210> 634
<211> 432
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 634

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1               5                   10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65                  70                  75                  80
```

```
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            100                 105                 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335
```

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430
```

<210> 635
<211> 864
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 635

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1               5                   10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65                  70                  75                  80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            100                 105                 110
```

```
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365
```

```
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
            580                 585                 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        595                 600                 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
```

```
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                645                 650                 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    690                 695                 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785                 790                 795                 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
            820                 825                 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        835                 840                 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    850                 855                 860
```

<210> 636
<211> 576
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 636
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
50 55 60

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
85 90 95

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
100 105 110

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
115 120 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
130 135 140

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
145 150 155 160

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
165 170 175

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
180 185 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
195 200 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

```
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        275                 280                 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                325                 330                 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
            340                 345                 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        355                 360                 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
385                 390                 395                 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                405                 410                 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
        435                 440                 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
    450                 455                 460
```

```
Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            500                 505                 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
    530                 535                 540

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
545                 550                 555                 560

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
                565                 570                 575
```

<210> 637
<211> 576
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 637

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1               5                   10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65                  70                  75                  80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
```

```
            100                 105                 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350
```

```
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575


<210> 638
<211> 540
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
```

полипептид

<400> 638

```
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1               5                  10                  15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            20                  25                  30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            100                 105                 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                165                 170                 175

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225                 230                 235                 240
```

```
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    290                 295                 300

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
        435                 440                 445

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
    450                 455                 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
                485                 490                 495
```

```
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
            500                 505                 510

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
    530                 535                 540
```

<210> 639
<211> 504
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 639

```
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1               5                   10                  15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
            20                  25                  30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
    50                  55                  60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65                  70                  75                  80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
            100                 105                 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        115                 120                 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
```

```
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                165                 170                 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
        195                 200                 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            260                 265                 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305                 310                 315                 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
            340                 345                 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        355                 360                 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                405                 410                 415
```

```
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        435                 440                 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    450                 455                 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            500
```

<210> 640
<211> 864
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 640

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1               5                   10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65                  70                  75                  80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            100                 105                 110
```

```
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365
```

```
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
            580                 585                 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        595                 600                 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
    610                 615                 620
```

```
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                645                 650                 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    690                 695                 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785                 790                 795                 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
            820                 825                 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        835                 840                 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    850                 855                 860
```

<210> 641

<211> 875
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (430)..(432)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (443)..(446)
<223> Любая аминокислота

<400> 641

```
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1               5                  10                  15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            20                  25                  30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            100                 105                 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
                165                 170                 175
```

```
Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    290                 295                 300

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
            420                 425                 430
```

```
Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
        435                 440                 445

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    450                 455                 460

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro
625                 630                 635                 640

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser
                645                 650                 655

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser
```

675 680 685

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
690 695 700

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
705 710 715 720

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser
725 730 735

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
740 745 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
755 760 765

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
770 775 780

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
785 790 795 800

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
805 810 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser
820 825 830

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
835 840 845

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
850 855 860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
865 870 875

<210> 642
<211> 868
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 642
Gly Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1 5 10 15

```
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
        35                  40                  45

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    50                  55                  60

Gly Ser Asn Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
            100                 105                 110

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
        115                 120                 125

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    130                 135                 140

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
145                 150                 155                 160

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                165                 170                 175

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
            180                 185                 190

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Gly Ser Asn Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
    210                 215                 220

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
225                 230                 235                 240

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
```

```
            260                 265                 270

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        275                 280                 285

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
305                 310                 315                 320

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                325                 330                 335

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
            340                 345                 350

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
        355                 360                 365

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    370                 375                 380

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
385                 390                 395                 400

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
                405                 410                 415

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            420                 425                 430

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        435                 440                 445

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
    450                 455                 460

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
465                 470                 475                 480

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
                485                 490                 495

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
            500                 505                 510
```

```
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
        515                 520                 525

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    530                 535                 540

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
545                 550                 555                 560

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                565                 570                 575

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
        595                 600                 605

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    610                 615                 620

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
625                 630                 635                 640

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
                645                 650                 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
            660                 665                 670

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
        675                 680                 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
    690                 695                 700

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
705                 710                 715                 720

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
                725                 730                 735

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
            740                 745                 750

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        755                 760                 765
```

```
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    770                 775                 780

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
785                 790                 795                 800

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
                805                 810                 815

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            820                 825                 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        835                 840                 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    850                 855                 860

Thr Gly Ser Pro
865
```

<210> 643
<211> 875
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 643

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                   10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95
```

```
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350
```

```
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser
        435                 440                 445

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
    450                 455                 460

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
545                 550                 555                 560

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
                565                 570                 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser
            580                 585                 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
        595                 600                 605
```

```
Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
625                 630                 635                 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                645                 650                 655

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro
                725                 730                 735

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            740                 745                 750

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
    770                 775                 780

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
785                 790                 795                 800

Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
            820                 825                 830

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
        835                 840                 845

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
```

```
    850                 855                 860

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
865                 870                 875


<210> 644
<211> 1318
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 644
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                   10                  15


Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30


Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45


Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60


Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80


Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95


Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110


Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125


Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140


Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160


Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175


Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190
```

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
```

```
        435                 440                 445

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
                485                 490                 495

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
            500                 505                 510

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
    530                 535                 540

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
625                 630                 635                 640

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
                645                 650                 655

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
        675                 680                 685
```

```
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
                725                 730                 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
    770                 775                 780

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
785                 790                 795                 800

Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
            820                 825                 830

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
        835                 840                 845

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Ala Ser
865                 870                 875                 880

Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr
                885                 890                 895

Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr
            900                 905                 910

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
        915                 920                 925

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
    930                 935                 940
```

```
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
945                 950                 955                 960

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
            980                 985                 990

Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu  Ser Gly Ser Ala Ser  Pro Gly Thr
        995                 1000                1005

Ser Pro  Ser Gly Glu Ser Ser  Thr Ala Pro Gly Thr  Ser Pro Ser
    1010                1015                1020

Gly Glu  Ser Ser Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1025                1030                1035

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1040                1045                1050

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1055                1060                1065

Thr Ser  Glu Ser Pro Ser Gly  Thr Ala Pro Gly Ser  Thr Ser Glu
    1070                1075                1080

Ser Pro  Ser Gly Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Thr Pro  Glu Ser Gly
    1085                1090                1095

Ser Ala  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1100                1105                1110

Glu Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1115                1120                1125

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1130                1135                1140

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1145                1150                1155

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1160                1165                1170

Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1175                1180                1185
```

```
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro
    1190                1195                1200

Ser Gly  Ala Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Thr Ser Glu  Ser Pro Ser
    1205                1210                1215

Gly Thr  Ala Pro Gly Thr Ser  Pro Ser Gly Glu Ser  Ser Thr Ala
    1220                1225                1230

Pro Gly  Ser Thr Ser Ser Thr  Ala Glu Ser Pro Gly  Pro Gly Ser
    1235                1240                1245

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1250                1255                1260

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala
    1265                1270                1275

Ser Ser  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1280                1285                1290

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1295                1300                1305

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1310                1315
```

<210> 645
<211> 924
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 645

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1               5                  10                  15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
    50                  55                  60
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65                  70                  75                  80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
                85                  90                  95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320
```

```
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
```

```
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815
```

```
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        915                 920


<210> 646
<211> 913
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 646
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                   10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
```

```
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350
```

```
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605
```

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860
```

```
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro
```

<210> 647
<211> 864
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 647

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
1               5                   10                  15

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            20                  25                  30

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro
    50                  55                  60

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65                  70                  75                  80

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        115                 120                 125

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
    130                 135                 140
```

```
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr
145                 150                 155                 160

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
            180                 185                 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Glu
        195                 200                 205

Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
    210                 215                 220

Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala
225                 230                 235                 240

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro
                245                 250                 255

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
        275                 280                 285

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
                325                 330                 335

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        355                 360                 365

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
385                 390                 395                 400
```

```
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
    450                 455                 460

Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            500                 505                 510

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
        515                 520                 525

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
    530                 535                 540

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545                 550                 555                 560

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
            580                 585                 590

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        595                 600                 605

Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser
```

```
                645                 650                 655

Glu Pro Gly Ala Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
            660                 665                 670

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
        675                 680                 685

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
705                 710                 715                 720

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
                725                 730                 735

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            740                 745                 750

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Glu
    770                 775                 780

Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
785                 790                 795                 800

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
            820                 825                 830

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
    850                 855                 860
```

<210> 648
<211> 84
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 648
Ala Ser Pro Ala Ala Pro Ala Pro Ala Ser Pro Ala Ala Pro Ala Pro
1 5 10 15

Ser Ala Pro Ala Ala Ala Pro Ala Ser Pro Ala Pro Ala Ala Pro Ser
20 25 30

Ala Pro Ala Pro Ala Ala Pro Ser Ala Ala Ser Pro Ala Ala Pro Ser
35 40 45

Ala Pro Pro Ala Ala Ala Ser Pro Ala Ala Pro Ser Ala Pro Pro Ala
50 55 60

Ala Ser Ala Ala Ala Pro Ala Ala Ala Ser Ala Ala Ala Ser Ala Pro
65 70 75 80

Ser Ala Ala Ala

<210> 649
<211> 4
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 649
Gly Gly Ser Gly
1

<210> 650
<211> 288
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 650
Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
20 25 30

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
35 40 45

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly

```
    50                  55                  60

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
65                  70                  75                  80

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
                85                  90                  95

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
            100                 105                 110

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
        115                 120                 125

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
    130                 135                 140

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
145                 150                 155                 160

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
                165                 170                 175

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
        195                 200                 205

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
    210                 215                 220

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
225                 230                 235                 240

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
            260                 265                 270

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
        275                 280                 285
```

<210> 651
<211> 288
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 651

```
Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly
1               5                  10                  15

Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly
            20                  25                  30

Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly
        35                  40                  45

Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly
    50                  55                  60

Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu
65                  70                  75                  80

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly
                85                  90                  95

Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu
            100                 105                 110

Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu
        115                 120                 125

Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly
    130                 135                 140

Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly
145                 150                 155                 160

Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly
                165                 170                 175

Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly
            180                 185                 190

Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly
        195                 200                 205

Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu
    210                 215                 220

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly
```

225 230 235 240

Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu
245 250 255

Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu
260 265 270

Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly
275 280 285

<210> 652
<211> 288
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 652
Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
1 5 10 15

Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
20 25 30

Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
35 40 45

Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
50 55 60

Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
65 70 75 80

Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
85 90 95

Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
100 105 110

Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
115 120 125

Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
130 135 140

Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
145 150 155 160

Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
165 170 175

Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
180 185 190

Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
195 200 205

Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
210 215 220

Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
225 230 235 240

Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
245 250 255

Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
260 265 270

Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
275 280 285

<210> 653
<211> 288
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 653
Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
1 5 10 15

Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly
35 40 45

Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly
50 55 60

Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser
65 70 75 80

```
Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly
            100                 105                 110

Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu
        115                 120                 125

Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu
    130                 135                 140

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
145                 150                 155                 160

Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser
                165                 170                 175

Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly
            180                 185                 190

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly
        195                 200                 205

Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly
    210                 215                 220

Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu
225                 230                 235                 240

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser
                245                 250                 255

Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu
        275                 280                 285


<210> 654
<211> 576
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 654
```

```
Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Gly Lys
1               5                   10                  15

Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys
            20                  25                  30

Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu
        35                  40                  45

Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Lys
    50                  55                  60

Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly
65                  70                  75                  80

Lys Pro Gly Gly Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu
                85                  90                  95

Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Lys Pro Gly
            100                 105                 110

Glu Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu
        115                 120                 125

Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Glu
    130                 135                 140

Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro
145                 150                 155                 160

Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys
                165                 170                 175

Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly
            180                 185                 190

Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro
        195                 200                 205

Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly
    210                 215                 220

Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly
225                 230                 235                 240

Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu
                245                 250                 255
```

```
Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly
            260                 265                 270

Lys Pro Gly Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu
        275                 280                 285

Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Lys Pro Gly
    290                 295                 300

Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly
305                 310                 315                 320

Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly
                325                 330                 335

Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro
            340                 345                 350

Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly
        355                 360                 365

Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly
    370                 375                 380

Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Lys
385                 390                 395                 400

Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly
                405                 410                 415

Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu
            420                 425                 430

Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Gly Gly Lys
        435                 440                 445

Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Glu
    450                 455                 460

Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly
465                 470                 475                 480

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro
                485                 490                 495

Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly
            500                 505                 510
```

Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly
515 520 525

Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu
530 535 540

Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Gly
545 550 555 560

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly
565 570 575

<210> 655
<211> 558
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 655
Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Lys Pro
1 5 10 15

Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys
20 25 30

Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly
35 40 45

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys
50 55 60

Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys
65 70 75 80

Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly
85 90 95

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly
100 105 110

Ser Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly
115 120 125

Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly
130 135 140

```
Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu
145                 150                 155                 160

Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys
                165                 170                 175

Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Ser Gly Lys
        195                 200                 205

Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly
    210                 215                 220

Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Ser
225                 230                 235                 240

Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly
                245                 250                 255

Ser Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly
            260                 265                 270

Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Ser
        275                 280                 285

Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Lys
    290                 295                 300

Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys
305                 310                 315                 320

Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly
                325                 330                 335

Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro
            340                 345                 350

Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys
        355                 360                 365

Pro Glu Gly Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
    370                 375                 380

Gly Gly Lys Pro Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Glu
385                 390                 395                 400
```

```
Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys
                405                 410                 415

Pro Gly Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu
        435                 440                 445

Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly
    450                 455                 460

Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly
465                 470                 475                 480

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly
                485                 490                 495

Glu Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly
            500                 505                 510

Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly
        515                 520                 525

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly
    530                 535                 540

Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly
545                 550                 555


<210> 656
<211> 577
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 656
Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Ser Gly Lys
1               5                   10                  15

Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
            20                  25                  30

Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
        35                  40                  45
```

```
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro
    50                  55                  60

Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly
65                  70                  75                  80

Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly
                85                  90                  95

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Gly
            100                 105                 110

Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys
        115                 120                 125

Pro Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly
    130                 135                 140

Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly
145                 150                 155                 160

Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
                165                 170                 175

Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
            180                 185                 190

Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys
        195                 200                 205

Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
    210                 215                 220

Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
225                 230                 235                 240

Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Lys Pro
                245                 250                 255

Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser
            260                 265                 270

Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly
        275                 280                 285

Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly
    290                 295                 300
```

```
Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys
305                 310                 315                 320

Pro Gly Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
                325                 330                 335

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly
            340                 345                 350

Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys
        355                 360                 365

Pro Gly Ser Gly Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly
    370                 375                 380

Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro
385                 390                 395                 400

Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser
                405                 410                 415

Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys
        435                 440                 445

Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys
    450                 455                 460

Pro Gly Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys
                485                 490                 495

Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
            500                 505                 510

Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly
        515                 520                 525

Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly
    530                 535                 540

Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
```

545 550 555 560

Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly
565 570 575

Gly

<210> 657
<211> 576
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 657
Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
1 5 10 15

Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly
35 40 45

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly
50 55 60

Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly
65 70 75 80

Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu
85 90 95

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser
100 105 110

Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu
115 120 125

Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu
130 135 140

Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
145 150 155 160

Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser
165 170 175

```
Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu Gly
        195                 200                 205

Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Glu Gly
225                 230                 235                 240

Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser
                245                 250                 255

Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu
        275                 280                 285

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
    290                 295                 300

Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly
                325                 330                 335

Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly
            340                 345                 350

Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser
        355                 360                 365

Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly
    370                 375                 380

Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser
385                 390                 395                 400

Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu
                405                 410                 415

Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu
```

```
            420                 425                 430

Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
        435                 440                 445

Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser
    450                 455                 460

Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly
465                 470                 475                 480

Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly
                485                 490                 495

Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser
            500                 505                 510

Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly
        515                 520                 525

Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly
    530                 535                 540

Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu
545                 550                 555                 560

Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu
                565                 570                 575


<210> 658
<211> 576
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 658
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1               5                   10                  15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            20                  25                  30

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
    50                  55                  60
```

```
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
            100                 105                 110

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        115                 120                 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
145                 150                 155                 160

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
                165                 170                 175

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        275                 280                 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
```

305 310 315 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
325 330 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
340 345 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
355 360 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
370 375 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
385 390 395 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
405 410 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
420 425 430

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
435 440 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
450 455 460

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465 470 475 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
485 490 495

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
500 505 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
515 520 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
530 535 540

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
545 550 555 560

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
565 570 575

<210> 659
<211> 577
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 659
Ala Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
35 40 45

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
65 70 75 80

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
165 170 175

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

```
        195                 200                 205

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    210                 215                 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
305                 310                 315                 320

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
        355                 360                 365

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
                405                 410                 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
        435                 440                 445
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    450                 455                 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                485                 490                 495

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        515                 520                 525

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
    530                 535                 540

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
                565                 570                 575

Pro
```

<210> 660
<211> 540
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 660

```
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1               5                   10                  15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            20                  25                  30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
```

65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
130 135 140

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
180 185 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
210 215 220

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225 230 235 240

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
245 250 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
260 265 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
275 280 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
290 295 300

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305 310 315 320

```
Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
        435                 440                 445

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
    450                 455                 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
                485                 490                 495

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
            500                 505                 510

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
    530                 535                 540


<210> 661
<211> 504
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
```

полипептид

<400> 661

```
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1               5                  10                  15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
            20                  25                  30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
    50                  55                  60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65                  70                  75                  80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
            100                 105                 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        115                 120                 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                165                 170                 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
        195                 200                 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225                 230                 235                 240
```

```
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            260                 265                 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305                 310                 315                 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
            340                 345                 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        355                 360                 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                405                 410                 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        435                 440                 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    450                 455                 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
                485                 490                 495
```

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
500

<210> 662
<211> 816
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 662
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190

```
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445
```

```
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
            580                 585                 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        595                 600                 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                645                 650                 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    690                 695                 700
```

```
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785                 790                 795                 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                805                 810                 815
```

<210> 663
<211> 875
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (430)..(432)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (443)..(446)
<223> Любая аминокислота

<400> 663

```
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1               5                   10                  15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            20                  25                  30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        35                  40                  45
```

```
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            100                 105                 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
                165                 170                 175

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    290                 295                 300
```

```
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
        435                 440                 445

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    450                 455                 460

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560
```

```
Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro
625                 630                 635                 640

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser
                645                 650                 655

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser
        675                 680                 685

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    690                 695                 700

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser
                725                 730                 735

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    770                 775                 780

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
```

```
               805                 810                 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser
            820                 825                 830

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
        835                 840                 845

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
865                 870                 875


<210> 664
<211> 868
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 664
Gly Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1               5                   10                  15

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
        35                  40                  45

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    50                  55                  60

Gly Ser Asn Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
            100                 105                 110

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
        115                 120                 125

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    130                 135                 140
```

```
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
145                 150                 155                 160

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                165                 170                 175

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
            180                 185                 190

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Gly Ser Asn Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
    210                 215                 220

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
225                 230                 235                 240

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
            260                 265                 270

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        275                 280                 285

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
305                 310                 315                 320

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                325                 330                 335

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
            340                 345                 350

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
        355                 360                 365

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    370                 375                 380

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
```

385 390 395 400

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
405 410 415

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
420 425 430

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
435 440 445

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
450 455 460

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
465 470 475 480

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
485 490 495

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
500 505 510

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
515 520 525

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
530 535 540

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
545 550 555 560

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
565 570 575

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
580 585 590

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
595 600 605

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
610 615 620

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
625 630 635 640

```
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
                645                 650                 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
            660                 665                 670

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
        675                 680                 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
    690                 695                 700

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
705                 710                 715                 720

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
                725                 730                 735

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
            740                 745                 750

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        755                 760                 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    770                 775                 780

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
785                 790                 795                 800

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
                805                 810                 815

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            820                 825                 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        835                 840                 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    850                 855                 860

Thr Gly Ser Pro
865
```

<210> 665
<211> 875
<212> ПРТ

<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 665

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                  10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220
```

```
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser
        435                 440                 445

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
    450                 455                 460

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480
```

```
Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
545                 550                 555                 560

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
                565                 570                 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser
            580                 585                 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
        595                 600                 605

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
625                 630                 635                 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                645                 650                 655

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro
                725                 730                 735
```

```
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            740                 745                 750

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
    770                 775                 780

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
785                 790                 795                 800

Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
            820                 825                 830

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
        835                 840                 845

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
    850                 855                 860

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
865                 870                 875


<210> 666
<211> 1318
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
      полипептид

<400> 666
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                   10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60
```

```
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320
```

```
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
        435                 440                 445

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
                485                 490                 495

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
            500                 505                 510

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
    530                 535                 540

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
```

```
                565                 570                 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
625                 630                 635                 640

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
                645                 650                 655

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
        675                 680                 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
                725                 730                 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
    770                 775                 780

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
785                 790                 795                 800

Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
                805                 810                 815
```

```
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
            820                 825                 830

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
        835                 840                 845

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Ala Ser
865                 870                 875                 880

Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr
                885                 890                 895

Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr
            900                 905                 910

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
        915                 920                 925

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
    930                 935                 940

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
945                 950                 955                 960

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
            980                 985                 990

Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu  Ser Gly Ser Ala Ser  Pro Gly Thr
        995                 1000                1005

Ser Pro  Ser Gly Glu Ser Ser  Thr Ala Pro Gly Thr  Ser Pro Ser
    1010                1015                1020

Gly Glu  Ser Ser Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1025                1030                1035

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1040                1045                1050

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1055                1060                1065
```

```
Thr Ser  Glu Ser Pro Ser Gly  Thr Ala Pro Gly Ser  Thr Ser Glu
    1070                1075                1080

Ser Pro  Ser Gly Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Thr Pro  Glu Ser Gly
    1085                1090                1095

Ser Ala  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1100                1105                1110

Glu Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1115                1120                1125

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1130                1135                1140

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1145                1150                1155

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1160                1165                1170

Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1175                1180                1185

Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro
    1190                1195                1200

Ser Gly  Ala Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Thr Ser Glu  Ser Pro Ser
    1205                1210                1215

Gly Thr  Ala Pro Gly Thr Ser  Pro Ser Gly Glu Ser  Ser Thr Ala
    1220                1225                1230

Pro Gly  Ser Thr Ser Ser Thr  Ala Glu Ser Pro Gly  Pro Gly Ser
    1235                1240                1245

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1250                1255                1260

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala
    1265                1270                1275

Ser Ser  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1280                1285                1290

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1295                1300                1305
```

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1310 1315

<210> 667
<211> 9
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 667
Phe Asp Lys Leu Pro Arg Thr Ser Gly
1 5

<210> 668
<211> 7
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<400> 668
Phe Lys Leu Met Val Trp Tyr
1 5

<210> 669
<211> 241
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 669
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
50 55 60

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
65 70 75 80

```
Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
                85                  90                  95

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
            100                 105                 110

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
        115                 120                 125

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
    130                 135                 140

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
145                 150                 155                 160

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
                165                 170                 175

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
            180                 185                 190

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
        195                 200                 205

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
    210                 215                 220

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
225                 230                 235                 240

Phe
```

<210> 670
<211> 726
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 670
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt 180

gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa 240

tttgaagaag cctacattcc taaagagcag aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact 300

tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag 360

tccaatctgg aactactccg catttctctg cttctgattc agagctggct agaaccagtg 420

caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta 480

tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat 540

ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag cagacttact ctaaatttga tactaacagc 600

cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg 660

gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt 720

ttctaa 726

<210> 671
<211> 241
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 671

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

```
Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
145                 150                 155                 160

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
                165                 170                 175

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Asp Asn Ala Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
            180                 185                 190

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
        195                 200                 205

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
    210                 215                 220

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
225                 230                 235                 240

Phe
```

<210> 672
<211> 726
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 672

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc       60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct      120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt      180

gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa      240

tttgaagaag cctacattcc taaagagcag aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact      300

tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag      360

tccaatctgg aactactccg catttctctg cttctgattc agagctggct agaaccagtg      420

caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta      480

tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat      540

ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag cagacttact ctaaatttga tactaacagc      600

cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg      660

gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt      720
```

ttctaa 726

<210> 673
<211> 336
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 673
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
145 150 155 160

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
165 170 175

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
180 185 190

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn

195 200 205

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
210 215 220

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
225 230 235 240

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
245 250 255

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
260 265 270

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
275 280 285

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
290 295 300

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
305 310 315 320

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
325 330 335

<210> 674
<211> 1011
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 674
ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa accccaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tctggctctg aaaccccagg tagcccggca 120

ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca 180

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta gcgaacctgc tacctccggc 240

tctgaaactc caggtagcga accggctact tccggttctg aaactccagg tacctctacc 300

gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact tctgaaagcg caacccctga atccggtcca 360

ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag actccaggta cttctaccga accgtccgaa 420

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 480

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 540

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 600

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 660

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 720

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 780

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 840

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 900

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 960

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta a 1011

<210> 675
<211> 480
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 675
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                165                 170                 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        195                 200                 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    210                 215                 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
                245                 250                 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
    290                 295                 300

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
305                 310                 315                 320

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
                325                 330                 335

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
            340                 345                 350

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
        355                 360                 365

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
    370                 375                 380

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
385                 390                 395                 400
```

```
Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
                405                 410                 415

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

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
        435                 440                 445

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
    450                 455                 460

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
465                 470                 475                 480
```

<210> 676
<211> 1443
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 676

```
ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc       60

tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca accccggaat ctggtccagg tagcgaacct      120

gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg ctactcctga atctggccca      180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc      240

tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg      300

gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca      360

ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact      420

tctactgaag aaggtacttc taccgaacct tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa      480

agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca      540

ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt      600

tctgaaaccc caggtagcga accggctacc tccggttctg aaactccagg tagcccagca      660

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca      720

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc      780

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact      840

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtttt ccgactattc cgctgtctcg tctgtttgat      900

aatgctatgc tgcgtgcgca ccgtctgcac cagctggcct ttgatactta ccaggaattt      960
```

gaagaagcct acattcctaa agagcagaag tactctttcc tgcaaaaccc acagacttct 1020

ctctgcttca gcgaatctat tccgacgcct tccaatcgcg aggaaactca gcaaaagtcc 1080

aatctggaac tactccgcat ttctctgctt ctgattcaga gctggctaga accagtgcaa 1140

tttctgcgtt ccgtcttcgc caatagccta gtttatggcg catccgacag caacgtatac 1200

gatctcctga aagatctcga ggaaggcatt cagaccctga tgggtcgtct cgaggatggc 1260

tctccgcgta ctggtcagat cttcaagcag acttactcta aatttgatac taacagccac 1320

aatgacgatg cgcttctaaa aaactatggt ctgctgtatt gttttcgtaa agatatggac 1380

aaagttgaaa ccttcctgcg tattgttcag tgtcgttccg ttgagggcag ctgtggtttc 1440

taa 1443

<210> 677
<211> 336
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 677

```
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro
1               5                  10                  15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
            20                  25                  30

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
65                  70                  75                  80

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
            100                 105                 110

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
    130                 135                 140
```

```
Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
145                 150                 155                 160

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                165                 170                 175

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            180                 185                 190

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        195                 200                 205

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    210                 215                 220

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
225                 230                 235                 240

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                245                 250                 255

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            260                 265                 270

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
        275                 280                 285

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
    290                 295                 300

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
305                 310                 315                 320

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
                325                 330                 335
```

<210> 678
<211> 1011
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 678
ggtacttcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ctgctccagg ttctaccagc 120

tctaccgctg aatctcctgg cccaggttct accagcgaat ccccgtctgg caccgcacca 180

ggttctacta gctctaccgc agaatctccg ggtccaggta cttcccctag cggtgaatct 240

tctactgctc caggtacctc tactccggaa agcggctccg catctccagg ttctactagc 300

tctactgctg aatctcctgg tccaggtacc tcccctagcg gcgaatcttc tactgctcca 360

ggtacctctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta cctcccctag cggtgaatct 420

tctaccgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 480

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 540

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 600

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 660

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 720

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 780

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 840

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 900

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 960

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta a 1011

<210> 679
<211> 768
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 679
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
50 55 60

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

```
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
            100                 105                 110

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        115                 120                 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
145                 150                 155                 160

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
                165                 170                 175

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        275                 280                 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                325                 330                 335
```

```
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
            340                 345                 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        355                 360                 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
385                 390                 395                 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                405                 410                 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
        435                 440                 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
    450                 455                 460

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            500                 505                 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
    530                 535                 540

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
545                 550                 555                 560

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590
```

```
Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
        675                 680                 685

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Asp Asn Ala Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765
```

<210> 680
<211> 2307
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 680

```
ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggt ggtccaggtt cctctgaaag cggttcttct       60

gagggtggtc caggtgaatc tccgggtggc tccagcggtt ccgagtcagg ttctggtggc      120

gaaccttccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gttctagcgg ttccgagtca      180

ggtgaatctc cgggtggttc agcggttct gagtcaggtt cctccgaaag cggttcttct      240
```

gagggcggtc caggttcctc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttctgaa 300

agcggttctt ccgagggcgg tccaggtgaa tctcctggtg gttccagcgg ttccgagtca 360

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gagtcaggtg aatctcctgg tggttctagc 420

ggttctgaat caggttcctc cgaaagcggt tcttctgagg gcggtccagg ttcctccgaa 480

agcggttctt ccgagggcgg tccaggttct tctgaaagcg gttcttccga gggcggtcca 540

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttcc 600

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttctgaag gcggtccagg ttctggtggc 660

gaaccgtccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gctctagcgg ttccgagtca 720

ggtgaatctc ctggtggttc cagcggttcc gagtcaggtt ccggtggcga accgtccgaa 780

tctggtagct caggtagcga aggttcttct ggtccaggcg aatcttcagg ttcctctgaa 840

agcggttctt ctgagggcgg tccaggttcc ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 900

ggtagcgaag gttcttctgg tccaggcgaa tcttcaggtt cctctgaaag cggttcttct 960

gagggcggtc caggttccgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg tgaatctccg 1020

ggtggttcta gcggttctga gtcaggttct ggtggtgaac cttccgagtc tggtagctca 1080

ggttctggtg gcgaaccatc cgagtctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttcc 1140

gaaggcggtc caggttctgg tggtgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttctggtggc 1200

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 1260

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggta gcgaaggttc ttccggtcca 1320

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcctcagg ttccggtggc 1380

gaaccatctg aatctggtag ctcaggttcc tctgaaagcg gttcttccga aggtggtcca 1440

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggt ggtccaggtg aatctccggg tggctccagc 1500

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacca tccgaatctg gtagctcagg tagcgaaggt 1560

tcttctggtc ctggcgaatc ttcaggtgaa tctccaggtg gctctagcgg ttccgaatca 1620

ggtagcgaag gttcttccgg tcctggtgag tcttcaggtg aatctccagg tggctctagc 1680

ggttccgagt caggtagcga aggttcttct ggtcctggcg agtcctcagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaa 2307

<210> 681
<211> 768
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 681
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

```
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430
```

```
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
        675                 680                 685
```

```
Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765
```

<210> 682
<211> 2307
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 682

```
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct       60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg tagcccagca      120

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca      180

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg      240

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg      300

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccggcaggct ctccgacctc tactgaggaa      360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta cctctaccga accgtctgag      420

ggcagcgcac caggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca      480

ggttctccta cctccaccga ggaaggtact tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca      540

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg      600

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa      660

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca      720

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accgtctgaa      780

ggtagcgcac caggtacttc tgaaagcgca accccggaat ccggcccagg tacctctgaa      840

agcgcaaccc cggagtccgg cccaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa      900

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt      960
```

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggagt ctggcccagg tacctctact 1020

gaaccgtctg agggtagcgc tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 1080

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 1140

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 1200

gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 1320

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 1380

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 1440

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 1500

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 1560

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 1620

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 1680

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaa 2307

<210> 683
<211> 768
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 683
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

```
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            100                 105                 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                165                 170                 175

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
```

```
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    290                 295                 300

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
        435                 440                 445

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
    450                 455                 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
                485                 490                 495

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
            500                 505                 510

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        515                 520                 525
```

```
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
545                 550                 555                 560

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
        675                 680                 685

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765
```

<210> 684
<211> 2307
<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 684
ggttctacta gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagcgaatcc ccttctggta ccgctccagg ttctactagc 120

tctaccgctg aatctccggg tccaggttct accagctcta ctgcagaatc tcctggccca 180

ggtacttcta ctccggaaag cggttccgct tctccaggtt ctaccagcga atctccttct 240

ggcaccgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ccgctccagg ttctactagc 300

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccttctgg caccgctcca 360

ggtacctctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggtt ctactagcga atctccttct 420

ggcactgcac caggttctac cagcgaatct ccttctggca ccgctccagg tacctctcct 480

agcggcgaat cttctaccgc tccaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 540

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctaccagcga atctccgtct 600

ggcactgcac caggtacctc tacccctgaa agcggttccg cttctccagg ttctactagc 660

gaatctcctt ctggtaccgc tccaggtact tctacccctg aaagcggctc cgcttctcca 720

ggttccacta gctctaccgc tgaatctccg ggtccaggtt ctactagctc tactgcagaa 780

tctcctggcc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg tacttctacc 840

cctgaaagcg gttctgcatc tccaggttct actagcgaat ccccgtctgg taccgcacca 900

ggtacttcta ccccggaaag cggctctgct tctccaggta cttctacccc ggaaagcggc 960

tccgcatctc caggttctac tagcgaatct ccttctggta ccgctccagg ttctaccagc 1020

gaatccccgt ctggtactgc tccaggttct accagcgaat ctccttctgg tactgcacca 1080

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 1140

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctccagg ttctactagc 1200

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 1260

ggtacctcta cccctgaaag cggttccgct tctccaggtt ctactagcga atctccttct 1320

ggcactgcac caggttctac cagcgaatct ccgtctggca ctgcaccagg tacctctacc 1380

cctgaaagcg gttccgcttc tccaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgcacca 1440

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggta cttctccgag cggtgaatct 1500

tctactgctc caggttccac tagctctact gctgaatctc ctggcccagg tacttctact 1560

ccggaaagcg gttccgcttc tccaggttct actagcgaat ctccgtctgg caccgcacca 1620

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 1680

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctccagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaa 2307

<210> 685
<211> 817
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 685
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
```

```
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620
```

```
Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815

Phe
```

<210> 686
<211> 2454
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 686
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaa 2454

<210> 687
<211> 1028
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 687

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
35 40 45

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
50 55 60

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
100 105 110

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
115 120 125

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
130 135 140

```
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
                165                 170                 175

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
        195                 200                 205

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
            260                 265                 270

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
    290                 295                 300

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
                325                 330                 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
```

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
405 410 415

Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
420 425 430

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly
435 440 445

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
450 455 460

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465 470 475 480

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
485 490 495

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
500 505 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
515 520 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
530 535 540

Ser Ser Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
545 550 555 560

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
565 570 575

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
580 585 590

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
595 600 605

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
610 615 620

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
625 630 635 640

```
Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                645                 650                 655

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
            660                 665                 670

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
        675                 680                 685

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    690                 695                 700

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
705                 710                 715                 720

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            740                 745                 750

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
        755                 760                 765

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    770                 775                 780

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
785                 790                 795                 800

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Gly Ser Ser Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp
        835                 840                 845

Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr
    850                 855                 860

Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser
865                 870                 875                 880

Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro
                885                 890                 895
```

```
Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu
            900                 905                 910

Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln
        915                 920                 925

Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp
    930                 935                 940

Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr
945                 950                 955                 960

Leu Met Gly Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe
                965                 970                 975

Lys Gln Thr Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala
            980                 985                 990

Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu Leu  Tyr Cys Phe Arg Lys  Asp Met Asp
        995                 1000                1005

Lys Val  Glu Thr Phe Leu Arg  Ile Val Gln Cys Arg  Ser Val Glu
    1010                1015                1020

Gly Ser  Cys Gly Phe
    1025
```

<210> 688
<211> 3087
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 688

```
ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggt ggtccaggtt cctctgaaag cggttcttct       60

gagggtggtc caggtgaatc tccgggtggc tccagcggtt ccgagtcagg ttctggtggc      120

gaaccttccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gttctagcgg ttccgagtca      180

ggtgaatctc cgggtggttc agcggttct gagtcaggtt cctccgaaag cggttcttct       240

gagggcggtc caggttcctc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttctgaa      300

agcggttctt ccgagggcgg tccaggtgaa tctcctggtg gttccagcgg ttccgagtca      360

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gagtcaggtg aatctcctgg tggttctagc      420

ggttctgaat caggttcctc cgaaagcggt tcttctgagg gcggtccagg ttcctccgaa      480
```

agcggttctt ccgagggcgg tccaggttct tctgaaagcg gttcttccga gggcggtcca 540

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttcc 600

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttctgaag gcggtccagg ttctggtggc 660

gaaccgtccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gctctagcgg ttccgagtca 720

ggtgaatctc ctggtggttc agcggttcc gagtcaggtt ccggtggcga accgtccgaa 780

tctggtagct caggtagcga aggttcttct ggtccaggcg aatcttcagg ttcctctgaa 840

agcggttctt ctgagggcgg tccaggttcc ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 900

ggtagcgaag gttcttctgg tccaggcgaa tcttcaggtt cctctgaaag cggttcttct 960

gagggcggtc caggttccgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg tgaatctccg 1020

ggtggttcta gcggttctga gtcaggttct ggtggtgaac cttccgagtc tggtagctca 1080

ggttctggtg gcgaaccatc cgagtctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttcc 1140

gaaggcggtc caggttctgg tggtgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttctggtggc 1200

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 1260

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggta gcgaaggttc ttccggtcca 1320

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcctcagg ttccggtggc 1380

gaaccatctg aatctggtag ctcaggttcc tctgaaagcg gttcttccga aggtggtcca 1440

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggt ggtccaggtg aatctccggg tggctccagc 1500

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacca tccgaatctg gtagctcagg tagcgaaggt 1560

tcttctggtc ctggcgaatc ttcaggtgaa tctccaggtg gctctagcgg ttccgaatca 1620

ggtagcgaag gttcttccgg tccaggttcc tctgaaagcg gttcttctga gggcggtcca 1680

ggttctggtg gcgaaccatc tgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttccggtccg 1740

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttcc ggtccaggtg aatcttcagg tagcgaaggt 1800

tcttctggtc ctggtgaatc ctcaggttcc ggtggcgaac catctgaatc tggtagctca 1860

ggttctggtg gcgaaccatc cgaatctggt agctcaggtg aatctccggg tggctccagc 1920

ggttctgaat caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ctgagtcagg ttctggtggc 1980

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 2040

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggtt cctctgaaag cggttcttct 2100

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttccgaa 2160

agcggttctt ctgaaggcgg tccaggttct ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 2220

ggttcctccg aaagcggttc ttctgaaggt ggtccaggtg aatctccagg tggttctagc 2280

ggttctgaat caggttctgg tggcgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttcctccgaa 2340

agcggttctt ctgaaggtgg tccaggtgaa tctccaggtg gttctagcgg ttctgaatca 2400

ggttctggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtg aatctcctgg tggttccagc 2460

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg ttttccgact 2520

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 2580

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 2640

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 2700

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 2760

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2820

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2880

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2940

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 3000

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 3060

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaa 3087

<210> 689
<211> 1056
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 689

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

```
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365
```

```
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
            580                 585                 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        595                 600                 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
```

```
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                645                 650                 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    690                 695                 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785                 790                 795                 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
            820                 825                 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        835                 840                 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    850                 855                 860
```

```
Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
865                 870                 875                 880

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                885                 890                 895

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            900                 905                 910

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        915                 920                 925

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    930                 935                 940

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
945                 950                 955                 960

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                965                 970                 975

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            980                 985                 990

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
        995                 1000                1005

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1010                1015                1020

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1025                1030                1035

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1040                1045                1050

Cys Gly  Phe
    1055
```

<210> 690
<211> 3171
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 690
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg tagcccagca 120

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 180

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 240

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg 300

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccggcaggct ctccgacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta cctctaccga accgtctgag 420

ggcagcgcac caggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca 480

ggttctccta cctccaccga ggaaggtact tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 540

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 600

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 660

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 720

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accgtctgaa 780

ggtagcgcac caggtacttc tgaaagcgca accccggaat ccggcccagg tacctctgaa 840

agcgcaaccc cggagtccgg cccaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 900

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 960

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggagt ctggcccagg tacctctact 1020

gaaccgtctg agggtagcgc tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 1080

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 1140

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 1200

gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 1320

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 1380

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 1440

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 1500

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 1560

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 1620

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 1680

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg tacctctgaa 1740

agcgcaactc ctgagtctgg cccaggtagc gaacctgcta cctccggctc tgagactcca 1800

ggtacctctg aaagcgcaac cccggaatct ggtccaggta gcgaacctgc aacctctggc 1860

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact 1920

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 1980

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 2040

tctgaaaccc caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 2100

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 2160

ggtacttcta ccgaaccttc cgagggcagc gcaccaggta cttctgaaag cgctacccct 2220

gagtccggcc caggtacttc tgaaagcgct actcctgaat ccggtccagg tacttctgaa 2280

agcgctaccc cggaatctgg cccaggtagc gaaccggcta cttctggttc tgaaacccca 2340

ggtagcgaac cggctacctc cggttctgaa actccaggta gcccagcagg ctctccgact 2400

tccactgagg aaggtacttc tactgaacct tccgaaggca gcgcaccagg tacctctact 2460

gaaccttctg agggcagcgc tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 2520

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 2580

ggcagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2640

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2700

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2760

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 2820

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 2880

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 2940

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3000

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3060

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3120

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta a 3171

<210> 691
<211> 1067
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
полипептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (430)..(432)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (443)..(446)
<223> Любая аминокислота

<400> 691

```
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1               5                  10                  15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            20                  25                  30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            100                 105                 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
                165                 170                 175

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255
```

```
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    290                 295                 300

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
        435                 440                 445

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    450                 455                 460

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
```

```
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro
625                 630                 635                 640

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser
                645                 650                 655

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser
        675                 680                 685

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    690                 695                 700

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser
                725                 730                 735

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750
```

```
Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    770                 775                 780

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser
            820                 825                 830

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
        835                 840                 845

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Phe Pro Thr Ile
865                 870                 875                 880

Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu
                885                 890                 895

His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile
            900                 905                 910

Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu
        915                 920                 925

Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln
    930                 935                 940

Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln
945                 950                 955                 960

Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser
                965                 970                 975

Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp
            980                 985                 990

Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu  Met Gly Arg Leu Glu  Asp Gly Ser
        995                 1000                1005
```

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

Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
1025 1030 1035

Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe Leu
1040 1045 1050

Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
1055 1060 1065

<210> 692
<211> 3204
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1287)..(1298)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1330)..(1337)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<400> 692
ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 60

tctaccgctc caggttctac tagcgaatct ccttctggca ctgcaccagg ttctactagc 120

gaatccccgt ctggtactgc tccaggtact tctactcctg aaagcggttc cgcttctcca 180

ggtacctcta ctccggaaag cggttctgca tctccaggtt ctaccagcga atctccttct 240

ggcaccgctc caggttctac tagcgaatcc ccgtctggta ccgcaccagg tacttctcct 300

agcggcgaat cttctaccgc accaggttct actagcgaat ctccgtctgg cactgctcca 360

ggtacttctc ctagcggtga atcttctacc gctccaggta cttcccctag cggcgaatct 420

tctaccgctc caggttctac tagctctact gcagaatctc cgggcccagg tacctctcct 480

agcggtgaat cttctaccgc tccaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgctcca 540

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 600

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctccagg ttctactagc 660

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 720

ggtacctcta cccctgaaag cggttccgct tctccaggtt ctaccagctc taccgcagaa 780

tctcctggtc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg ttctactagc 840

gaatctcctt ctggcactgc accaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgcacca 900

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggta cttctccgag cggtgaatct 960

tctactgctc caggtacctc tactcctgaa agcggttctg catctccagg ttccactagc 1020

tctaccgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgctgaatc tcctggccca 1080

ggttctacta gctctactgc tgaatctccg ggtccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 1140

tctcctggtc caggtacctc cccgagcggt gaatcttcta ctgcaccagg ttctactagc 1200

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 1260

ggtacctcta cccctgaaag cggtccnnnn nnnnnnnntg caagcgcaag cggcgcgcca 1320

agcacgggan nnnnnnntag cgaatctcct tctggtaccg ctccaggttc taccagcgaa 1380

tccccgtctg gtactgctcc aggttctacc agcgaatctc cttctggtac tgcaccaggt 1440

tctactagcg aatctccttc tggtaccgct ccaggttcta ccagcgaatc cccgtctggt 1500

actgctccag gttctaccag cgaatctcct tctggtactg caccaggtac ttctactccg 1560

gaaagcggtt ccgcatctcc aggtacttct cctagcggtg aatcttctac tgctccaggt 1620

acctctccta gcggcgaatc ttctactgct ccaggttcta ccagctctac tgctgaatct 1680

ccgggtccag gtacttcccc gagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ttctactccg 1740

gaaagcggtt ccgcttctcc aggttctacc agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt 1800

tctactagcg aatccccgtc tggtaccgca ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgcaccag gttctactag cgaatccccg tctggtaccg caccaggtac ttctaccccg 1920

gaaagcggct ctgcttctcc aggtacttct accccggaaa gcggctccgc atctccaggt 1980

tctactagcg aatctccttc tggtaccgct ccaggtactt ctacccctga aagcggctcc 2040

gcttctccag gttccactag ctctaccgct gaatctccgg gtccaggttc taccagcgaa 2100

tctccttctg gcaccgctcc aggttctact agcgaatccc cgtctggtac cgcaccaggt 2160

acttctccta gcggcgaatc ttctaccgca ccaggttcta ccagctctac tgctgaatct 2220

ccgggtccag gtacttcccc gagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ttctactccg 2280

gaaagcggtt ccgcttctcc aggtacctcc cctagcggcg aatcttctac tgctccaggt 2340

acctctccta gcggcgaatc ttctaccgct ccaggtacct cccctagcgg tgaatcttct 2400

accgcaccag gttctactag ctctactgct gaatctccgg gtccaggttc taccagctct 2460

actgctgaat ctcctggtcc aggtacctcc ccgagcggtg aatcttctac tgcaccaggt 2520

tctagccctt ctgcttccac cggtaccggc ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaact 2580

ggctctccag gtagctctac tccgtctggt gcaaccggct ccccaggttt tccgactatt 2640

ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc 2700

tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc tacattccta aagagcagaa gtactctttc 2760

ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc 2820

gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa ctactccgca tttctctgct tctgattcag 2880

agctggctag aaccagtgca atttctgcgt tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc 2940

gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg 3000

atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt actggtcaga tcttcaagca gacttactct 3060

aaatttgata ctaacagcca caatgacgat gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat 3120

tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc 3180

gttgagggca gctgtggttt ctaa 3204

<210> 693
<211> 1056
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 693

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

```
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                165                 170                 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
        195                 200                 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            260                 265                 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305                 310                 315                 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
            340                 345                 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        355                 360                 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    370                 375                 380
```

```
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                405                 410                 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        435                 440                 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    450                 455                 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    530                 535                 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
545                 550                 555                 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            580                 585                 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
        595                 600                 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
625                 630                 635                 640
```

```
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                645                 650                 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
        675                 680                 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
    690                 695                 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
705                 710                 715                 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
                725                 730                 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
    770                 775                 780

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            820                 825                 830

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
        835                 840                 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
865                 870                 875                 880

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
```

885 890 895

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
900 905 910

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
915 920 925

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
930 935 940

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
945 950 955 960

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
965 970 975

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
980 985 990

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
995 1000 1005

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
1010 1015 1020

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val
1025 1030 1035

Glu Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser
1040 1045 1050

Cys Gly Phe
1055

<210> 694
<211> 3171
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 694
ggtgcttccc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctact 60

ggtactggtc caggttctag cccttctgct tccactggta ctggtccagg taccccgggt 120

agcggtaccg cttcttcttc tccaggtagc tctactccgt ctggtgctac cggctctcca 180

ggttctaacc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtg cttctccggg caccagctct 240

actggttctc caggtacccc gggcagcggt accgcatctt cttctccagg tagctctact 300

ccttctggtg caactggttc tccaggtact cctggcagcg gtaccgcttc ttcttctcca 360

ggtgcttctc ctggtactag ctctactggt tctccaggtg cttctccggg cactagctct 420

actggttctc caggtacccc gggtagcggt actgcttctt cctctccagg tagctctacc 480

ccttctggtg caaccggctc tccaggtgct tctccgggca ccagctctac cggttctcca 540

ggtaccccgg gtagcggtac cgcttcttct tctccaggta gctctactcc gtctggtgct 600

accggctctc caggttctaa cccttctgca tccaccggta ccggcccagg ttctagccct 660

tctgcttcca ccggtactgg cccaggtagc tctacccctt ctggtgctac cggctcccca 720

ggtagctcta ctccttctgg tgcaactggc tctccaggtg catctccggg cactagctct 780

actggttctc caggtgcatc ccctggcact agctctactg gttctccagg tgcttctcct 840

ggtaccagct ctactggttc tccaggtact cctggcagcg gtaccgcttc ttcttctcca 900

ggtgcttctc ctggtactag ctctactggt tctccaggtg cttctccggg cactagctct 960

actggttctc caggtgcttc cccgggcact agctctaccg gttctccagg ttctagccct 1020

tctgcatcta ctggtactgg cccaggtact ccgggcagcg gtactgcttc ttcctctcca 1080

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 1140

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctccagg tagctctact 1200

ccgtctggtg caaccggttc cccaggtagc tctactcctt ctggtgctac tggctcccca 1260

ggtgcatccc ctggcaccag ctctaccggt tctccaggta ccccgggcag cggtaccgca 1320

tcttcctctc caggtagctc taccccgtct ggtgctaccg gttccccagg tagctctacc 1380

ccgtctggtg caaccggctc cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctcccca 1440

ggttctagcc cgtctgcttc cactggtact ggcccaggtg cttccccggg caccagctct 1500

actggttctc caggtgcatc cccgggtacc agctctaccg gttctccagg tactcctggc 1560

agcggtactg catcttcctc tccaggtgct tctccgggca ccagctctac tggttctcca 1620

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 1680

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctccagg taccctggt 1740

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctactccgt ctggtgctac cggttctcca 1800

ggtaccccgg gtagcggtac cgcatcttct tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 1860

actggttctc caggtactcc gggcagcggt actgcttctt cctctccagg tagctctacc 1920

ccttctggtg ctactggctc tccaggtagc tctaccccgt ctggtgctac tggctcccca 1980

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggtccaggtt ctagcccgtc tgcatctact 2040

ggtactggtc caggtgcatc cccgggcact agctctaccg gttctccagg tactcctggt 2100

agcggtactg cttcttcttc tccaggtagc tctactcctt ctggtgctac tggttctcca 2160

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 2220

ggtactggtc caggtgcttc tccgggtact agctctactg gttctccagg tgcatctcct 2280

ggtactagct ctactggttc tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctctcca 2340

ggttctagcc cttctgcatc taccggtact ggtccaggtg catcccctgg taccagctct 2400

accggttctc caggttctag cccttctgct tctaccggta ccggtccagg taccctggc 2460

agcggtaccg catcttcctc tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 2520

ggtagctcta ctccttctgg tgctactggc tccccaggtg catcccctgg caccagctct 2580

accggttctc caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2640

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2700

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2760

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 2820

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 2880

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 2940

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3000

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3060

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3120

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta a 3171

<210> 695
<211> 1067
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 695
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
50 55 60

```
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320
```

```
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser
        435                 440                 445

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
    450                 455                 460

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
545                 550                 555                 560

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
```

```
                565                 570                 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser
            580                 585                 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
        595                 600                 605

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
625                 630                 635                 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                645                 650                 655

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro
                725                 730                 735

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            740                 745                 750

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
    770                 775                 780

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
785                 790                 795                 800

Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
                805                 810                 815
```

```
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
            820                 825                 830

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
        835                 840                 845

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
    850                 855                 860

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr Ile
865                 870                 875                 880

Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu
                885                 890                 895

His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile
            900                 905                 910

Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu
        915                 920                 925

Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln
    930                 935                 940

Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln
945                 950                 955                 960

Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser
                965                 970                 975

Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp
            980                 985                 990

Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu  Met Gly Arg Leu Glu  Asp Gly Ser
        995                 1000                1005

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

Thr Asn  Ser His Asn Asp Asp  Ala Leu Leu Lys Asn  Tyr Gly Leu
    1025                1030                1035

Leu Tyr  Cys Phe Arg Lys Asp  Met Asp Lys Val Glu  Thr Phe Leu
    1040                1045                1050

Arg Ile  Val Gln Cys Arg Ser  Val Glu Gly Ser Cys  Gly Phe
    1055                1060                1065
```

<210> 696
<211> 3204
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 696
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaagg ttctaccagc 120

tctaccgcag aatctcctgg tccaggtacc tctactccgg aaagcggctc tgcatctcca 180

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggttccg cttctccagg tacctctact 300

ccggaaagcg gttctgcatc tccaggtagc gaaccggcaa cctccggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatcc ggcccaggta gcccggcagg ttctccgact 420

tccactgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc cggagtccgg tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 540

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 600

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tacttctacc 660

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 720

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cctctactga accttccgaa 780

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 840

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 900

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 960

tccaccgagg aaggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttctccagg tactccgggc 1020

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctacccctt ctggtgctac tggctctcca 1080

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 1140

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tagccctgct 1200

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtg caagcgcaag cggcgcgcca 1320

agcacgggag gtacttctga aagcgctact cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc 1380

tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg gctggctctc caacttctac tgaagaaggt 1440

tctaccagct ctaccgctga atctcctggc ccaggttcta ctagcgaatc tccgtctggc 1500

accgcaccag gtacttcccc tagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ccctggcagc 1560

ggtaccgctt cttcctctcc aggtagctct accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt 1620

tctagcccgt ctgcatctac cggtaccggc ccaggtagcg aaccggcaac ctccggctct 1680

gaaactccag gtacttctga aagcgctact ccggaatccg gcccaggtag cgaaccggct 1740

acttccggct ctgaaacccc aggttccacc agctctactg cagaatctcc gggcccaggt 1800

tctactagct ctactgcaga atctccgggt ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgctccag gtagcgaacc ggcaacctct ggctctgaaa ctccaggtag cgaacctgca 1920

acctccggct ctgaaacccc aggtacttct actgaacctt ctgagggcag cgcaccaggt 1980

tctaccagct ctaccgcaga atctcctggt ccaggtacct ctactccgga aagcggctct 2040

gcatctccag gttctactag cgaatctcct tctggcactg caccaggtac ttctaccgaa 2100

ccgtccgaag gcagcgctcc aggtacctct actgaacctt ccgagggcag cgctccaggt 2160

acctctaccg aaccttctga aggtagcgca ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaacc 2220

ggctccccag gttctagccc gtctgcttcc actggtactg gcccaggtgc ttccccgggc 2280

accagctcta ctggttctcc aggtagcgaa cctgctacct ccggttctga aaccccaggt 2340

acctctgaaa gcgcaactcc ggagtctggt ccaggtagcc ctgcaggttc tcctacctcc 2400

actgaggaag gtagctctac tccgtctggt gcaaccggct ccccaggttc tagcccgtct 2460

gcttccactg gtactggccc aggtgcttcc ccgggcacca gctctactgg ttctccaggt 2520

acctctgaaa gcgctactcc ggagtctggc ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt 2580

agcgctccag gtacttctac tgaaccgtcc gaaggtagcg caccaggttt tccgactatt 2640

ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc 2700

tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc tacattccta aagagcagaa gtactctttc 2760

ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc 2820

gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa ctactccgca tttctctgct tctgattcag 2880

agctggctag aaccagtgca atttctgcgt tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc 2940

gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg 3000

atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt actggtcaga tcttcaagca gacttactct 3060

aaatttgata ctaacagcca caatgacgat gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat 3120

tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc 3180

gttgagggca gctgtggttt ctaa 3204

<210> 697
<211> 1105
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 697

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240
```

```
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
```

```
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990
```

```
Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe
    1100                1105
```

<210> 698
<211> 3318
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 698

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact       60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct      120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag      180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc      240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct      300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct      360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct      420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg      480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc      540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc      600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct      660
```

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaa 3318

<210> 699
<211> 1116
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 699
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
50 55 60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
85 90 95

```
Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605
```

```
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
```

```
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095
```

Glu Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser
1100 1105 1110

Cys Gly Phe
1115

<210> 700
<211> 3351
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 700
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta a 3351

<210> 701
<211> 1510
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 701

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                  10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190
```

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
        435                 440                 445
```

```
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
                485                 490                 495

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
            500                 505                 510

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
    530                 535                 540

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
625                 630                 635                 640

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
                645                 650                 655

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
        675                 680                 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700
```

```
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
                725                 730                 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
    770                 775                 780

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
785                 790                 795                 800

Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
            820                 825                 830

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
        835                 840                 845

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Ala Ser
865                 870                 875                 880

Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr
                885                 890                 895

Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr
            900                 905                 910

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
        915                 920                 925

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
    930                 935                 940

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
```

945 950 955 960

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
965 970 975

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
980 985 990

Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr
995 1000 1005

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
1010 1015 1020

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1025 1030 1035

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1040 1045 1050

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1055 1060 1065

Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
1070 1075 1080

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
1085 1090 1095

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1100 1105 1110

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1115 1120 1125

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1130 1135 1140

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1145 1150 1155

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1160 1165 1170

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1175 1180 1185

```
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro
    1190                 1195                 1200

Ser Gly  Ala Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Thr Ser Glu  Ser Pro Ser
    1205                 1210                 1215

Gly Thr  Ala Pro Gly Thr Ser  Pro Ser Gly Glu Ser  Ser Thr Ala
    1220                 1225                 1230

Pro Gly  Ser Thr Ser Ser Thr  Ala Glu Ser Pro Gly  Pro Gly Ser
    1235                 1240                 1245

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1250                 1255                 1260

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala
    1265                 1270                 1275

Ser Ser  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1280                 1285                 1290

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1295                 1300                 1305

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Phe  Pro Thr Ile
    1310                 1315                 1320

Pro Leu  Ser Arg Leu Phe Asp  Asn Ala Met Leu Arg  Ala His Arg
    1325                 1330                 1335

Leu His  Gln Leu Ala Phe Asp  Thr Tyr Gln Glu Phe  Glu Glu Ala
    1340                 1345                 1350

Tyr Ile  Pro Lys Glu Gln Lys  Tyr Ser Phe Leu Gln  Asn Pro Gln
    1355                 1360                 1365

Thr Ser  Leu Cys Phe Ser Glu  Ser Ile Pro Thr Pro  Ser Asn Arg
    1370                 1375                 1380

Glu Glu  Thr Gln Gln Lys Ser  Asn Leu Glu Leu Leu  Arg Ile Ser
    1385                 1390                 1395

Leu Leu  Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
    1400                 1405                 1410

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1415                 1420                 1425
```

Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu
1430 1435 1440

Met Gly Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe
1445 1450 1455

Lys Gln Thr Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp
1460 1465 1470

Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp
1475 1480 1485

Met Asp Lys Val Glu Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser
1490 1495 1500

Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
1505 1510

<210> 702
<211> 4533
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 702
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaagg ttctaccagc 120

tctaccgcag aatctcctgg tccaggtacc tctactccgg aaagcggctc tgcatctcca 180

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggttccg cttctccagg tacctctact 300

ccggaaagcg gttctgcatc tccaggtagc gaaccggcaa cctccggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatcc ggcccaggta gcccggcagg ttctccgact 420

tccactgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc cggagtccgg tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 540

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 600

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tacttctacc 660

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 720

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cctctactga accttccgaa 780

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 840

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 900

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 960

tccaccgagg aaggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttctccagg tactccgggc 1020

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctacccctt ctggtgctac tggctctcca 1080

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 1140

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tagccctgct 1200

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtc cagaaccaac ggggccggcc 1320

ccaagcggag gtagcgaacc ggcaacctcc ggctctgaaa ccccaggtac ctctgaaagc 1380

gctactcctg aatccggccc aggtagcccg gcaggttctc cgacttccac tgaggaaggt 1440

acttctgaaa gcgctactcc tgagtccggc ccaggtagcc cggctggctc tccgacttcc 1500

accgaggaag gtagcccggc tggctctcca acttctactg aagaaggtac ttctgaaagc 1560

gctactcctg agtccggccc aggtagcccg gctggctctc cgacttccac cgaggaaggt 1620

agcccggctg gctctccaac ttctactgaa gaaggttcta ccagctctac cgctgaatct 1680

cctggcccag gttctactag cgaatctccg tctggcaccg caccaggtac ttcccctagc 1740

ggtgaatctt ctactgcacc aggttctacc agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt 1800

tctactagcg aatccccgtc tggtaccgca ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgcaccag gtacttctac cgaaccttcc gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc 1920

gctacccctg agtccggccc aggtacttct gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt 1980

agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc ccaggtacct ctgaaagcgc tactccggaa 2040

tctggtccag gtacttctga aagcgctact ccggaatccg gtccaggtac ctctactgaa 2100

ccttctgagg gcagcgctcc aggtacttct gaaagcgcta ccccggagtc cggtccaggt 2160

acttctactg aaccgtccga aggtagcgca ccaggtacct cccctagcgg cgaatcttct 2220

actgctccag gtacctctcc tagcggcgaa tcttctaccg ctccaggtac ctcccctagc 2280

ggtgaatctt ctaccgcacc aggtacttct accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt 2340

agcccagcag gttctcctac ctccaccgag gaaggtactt ctaccgaacc gtccgagggt 2400

agcgcaccag gttctagccc ttctgcttcc accggtaccg gcccaggtag ctctactccg 2460

tctggtgcaa ctggctctcc aggtagctct actccgtctg gtgcaaccgg ctccccaggt 2520

agctctaccc cgtctggtgc taccggctct ccaggtagct ctaccccgtc tggtgcaacc 2580

ggctccccag gtgcatcccc gggtactagc tctaccggtt ctccaggtgc aagcgcaagc 2640

ggcgcgccaa gcacgggagg tacttctccg agcggtgaat cttctaccgc accaggttct 2700

actagctcta ccgctgaatc tccgggccca ggtacttctc cgagcggtga atcttctact 2760

gctccaggta cctctgaaag cgctactccg gagtctggcc caggtacctc tactgaaccg 2820

tctgagggta gcgctccagg tacttctact gaaccgtccg aaggtagcgc accaggttct 2880

agcccttctg catctactgg tactggccca ggtagctcta ctccttctgg tgctaccggc 2940

tctccaggtg cttctccggg tactagctct accggttctc caggtacttc tactccggaa 3000

agcggttccg catctccagg tacttctcct agcggtgaat cttctactgc tccaggtacc 3060

tctcctagcg gcgaatcttc tactgctcca ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc 3120

ggtccaggta gcgaaccggc tacttctggc tctgagactc caggtacttc taccgaaccg 3180

tccgaaggta gcgcaccagg ttctaccagc gaatcccctt ctggtactgc tccaggttct 3240

accagcgaat ccccttctgg caccgcacca ggtacttcta cccctgaaag cggctccgct 3300

tctccaggta gcccggcagg ctctccgacc tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgca 3360

accccggagt ccggcccagg tacctctacc gaaccgtctg agggcagcgc accaggtagc 3420

cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc 3480

ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt tctgaaaccc caggtagctc taccccgtct 3540

ggtgctaccg gttccccagg tgcttctcct ggtactagct ctaccggttc tccaggtagc 3600

tctaccccgt ctggtgctac tggctctcca ggttctacta gcgaatcccc gtctggtact 3660

gctccaggta cttcccctag cggtgaatct tctactgctc caggttctac cagctctacc 3720

gcagaatctc cgggtccagg tagctctacc ccttctggtg caaccggctc tccaggtgca 3780

tccccgggta ccagctctac cggttctcca ggtactccgg gtagcggtac cgcttcttcc 3840

tctccaggta gccctgctgg ctctccgact tctactgagg aaggtagccc ggctggttct 3900

ccgacttcta ctgaggaagg tacttctacc gaaccttccg aaggtagcgc tccaggtttt 3960

ccgactattc cgctgtctcg tctgtttgat aatgctatgc tgcgtgcgca ccgtctgcac 4020

cagctggcct ttgatactta ccaggaattt gaagaagcct acattcctaa agagcagaag 4080

tactctttcc tgcaaaaccc acagacttct ctctgcttca gcgaatctat tccgacgcct 4140

tccaatcgcg aggaaactca gcaaaagtcc aatctggaac tactccgcat ttctctgctt 4200

ctgattcaga gctggctaga accagtgcaa tttctgcgtt ccgtcttcgc caatagccta 4260

gtttatggcg catccgacag caacgtatac gatctcctga aagatctcga ggaaggcatt 4320

cagaccctga tgggtcgtct cgaggatggc tctccgcgta ctggtcagat cttcaagcag 4380

acttactcta aatttgatac taacagccac aatgacgatg cgcttctaaa aaactatggt 4440

ctgctgtatt gttttcgtaa agatatggac aaagttgaaa ccttcctgcg tattgttcag 4500

tgtcgttccg ttgagggcag ctgtggtttc taa 4533

<210> 703

<211> 336
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 703

```
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1               5                  10                  15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
        35                  40                  45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
    50                  55                  60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
                85                  90                  95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
            100                 105                 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        195                 200                 205

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
    210                 215                 220
```

```
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
                245                 250                 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                325                 330                 335
```

<210> 704
<211> 1011
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 704

```
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg       60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag      120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg      180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg      240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc      300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc      360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag      420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat      480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt      540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gtagcgaacc ggcaacttcc      600

ggctctgaaa ccccaggtac ttctgaaagc gctactcctg agtctggccc aggtagcgaa      660

cctgctacct ctggctctga aaccccaggt agcccggcag gctctccgac ttccaccgag      720
```

gaaggtacct ctactgaacc ttctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctct 780

ggctctgaaa ccccaggtag cgaacctgct acctccggct ctgaaactcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ccggttctga aactccaggt acctctaccg aaccttccga aggcagcgca 900

ccaggtactt ctgaaagcgc aacccctgaa tccggtccag gtagcgaacc ggctacttct 960

ggctctgaga ctccaggtac ttctaccgaa ccgtccgaag gtagcgcacc a 1011

<210> 705
<211> 480
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 705

Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
50 55 60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
85 90 95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
100 105 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
115 120 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
130 135 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145 150 155 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe

```
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        195                 200                 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            260                 265                 270

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
            340                 345                 350

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        355                 360                 365

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
385                 390                 395                 400

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415
```

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
465 470 475 480

<210> 706
<211> 1443
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 706
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gtacctctga aagcgcaact 600

cctgagtctg gcccaggtag cgaacctgct acctccggct ctgagactcc aggtacctct 660

gaaagcgcaa ccccggaatc tggtccaggt agcgaacctg caacctctgg ctctgaaacc 720

ccaggtacct ctgaaagcgc tactcctgaa tctggcccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gagggcagcg caccaggtag ccctgctggc tctccaacct ccaccgaaga aggtacctct 840

gaaagcgcaa cccctgaatc cggcccaggt agcgaaccgg caacctccgg ttctgaaacc 900

ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tccggcccag gtagcccggc tggctctccg 960

acttccaccg aggaaggtag cccggctggc tctccaactt ctactgaaga aggtacttct 1020

accgaacctt ccgagggcag cgcaccaggt acttctgaaa gcgctacccc tgagtccggc 1080

ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgaa tccggtccag gtacttctga aagcgctacc 1140

ccggaatctg gcccaggtag cgaaccggct acttctggtt ctgaaacccc aggtagcgaa 1200

ccggctacct ccggttctga aactccaggt agcccagcag gctctccgac ttccactgag 1260

gaaggtactt ctactgaacc ttccgaaggc agcgcaccag gtacctctac tgaaccttct 1320

gagggcagcg ctccaggtag cgaacctgca acctctggct ctgaaacccc aggtacctct 1380

gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt acttctactg aaccgtccga gggcagcgca 1440

cca 1443

<210> 707
<211> 336
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 707

Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
50 55 60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
85 90 95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
100 105 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
115 120 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
130 135 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145 150 155 160

```
Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro
        195                 200                 205

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
    210                 215                 220

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
            260                 265                 270

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
    290                 295                 300

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
                325                 330                 335
```

<210> 708
<211> 1011
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 708
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gtacttctac tccggaaagc 600

ggttccgcat ctccaggtac ttctcctagc ggtgaatctt ctactgctcc aggtacctct 660

cctagcggcg aatcttctac tgctccaggt tctaccagct ctaccgctga atctcctggc 720

ccaggttcta ccagcgaatc cccgtctggc accgcaccag gttctactag ctctaccgca 780

gaatctccgg gtccaggtac ttcccctagc ggtgaatctt ctactgctcc aggtacctct 840

actccggaaa gcggctccgc atctccaggt tctactagct ctactgctga atctcctggt 900

ccaggtacct cccctagcgg cgaatcttct actgctccag gtacctctcc tagcggcgaa 960

tcttctaccg ctccaggtac ctcccctagc ggtgaatctt ctaccgcacc a 1011

<210> 709
<211> 768
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 709
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
50 55 60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
85 90 95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
100 105 110

```
Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
                245                 250                 255

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
        275                 280                 285

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
            340                 345                 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
```

```
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    370                 375                 380

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                405                 410                 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
            420                 425                 430

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
        435                 440                 445

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
            500                 505                 510

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
    530                 535                 540

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
545                 550                 555                 560

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
                565                 570                 575

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
        595                 600                 605
```

```
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
625                 630                 635                 640

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
                645                 650                 655

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
705                 710                 715                 720

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
                725                 730                 735

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            740                 745                 750

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
        755                 760                 765
```

<210> 710
<211> 2307
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 710

```
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg       60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag      120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg      180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg      240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc      300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc      360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag      420
```

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gttcctctga aagcggttct 600

tccgaaggtg gtccaggttc ctctgaaagc ggttcttctg agggtggtcc aggtgaatct 660

ccgggtggct ccagcggttc cgagtcaggt tctggtggcg aaccttccga gtctggtagc 720

tcaggtgaat ctccgggtgg ttctagcggt tccgagtcag gtgaatctcc gggtggttcc 780

agcggttctg agtcaggttc ctccgaaagc ggttcttctg agggcggtcc aggttcctcc 840

gaaagcggtt cttccgaggg cggtccaggt tcttctgaaa gcggttcttc cgagggcggt 900

ccaggtgaat ctcctggtgg ttccagcggt tccgagtcag gtgaatctcc aggtggctct 960

agcggttccg agtcaggtga atctcctggt ggttctagcg gttctgaatc aggttcctcc 1020

gaaagcggtt cttctgaggg cggtccaggt tcctccgaaa gcggttcttc cgagggcggt 1080

ccaggttctt ctgaaagcgg ttcttccgag ggcggtccag gttcctctga aagcggttct 1140

tctgagggcg gtccaggttc ttccgaaagc ggttcttccg agggcggtcc aggttcttcc 1200

gaaagcggtt cttctgaagg cggtccaggt tctggtggcg aaccgtccga gtctggtagc 1260

tcaggtgaat ctccgggtgg ctctagcggt tccgagtcag gtgaatctcc tggtggttcc 1320

agcggttccg agtcaggttc cggtggcgaa ccgtccgaat ctggtagctc aggtagcgaa 1380

ggttcttctg gtccaggcga atcttcaggt tcctctgaaa gcggttcttc tgagggcggt 1440

ccaggttccg gtggcgaacc gtccgaatct ggtagctcag gtagcgaagg ttcttctggt 1500

ccaggcgaat cttcaggttc ctctgaaagc ggttcttctg agggcggtcc aggttccggt 1560

ggcgaacctt ccgaatctgg tagctcaggt gaatctccgg gtggttctag cggttctgag 1620

tcaggttctg gtggtgaacc ttccgagtct ggtagctcag gttctggtgg cgaaccatcc 1680

gagtctggta gctcaggttc ttccgaaagc ggttcttccg aaggcggtcc aggttctggt 1740

ggtgaaccgt ccgaatctgg tagctcaggt tctggtggcg aaccatccga atctggtagc 1800

tcaggtagcg aaggttcttc tggtcctggc gaatcttcag gtgaatctcc aggtggctct 1860

agcggttccg aatcaggtag cgaaggttct tccggtccag gtgaatcttc aggtagcgaa 1920

ggttcttctg gtcctggtga atcctcaggt tccggtggcg aaccatctga atctggtagc 1980

tcaggttcct ctgaaagcgg ttcttccgaa ggtggtccag gttcctctga aagcggttct 2040

tctgagggtg gtccaggtga atctccgggt ggctccagcg gttccgagtc aggttctggt 2100

ggcgaaccat ccgaatctgg tagctcaggt agcgaaggtt cttctggtcc tggcgaatct 2160

tcaggtgaat ctccaggtgg ctctagcggt tccgaatcag gtagcgaagg ttcttccggt 2220

cctggtgagt cttcaggtga atctccaggt ggctctagcg gttccgagtc aggtagcgaa 2280

ggttcttctg gtcctggcga gtcctca 2307

<210> 711
<211> 768
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 711

```
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1               5                  10                  15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
        35                  40                  45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
    50                  55                  60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
                85                  90                  95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
            100                 105                 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
        195                 200                 205
```

```
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
    290                 295                 300

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
305                 310                 315                 320

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
            340                 345                 350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                405                 410                 415

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
        435                 440                 445

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
```

```
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            500                 505                 510

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        515                 520                 525

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    530                 535                 540

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545                 550                 555                 560

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            580                 585                 590

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        595                 600                 605

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
625                 630                 635                 640

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                645                 650                 655

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
            660                 665                 670

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        675                 680                 685

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    690                 695                 700
```

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
725 730 735

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
755 760 765

<210> 712
<211> 2307
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 712
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gtagcccggc tggctctcct 600

acctctactg aggaaggtac ttctgaaagc gctactcctg agtctggtcc aggtacctct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgctccaggt agcccagcag gctctccgac ttccactgag 720

gaaggtactt ctactgaacc ttccgaaggc agcgcaccag gtacctctac tgaaccttct 780

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 900

ccaggtagcc cggcaggctc tccgacctct actgaggaag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggagtccg gcccaggtac ctctaccgaa ccgtctgagg gcagcgcacc aggtacttct 1020

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt agcccagcag gttctcctac ctccaccgag 1080

gaaggtactt ctaccgaacc gtccgagggt agcgcaccag gtacctctac tgaaccttct 1140

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctgaaa gcgcaacccc tgaatccggt 1260

ccaggtagcg aaccggctac ttctggctct gagactccag gtacttctac cgaaccgtcc 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctactgaa ccgtctgaag gtagcgcacc aggtacttct 1380

gaaagcgcaa ccccggaatc cggcccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 1440

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 1500

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacctct 1560

gaaagcgcta ctccggagtc tggcccaggt acctctactg aaccgtctga gggtagcgct 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgaaggt agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 1680

gaaggcagcg ctccaggtac ctctactgaa ccttccgagg gcagcgctcc aggtacctct 1740

accgaacctt ctgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1800

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 1860

gagggtagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtacttct 2100

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 2160

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtagcccggc aggctctccg 2220

acctctactg aggaaggtac ttctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtacctct 2280

accgaaccgt ctgagggcag cgcacca 2307

<210> 713
<211> 768
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 713
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

```
Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
    50                  55                  60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
                85                  90                  95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
            100                 105                 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
        195                 200                 205

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            260                 265                 270

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    290                 295                 300
```

```
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
            340                 345                 350

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
        355                 360                 365

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
        435                 440                 445

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
    450                 455                 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            500                 505                 510

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
```

545 550 555 560

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
565 570 575

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
580 585 590

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
595 600 605

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
610 615 620

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
625 630 635 640

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
645 650 655

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
660 665 670

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
675 680 685

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
690 695 700

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
705 710 715 720

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
725 730 735

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
740 745 750

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
755 760 765

<210> 714
<211> 2307
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 714
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gttctactag ctctaccgct 600

gaatctcctg gcccaggttc cactagctct accgcagaat ctccgggccc aggttctact 660

agcgaatccc cttctggtac cgctccaggt tctactagct ctaccgctga atctccgggt 720

ccaggttcta ccagctctac tgcagaatct cctggcccag gtacttctac tccggaaagc 780

ggttccgctt ctccaggttc taccagcgaa tctccttctg gcaccgctcc aggtacctct 840

cctagcggcg aatcttctac cgctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 900

ccaggttcta ccagcgaatc tccttctggc accgctccag gtacctctcc tagcggcgaa 960

tcttctaccg ctccaggttc tactagcgaa tctccttctg gcactgcacc aggttctacc 1020

agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt acctctccta gcggcgaatc ttctaccgct 1080

ccaggttcta ctagcgaatc tccttctggc actgcaccag gttctactag cgaatctcct 1140

tctggcactg caccaggttc taccagcgaa tctccgtctg gcactgcacc aggtacctct 1200

acccctgaaa gcggttccgc ttctccaggt tctactagcg aatctccttc tggtaccgct 1260

ccaggtactt ctacccctga aagcggctcc gcttctccag gttccactag ctctaccgct 1320

gaatctccgg gtccaggttc tactagctct actgcagaat ctcctggccc aggtacctct 1380

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt acttctaccc ctgaaagcgg ttctgcatct 1440

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt accgcaccag gtacttctac cccggaaagc 1500

ggctctgctt ctccaggtac ttctaccccg gaaagcggct ccgcatctcc aggttctact 1560

agcgaatctc cttctggtac cgctccaggt tctaccagcg aatccccgtc tggtactgct 1620

ccaggttcta ccagcgaatc tccttctggt actgcaccag gttctactag ctctactgca 1680

gaatctcctg gcccaggtac ctctactccg gaaagcggct ctgcatctcc aggtacttct 1740

acccctgaaa gcggttctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 1800

ccaggttcta ccagcgaatc tccgtctggc actgcaccag gtacctctac ccctgaaagc 1860

ggttccgctt ctccaggttc tactagcgaa tctccttctg gcactgcacc aggttctacc 1920

agcgaatctc cgtctggcac tgcaccaggt acctctaccc ctgaaagcgg ttccgcttct 1980

ccaggtactt ctccgagcgg tgaatcttct accgcaccag gttctactag ctctaccgct 2040

gaatctccgg gcccaggtac ttctccgagc ggtgaatctt ctactgctcc aggttccact 2100

agctctactg ctgaatctcc tggcccaggt acttctactc cggaaagcgg ttccgcttct 2160

ccaggttcta ctagcgaatc tccgtctggc accgcaccag gttctactag ctctactgca 2220

gaatctcctg gcccaggtac ctctactccg gaaagcggct ctgcatctcc aggtacttct 2280

acccctgaaa gcggttctgc atctcca 2307

<210> 715
<211> 817
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 715
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
50 55 60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
85 90 95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
100 105 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
115 120 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
130 135 140

```
Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
        195                 200                 205

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
    210                 215                 220

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        275                 280                 285

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
            340                 345                 350

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        355                 360                 365

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
385                 390                 395                 400
```

```
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    450                 455                 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
                485                 490                 495

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        515                 520                 525

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
545                 550                 555                 560

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                565                 570                 575

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            580                 585                 590

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
        595                 600                 605

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
625                 630                 635                 640

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
```

645 650 655

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
660 665 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
675 680 685

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
690 695 700

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
705 710 715 720

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
725 730 735

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
740 745 750

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
755 760 765

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
770 775 780

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785 790 795 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
805 810 815

Pro

<210> 716
<211> 2454
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 716
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggta tggctgaacc tgctggctct 600

ccaacctcca ctgaggaagg taccccgggt agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc 660

tctacccctt ctggtgcaac cggctctcca ggtgcttctc cgggcaccag ctctaccggt 720

tctccaggta gcccggctgg ctctcctacc tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgct 780

actcctgagt ctggtccagg tacctctact gaaccgtccg aaggtagcgc tccaggtagc 840

ccagcaggct ctccgacttc cactgaggaa ggtacttcta ctgaaccttc cgaaggcagc 900

gcaccaggta cctctactga accttctgag ggcagcgctc caggtacttc tgaaagcgct 960

accccggaat ctggcccagg tagcgaaccg gctacttctg gttctgaaac cccaggtagc 1020

gaaccggcta cctccggttc tgaaactcca ggtagcccgg caggctctcc gacctctact 1080

gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg 1140

tctgagggca gcgcaccagg tacttctacc gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc 1200

ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc 1260

gcaccaggta cctctactga accttctgag ggcagcgctc caggtacttc tgaaagcgct 1320

accccggagt ccggtccagg tacttctact gaaccgtccg aaggtagcgc accaggtact 1380

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 1440

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac caggtacttc tactgaaccg 1500

tctgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc cggaatccgg cccaggtacc 1560

tctgaaagcg caaccccgga gtccggccca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 1620

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 1680

tccggttctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc cggagtctgg cccaggtacc 1740

tctactgaac cgtctgaggg tagcgctcca ggtacttcta ctgaaccgtc cgaaggtagc 1800

gcaccaggta cttctaccga accgtccgaa ggcagcgctc caggtacctc tactgaacct 1860

tccgagggca gcgctccagg tacctctacc gaaccttctg aaggtagcgc accaggtact 1920

tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca ggtagcccag caggttctcc tacctccacc 1980

gaggaaggta cttctaccga accgtccgag ggtagcgcac caggtacctc tgaaagcgca 2040

actcctgagt ctggcccagg tagcgaacct gctacctccg gctctgagac tccaggtacc 2100

tctgaaagcg caaccccgga atctggtcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 2160

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 2220

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 2280

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 2340

gaagaaggta gcccggcagg ctctccgacc tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgca 2400

accccggagt ccggcccagg tacctctacc gaaccgtctg agggcagcgc acca 2454

<210> 717
<211> 1028
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 717

Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
50 55 60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
85 90 95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
100 105 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
115 120 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
130 135 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145 150 155 160

```
Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
        195                 200                 205

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
    210                 215                 220

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                325                 330                 335

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
            340                 345                 350

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        355                 360                 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
385                 390                 395                 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                405                 410                 415
```

```
Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
            420                 425                 430

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
        435                 440                 445

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
    450                 455                 460

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
                485                 490                 495

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            500                 505                 510

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
    530                 535                 540

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
545                 550                 555                 560

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
            580                 585                 590

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
        595                 600                 605

Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly
625                 630                 635                 640

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                645                 650                 655

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
```

660 665 670

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
675 680 685

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
690 695 700

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
705 710 715 720

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
725 730 735

Ser Ser Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
740 745 750

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
755 760 765

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
770 775 780

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
785 790 795 800

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
805 810 815

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
820 825 830

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
835 840 845

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
865 870 875 880

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
885 890 895

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
900 905 910

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
915 920 925

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
930 935 940

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
945 950 955 960

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
965 970 975

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
980 985 990

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
995 1000 1005

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser
1010 1015 1020

Glu Ser Gly Ser Ser
1025

<210> 718
<211> 3087
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 718
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gttcctctga aagcggttct 600

tccgaaggtg gtccaggttc ctctgaaagc ggttcttctg agggtggtcc aggtgaatct 660

ccgggtggct ccagcggttc cgagtcaggt tctggtggcg aaccttccga gtctggtagc 720

tcaggtgaat ctccgggtgg ttctagcggt tccgagtcag gtgaatctcc gggtggttcc 780

agcggttctg agtcaggttc ctccgaaagc ggttcttctg agggcggtcc aggttcctcc 840

gaaagcggtt cttccgaggg cggtccaggt tcttctgaaa gcggttcttc cgagggcggt 900

ccaggtgaat ctcctggtgg ttccagcggt tccgagtcag gtgaatctcc aggtggctct 960

agcggttccg agtcaggtga atctcctggt ggttctagcg gttctgaatc aggttcctcc 1020

gaaagcggtt cttctgaggg cggtccaggt tcctccgaaa gcggttcttc cgagggcggt 1080

ccaggttctt ctgaaagcgg ttcttccgag ggcggtccag gttcctctga aagcggttct 1140

tctgagggcg gtccaggttc ttccgaaagc ggttcttccg agggcggtcc aggttcttcc 1200

gaaagcggtt cttctgaagg cggtccaggt tctggtggcg aaccgtccga gtctggtagc 1260

tcaggtgaat ctccgggtgg ctctagcggt tccgagtcag gtgaatctcc tggtggttcc 1320

agcggttccg agtcaggttc cggtggcgaa ccgtccgaat ctggtagctc aggtagcgaa 1380

ggttcttctg gtccaggcga atcttcaggt tcctctgaaa gcggttcttc tgagggcggt 1440

ccaggttccg gtggcgaacc gtccgaatct ggtagctcag gtagcgaagg ttcttctggt 1500

ccaggcgaat cttcaggttc ctctgaaagc ggttcttctg agggcggtcc aggttccggt 1560

ggcgaacctt ccgaatctgg tagctcaggt gaatctccgg gtggttctag cggttctgag 1620

tcaggttctg gtggtgaacc ttccgagtct ggtagctcag gttctggtgg cgaaccatcc 1680

gagtctggta gctcaggttc ttccgaaagc ggttcttccg aaggcggtcc aggttctggt 1740

ggtgaaccgt ccgaatctgg tagctcaggt tctggtggcg aaccatccga atctggtagc 1800

tcaggtagcg aaggttcttc tggtcctggc gaatcttcag gtgaatctcc aggtggctct 1860

agcggttccg aatcaggtag cgaaggttct tccggtccag gtgaatcttc aggtagcgaa 1920

ggttcttctg gtcctggtga atcctcaggt tccggtggcg aaccatctga atctggtagc 1980

tcaggttcct ctgaaagcgg ttcttccgaa ggtggtccag gttcctctga aagcggttct 2040

tctgagggtg gtccaggtga atctccgggt ggctccagcg gttccgagtc aggttctggt 2100

ggcgaaccat ccgaatctgg tagctcaggt agcgaaggtt cttctggtcc tggcgaatct 2160

tcaggtgaat ctccaggtgg ctctagcggt tccgaatcag gtagcgaagg ttcttccggt 2220

ccaggttcct ctgaaagcgg ttcttctgag ggcggtccag gttctggtgg cgaaccatct 2280

gaatctggta gctcaggtag cgaaggttct tccggtccgg gtgaatcttc aggtagcgaa 2340

ggttcttccg gtccaggtga atcttcaggt agcgaaggtt cttctggtcc tggtgaatcc 2400

tcaggttccg gtggcgaacc atctgaatct ggtagctcag gttctggtgg cgaaccatcc 2460

gaatctggta gctcaggtga atctccgggt ggctccagcg gttctgaatc aggtgaatct 2520

cctggtggct ccagcggttc tgagtcaggt tctggtggcg aaccatccga atctggtagc 2580

tcaggtagcg aaggttcttc tggtcctggc gaatcttcag gtgaatctcc aggtggctct 2640

agcggttccg aatcaggttc ctctgaaagc ggttcttctg agggcggtcc aggttcttcc 2700

gaaagcggtt cttccgaggg cggtccaggt tcttccgaaa gcggttcttc tgaaggcggt 2760

ccaggttctg gtggcgaacc gtccgaatct ggtagctcag gttcctccga aagcggttct 2820

tctgaaggtg gtccaggtga atctccaggt ggttctagcg gttctgaatc aggttctggt 2880

ggcgaaccgt ccgaatctgg tagctcaggt tcctccgaaa gcggttcttc tgaaggtggt 2940

ccaggtgaat ctccaggtgg ttctagcggt tctgaatcag gttctggtgg cgaaccgtcc 3000

gaatctggta gctcaggtga atctcctggt ggttccagcg gttccgagtc aggttctggt 3060

ggcgaacctt ccgaatctgg tagctca 3087

<210> 719
<211> 1056
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 719

Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
50 55 60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
85 90 95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
100 105 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
115 120 125

```
Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
        195                 200                 205

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
    290                 295                 300

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
305                 310                 315                 320

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
            340                 345                 350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380
```

```
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                405                 410                 415

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
        435                 440                 445

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            500                 505                 510

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        515                 520                 525

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    530                 535                 540

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545                 550                 555                 560

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            580                 585                 590

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        595                 600                 605

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
625                 630                 635                 640
```

```
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                645                 650                 655

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
            660                 665                 670

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        675                 680                 685

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    690                 695                 700

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
                725                 730                 735

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
785                 790                 795                 800

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
            820                 825                 830

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
865                 870                 875                 880

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
```

885 890 895

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
900 905 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
915 920 925

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
930 935 940

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
945 950 955 960

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
965 970 975

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
980 985 990

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
995 1000 1005

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
1010 1015 1020

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1025 1030 1035

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1040 1045 1050

Ser Ala Pro
1055

<210> 720
<211> 3171
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 720
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gtagcccggc tggctctcct 600

acctctactg aggaaggtac ttctgaaagc gctactcctg agtctggtcc aggtacctct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgctccaggt agcccagcag gctctccgac ttccactgag 720

gaaggtactt ctactgaacc ttccgaaggc agcgcaccag gtacctctac tgaaccttct 780

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 900

ccaggtagcc cggcaggctc tccgacctct actgaggaag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggagtccg gcccaggtac ctctaccgaa ccgtctgagg gcagcgcacc aggtacttct 1020

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt agcccagcag gttctcctac ctccaccgag 1080

gaaggtactt ctaccgaacc gtccgagggt agcgcaccag gtacctctac tgaaccttct 1140

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctgaaa gcgcaacccc tgaatccggt 1260

ccaggtagcg aaccggctac ttctggctct gagactccag gtacttctac cgaaccgtcc 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctactgaa ccgtctgaag gtagcgcacc aggtacttct 1380

gaaagcgcaa ccccggaatc cggcccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 1440

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 1500

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacctct 1560

gaaagcgcta ctccggagtc tggcccaggt acctctactg aaccgtctga gggtagcgct 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgaaggt agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 1680

gaaggcagcg ctccaggtac ctctactgaa ccttccgagg gcagcgctcc aggtacctct 1740

accgaacctt ctgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1800

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 1860

gagggtagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtacttct 2100

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 2160

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtagcccggc aggctctccg 2220

acctctactg aggaaggtac ttctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtacctct 2280

accgaaccgt ctgagggcag cgcaccaggt acctctgaaa gcgcaactcc tgagtctggc 2340

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gagactccag gtacctctga aagcgcaacc 2400

ccggaatctg gtccaggtag cgaacctgca acctctggct ctgaaacccc aggtacctct 2460

gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt acttctactg aaccgtccga gggcagcgca 2520

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 2580

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacttct 2640

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 2700

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtacttctac cgaaccttcc 2760

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gctacccctg agtccggccc aggtacttct 2820

gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggaatctggc 2880

ccaggtagcg aaccggctac ttctggttct gaaaccccag gtagcgaacc ggctacctcc 2940

ggttctgaaa ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 3000

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 3060

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 3120

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc a 3171

<210> 721
<211> 1067
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
полипептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (622)..(624)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (635)..(638)
<223> Любая аминокислота

<400> 721
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

```
Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
        35                  40                  45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
    50                  55                  60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
                85                  90                  95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
            100                 105                 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
        195                 200                 205

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            260                 265                 270
```

```
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    290                 295                 300

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
            340                 345                 350

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        355                 360                 365

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
        435                 440                 445

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
    450                 455                 460

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
                485                 490                 495

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
            500                 505                 510

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        515                 520                 525
```

```
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
545                 550                 555                 560

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            580                 585                 590

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
        595                 600                 605

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
    610                 615                 620

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
625                 630                 635                 640

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
                645                 650                 655

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
            660                 665                 670

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    690                 695                 700

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
                725                 730                 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
            740                 745                 750

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
```

```
    770                 775                 780

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
785                 790                 795                 800

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro
            820                 825                 830

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser
        835                 840                 845

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
    850                 855                 860

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser
865                 870                 875                 880

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
                885                 890                 895

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
            900                 905                 910

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser
        915                 920                 925

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
    930                 935                 940

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
945                 950                 955                 960

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
                965                 970                 975

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            980                 985                 990

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser  Thr Ala Glu Ser Pro  Gly Pro Gly
        995                 1000                1005

Ser Thr  Ser Ser Thr Ala Glu  Ser Pro Gly Pro Gly  Thr Ser Pro
    1010                1015                1020
```

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1025 1030 1035

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1040 1045 1050

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1055 1060 1065

<210> 722
<211> 3204
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1866)..(1877)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1909)..(1916)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<400> 722
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gttctaccag cgaatctcct 600

tctggcaccg ctccaggtac ctctcctagc ggcgaatctt ctaccgctcc aggttctact 660

agcgaatctc cttctggcac tgcaccaggt tctactagcg aatccccgtc tggtactgct 720

ccaggtactt ctactcctga aagcggttcc gcttctccag gtacctctac tccggaaagc 780

ggttctgcat ctccaggttc taccagcgaa tctccttctg gcaccgctcc aggttctact 840

agcgaatccc cgtctggtac cgcaccaggt acttctccta gcggcgaatc ttctaccgca 900

ccaggttcta ctagcgaatc tccgtctggc actgctccag gtacttctcc tagcggtgaa 960

tcttctaccg ctccaggtac ttcccctagc ggcgaatctt ctaccgctcc aggttctact 1020

agctctactg cagaatctcc gggcccaggt acctctccta gcggtgaatc ttctaccgct 1080

ccaggtactt ctccgagcgg tgaatcttct accgctccag gttctactag ctctactgca 1140

gaatctcctg gcccaggtac ctctactccg gaaagcggct ctgcatctcc aggtacttct 1200

acccctgaaa gcggttctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 1260

ccaggttcta ccagcgaatc tccgtctggc actgcaccag gtacctctac ccctgaaagc 1320

ggttccgctt ctccaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 1380

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 1440

ccaggtactt ctccgagcgg tgaatcttct accgcaccag gttctactag ctctaccgct 1500

gaatctccgg gcccaggtac ttctccgagc ggtgaatctt ctactgctcc aggtacctct 1560

actcctgaaa gcggttctgc atctccaggt tccactagct ctaccgcaga atctccgggc 1620

ccaggttcta ctagctctac tgctgaatct cctggcccag gttctactag ctctactgct 1680

gaatctccgg gtccaggttc taccagctct actgctgaat ctcctggtcc aggtacctcc 1740

ccgagcggtg aatcttctac tgcaccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 1800

ccaggttcta ccagcgaatc tccgtctggc actgcaccag gtacctctac ccctgaaagc 1860

ggtccnnnnn nnnnnnntgc aagcgcaagc ggcgcgccaa gcacgggann nnnnnntagc 1920

gaatctcctt ctggtaccgc tccaggttct accagcgaat ccccgtctgg tactgctcca 1980

ggttctacca gcgaatctcc ttctggtact gcaccaggtt ctactagcga atctccttct 2040

ggtaccgctc caggttctac cagcgaatcc ccgtctggta ctgctccagg ttctaccagc 2100

gaatctcctt ctggtactgc accaggtact tctactccgg aaagcggttc cgcatctcca 2160

ggtacttctc ctagcggtga atcttctact gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 2220

tctactgctc caggttctac cagctctact gctgaatctc cgggtccagg tacttccccg 2280

agcggtgaat cttctactgc accaggtact tctactccgg aaagcggttc cgcttctcca 2340

ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggtt ctactagcga atccccgtct 2400

ggtaccgcac caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgcaccagg ttctactagc 2460

gaatccccgt ctggtaccgc accaggtact tctaccccgg aaagcggctc tgcttctcca 2520

ggtacttcta ccccggaaag cggctccgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2580

ggtaccgctc caggtacttc tacccctgaa agcggctccg cttctccagg ttccactagc 2640

tctaccgctg aatctccggg tccaggttct accagcgaat ctccttctgg caccgctcca 2700

ggttctacta gcgaatcccc gtctggtacc gcaccaggta cttctcctag cggcgaatct 2760

tctaccgcac caggttctac cagctctact gctgaatctc cgggtccagg tacttccccg 2820

agcggtgaat cttctactgc accaggtact tctactccgg aaagcggttc cgcttctcca 2880

ggtacctccc ctagcggcga atcttctact gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 2940

tctaccgctc caggtacctc ccctagcggt gaatcttcta ccgcaccagg ttctactagc 3000

tctactgctg aatctccggg tccaggttct accagctcta ctgctgaatc tcctggtcca 3060

ggtacctccc cgagcggtga atcttctact gcaccaggtt ctagcccttc tgcttccacc 3120

ggtaccggcc caggtagctc tactccgtct ggtgcaactg gctctccagg tagctctact 3180

ccgtctggtg caaccggctc ccca 3204

<210> 723
<211> 1056
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 723

Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
50 55 60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
85 90 95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
100 105 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
115 120 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
130 135 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr

```
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
        195                 200                 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
                245                 250                 255

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            260                 265                 270

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
    290                 295                 300

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305                 310                 315                 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        355                 360                 365

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
385                 390                 395                 400
```

```
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
                405                 410                 415

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
        435                 440                 445

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    450                 455                 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
    530                 535                 540

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
545                 550                 555                 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            580                 585                 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
        595                 600                 605

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
625                 630                 635                 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                645                 650                 655
```

```
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
        675                 680                 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    690                 695                 700

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
705                 710                 715                 720

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                725                 730                 735

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
785                 790                 795                 800

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            820                 825                 830

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
        835                 840                 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
                885                 890                 895

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
            900                 905                 910
```

```
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
        915                 920                 925

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    930                 935                 940

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
945                 950                 955                 960

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
                965                 970                 975

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            980                 985                 990

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro  Ser Ala Ser Thr Gly  Thr Gly Pro
        995                 1000                1005

Gly Thr  Pro Gly Ser Gly Thr  Ala Ser Ser Ser Pro  Gly Ser Ser
    1010                1015                1020

Thr Pro  Ser Gly Ala Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser
    1025                1030                1035

Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr
    1040                1045                1050

Gly Ser  Pro
    1055
```

<210> 724
<211> 3171
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 724

```
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg       60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag      120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg      180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg      240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc      300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc      360
```

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gtgcttcccc gggcaccagc 600

tctactggtt ctccaggttc tagcccgtct gcttctactg gtactggtcc aggttctagc 660

ccttctgctt ccactggtac tggtccaggt accccgggta gcggtaccgc ttcttcttct 720

ccaggtagct ctactccgtc tggtgctacc ggctctccag gttctaaccc ttctgcatcc 780

accggtaccg gcccaggtgc ttctccgggc accagctcta ctggttctcc aggtaccccg 840

ggcagcggta ccgcatcttc ttctccaggt agctctactc cttctggtgc aactggttct 900

ccaggtactc ctggcagcgg taccgcttct tcttctccag gtgcttctcc tggtactagc 960

tctactggtt ctccaggtgc ttctccgggc actagctcta ctggttctcc aggtaccccg 1020

ggtagcggta ctgcttcttc ctctccaggt agctctaccc cttctggtgc aaccggctct 1080

ccaggtgctt ctccgggcac cagctctacc ggttctccag gtaccccggg tagcggtacc 1140

gcttcttctt ctccaggtag ctctactccg tctggtgcta ccggctctcc aggttctaac 1200

ccttctgcat ccaccggtac cggcccaggt tctagccctt ctgcttccac cggtactggc 1260

ccaggtagct ctacccccttc tggtgctacc ggctccccag gtagctctac tccttctggt 1320

gcaactggct ctccaggtgc atctccgggc actagctcta ctggttctcc aggtgcatcc 1380

cctggcacta gctctactgg ttctccaggt gcttctcctg gtaccagctc tactggttct 1440

ccaggtactc ctggcagcgg taccgcttct tcttctccag gtgcttctcc tggtactagc 1500

tctactggtt ctccaggtgc ttctccgggc actagctcta ctggttctcc aggtgcttcc 1560

ccgggcacta gctctaccgg ttctccaggt tctagccctt ctgcatctac tggtactggc 1620

ccaggtactc cgggcagcgg tactgcttct tcctctccag gtgcatctcc gggcactagc 1680

tctactggtt ctccaggtgc atcccctggc actagctcta ctggttctcc aggtgcttct 1740

cctggtacca gctctactgg ttctccaggt agctctactc cgtctggtgc aaccggttcc 1800

ccaggtagct ctactccttc tggtgctact ggctccccag gtgcatcccc tggcaccagc 1860

tctaccggtt ctccaggtac cccgggcagc ggtaccgcat cttcctctcc aggtagctct 1920

accccgtctg gtgctaccgg ttccccaggt agctctaccc cgtctggtgc aaccggctcc 1980

ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaacc ggctccccag gttctagccc gtctgcttcc 2040

actggtactg gcccaggtgc ttccccgggc accagctcta ctggttctcc aggtgcatcc 2100

ccgggtacca gctctaccgg ttctccaggt actcctggca gcggtactgc atcttcctct 2160

ccaggtgctt ctccgggcac cagctctact ggttctccag gtgcatctcc gggcactagc 2220

tctactggtt ctccaggtgc atcccctggc actagctcta ctggttctcc aggtgcttct 2280

cctggtacca gctctactgg ttctccaggt acccctggta gcggtactgc ttcttcctct 2340

ccaggtagct ctactccgtc tggtgctacc ggttctccag gtaccccggg tagcggtacc 2400

gcatcttctt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ctggttctcc aggtactccg 2460

ggcagcggta ctgcttcttc ctctccaggt agctctaccc cttctggtgc tactggctct 2520

ccaggtagct ctaccccgtc tggtgctact ggctccccag gttctagccc ttctgcatcc 2580

accggtaccg gtccaggttc tagcccgtct gcatctactg gtactggtcc aggtgcatcc 2640

ccgggcacta gctctaccgg ttctccaggt actcctggta gcggtactgc ttcttcttct 2700

ccaggtagct ctactccttc tggtgctact ggttctccag gttctagccc ttctgcatcc 2760

accggtaccg gcccaggttc tagcccgtct gcttctaccg gtactggtcc aggtgcttct 2820

ccgggtacta gctctactgg ttctccaggt gcatctcctg gtactagctc tactggttct 2880

ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaacc ggctctccag gttctagccc ttctgcatct 2940

accggtactg gtccaggtgc atcccctggt accagctcta ccggttctcc aggttctagc 3000

ccttctgctt ctaccggtac cggtccaggt acccctggca gcggtaccgc atcttcctct 3060

ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaacc ggttccccag gtagctctac tccttctggt 3120

gctactggct ccccaggtgc atcccctggc accagctcta ccggttctcc a 3171

<210> 725
<211> 1067
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 725

Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg
1 5 10 15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
20 25 30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
35 40 45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
50 55 60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65 70 75 80

```
Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
                85                  90                  95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
            100                 105                 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
        195                 200                 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    210                 215                 220

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            260                 265                 270

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
305                 310                 315                 320

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
                325                 330                 335
```

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
            340                 345                 350

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                405                 410                 415

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        435                 440                 445

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    450                 455                 460

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
                485                 490                 495

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
    530                 535                 540

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545                 550                 555                 560

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            580                 585                 590
```

```
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        595                 600                 605

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    610                 615                 620

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser
625                 630                 635                 640

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
                645                 650                 655

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
            660                 665                 670

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
    690                 695                 700

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
705                 710                 715                 720

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
                725                 730                 735

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
            740                 745                 750

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
        755                 760                 765

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser
    770                 775                 780

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
785                 790                 795                 800

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
            820                 825                 830

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
```

```
        835                 840                 845

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
    850                 855                 860

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
865                 870                 875                 880

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                885                 890                 895

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
            900                 905                 910

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro
        915                 920                 925

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
    930                 935                 940

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
945                 950                 955                 960

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
                965                 970                 975

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
            980                 985                 990

Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala Thr Gly  Ser Pro Gly
        995                 1000                1005

Ser Ser  Pro Ser Ala Ser Thr  Gly Thr Gly Pro Gly  Ala Ser Pro
    1010                1015                1020

Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr
    1025                1030                1035

Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser
    1040                1045                1050

Ala Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro
    1055                1060                1065
```

<210> 726
<211> 3204
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 726
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gtacttctac tgaaccgtct 600

gaaggcagcg caccaggtag cgaaccggct acttccggtt ctgaaacccc aggtagccca 660

gcaggttctc caacttctac tgaagaaggt tctaccagct ctaccgcaga atctcctggt 720

ccaggtacct ctactccgga aagcggctct gcatctccag gttctactag cgaatctcct 780

tctggcactg caccaggttc tactagcgaa tccccgtctg gtactgctcc aggtacttct 840

actcctgaaa gcggttccgc ttctccaggt acctctactc cggaaagcgg ttctgcatct 900

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 960

cctgaatccg gcccaggtag cccggcaggt tctccgactt ccactgagga aggtacctct 1020

actgaacctt ctgagggcag cgctccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggagtccggt 1080

ccaggtactt ctactgaacc gtccgaaggt agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 1140

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 1200

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 1260

ccaggtactt ctgaaagcgc tacccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 1320

cctgaatccg gtccaggtac ctctactgaa ccttccgaag gcagcgctcc aggtacctct 1380

accgaaccgt ccgagggcag cgcaccaggt acttctgaaa gcgcaacccc tgaatccggt 1440

ccaggtactt ctactgaacc ttccgaaggt agcgctccag gtagcgaacc tgctacttct 1500

ggttctgaaa ccccaggtag cccggctggc tctccgacct ccaccgagga aggtagctct 1560

accccgtctg gtgctactgg ttctccaggt actccgggca gcggtactgc ttcttcctct 1620

ccaggtagct ctacccccttc tggtgctact ggctctccag gtacctctac cgaaccgtcc 1680

gagggtagcg caccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtagcgaa 1740

ccggcaacct ccggttctga aactccaggt agccctgctg gctctccgac ttctactgag 1800

gaaggtagcc cggctggttc tccgacttct actgaggaag gtacttctac cgaaccttcc 1860

gaaggtagcg ctccaggtgc aagcgcaagc ggcgcgccaa gcacgggagg tacttctgaa 1920

agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa 1980

ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact gaagaaggtt ctaccagctc taccgctgaa 2040

tctcctggcc caggttctac tagcgaatct ccgtctggca ccgcaccagg tacttcccct 2100

agcggtgaat cttctactgc accaggtacc cctggcagcg gtaccgcttc ttcctctcca 2160

ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggc tctccaggtt ctagcccgtc tgcatctacc 2220

ggtaccggcc caggtagcga accggcaacc tccggctctg aaactccagg tacttctgaa 2280

agcgctactc cggaatccgg cccaggtagc gaaccggcta cttccggctc tgaaacccca 2340

ggttccacca gctctactgc agaatctccg ggcccaggtt ctactagctc tactgcagaa 2400

tctccgggtc caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgctccagg tagcgaaccg 2460

gcaacctctg gctctgaaac tccaggtagc gaacctgcaa cctccggctc tgaaacccca 2520

ggtacttcta ctgaaccttc tgagggcagc gcaccaggtt ctaccagctc taccgcagaa 2580

tctcctggtc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg ttctactagc 2640

gaatctcctt ctggcactgc accaggtact tctaccgaac cgtccgaagg cagcgctcca 2700

ggtacctcta ctgaaccttc cgagggcagc gctccaggta cctctaccga accttctgaa 2760

ggtagcgcac caggtagctc tactccgtct ggtgcaaccg gctccccagg ttctagcccg 2820

tctgcttcca ctggtactgg cccaggtgct tccccgggca ccagctctac tggttctcca 2880

ggtagcgaac ctgctacctc cggttctgaa accccaggta cctctgaaag cgcaactccg 2940

gagtctggtc caggtagccc tgcaggttct cctacctcca ctgaggaagg tagctctact 3000

ccgtctggtg caaccggctc cccaggttct agcccgtctg cttccactgg tactggccca 3060

ggtgcttccc cgggcaccag ctctactggt tctccaggta cctctgaaag cgctactccg 3120

gagtctggcc caggtacctc tactgaaccg tctgagggta gcgctccagg tacttctact 3180

gaaccgtccg aaggtagcgc acca 3204

<210> 727
<211> 1510
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 727
Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg

```
1               5                   10                  15

Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu
            20                  25                  30

Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro
        35                  40                  45

Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg
    50                  55                  60

Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu
65                  70                  75                  80

Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val
                85                  90                  95

Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp
            100                 105                 110

Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
        115                 120                 125

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr Ser
    130                 135                 140

Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe
                165                 170                 175

Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
        195                 200                 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    210                 215                 220

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255
```

```
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            260                 265                 270

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
305                 310                 315                 320

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
            340                 345                 350

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                405                 410                 415

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        435                 440                 445

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    450                 455                 460

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
                485                 490                 495

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510
```

```
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
    530                 535                 540

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545                 550                 555                 560

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            580                 585                 590

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        595                 600                 605

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    610                 615                 620

Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
625                 630                 635                 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
                645                 650                 655

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
        675                 680                 685

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
    690                 695                 700

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705                 710                 715                 720

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
                725                 730                 735

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
            740                 745                 750

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
        755                 760                 765
```

```
Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
    770                 775                 780

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
785                 790                 795                 800

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                805                 810                 815

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
            820                 825                 830

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
        835                 840                 845

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
    850                 855                 860

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
865                 870                 875                 880

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                885                 890                 895

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
            900                 905                 910

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
        915                 920                 925

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
    930                 935                 940

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
945                 950                 955                 960

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
                965                 970                 975

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
            980                 985                 990

Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr Gly Thr  Gly Pro Gly
        995                 1000                1005

Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ser Ser Thr
```

```
    1010                1015                1020

Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ser Ser Thr  Pro Ser Gly
    1025                1030                1035

Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly
    1040                1045                1050

Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser Thr Gly  Ser Pro Gly
    1055                1060                1065

Ala Ser  Ala Ser Gly Ala Pro  Ser Thr Gly Gly Thr  Ser Pro Ser
    1070                1075                1080

Gly Glu  Ser Ser Thr Ala Pro  Gly Ser Thr Ser Ser  Thr Ala Glu
    1085                1090                1095

Ser Pro  Gly Pro Gly Thr Ser  Pro Ser Gly Glu Ser  Ser Thr Ala
    1100                1105                1110

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1115                1120                1125

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1130                1135                1140

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr
    1145                1150                1155

Gly Thr  Gly Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1160                1165                1170

Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Thr
    1175                1180                1185

Ser Thr  Pro Glu Ser Gly Ser  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Pro Ser
    1190                1195                1200

Gly Glu  Ser Ser Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Pro Ser  Gly Glu Ser
    1205                1210                1215

Ser Thr  Ala Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1220                1225                1230

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1235                1240                1245
```

```
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Thr Ser Glu
    1250                 1255                 1260

Ser Pro  Ser Gly Thr Ala Pro  Gly Ser Thr Ser Glu  Ser Pro Ser
    1265                 1270                 1275

Gly Thr  Ala Pro Gly Thr Ser  Thr Pro Glu Ser Gly  Ser Ala Ser
    1280                 1285                 1290

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1295                 1300                 1305

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1310                 1315                 1320

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Pro Ala Gly  Ser Pro Thr
    1325                 1330                 1335

Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1340                 1345                 1350

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1355                 1360                 1365

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1370                 1375                 1380

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1385                 1390                 1395

Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Thr  Ser Glu Ser Pro Ser  Gly Thr Ala
    1400                 1405                 1410

Pro Gly  Thr Ser Pro Ser Gly  Glu Ser Ser Thr Ala  Pro Gly Ser
    1415                 1420                 1425

Thr Ser  Ser Thr Ala Glu Ser  Pro Gly Pro Gly Ser  Ser Thr Pro
    1430                 1435                 1440

Ser Gly  Ala Thr Gly Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser
    1445                 1450                 1455

Thr Gly  Ser Pro Gly Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser
    1460                 1465                 1470

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Ser
    1475                 1480                 1485
```

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
1490 1495 1500

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1505 1510

<210> 728
<211> 4533
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 728
tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg 60

caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa tttgaagaag cctacattcc taaagagcag 120

aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg 180

ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag tccaatctgg aactactccg catttctctg 240

cttctgattc agagctggct agaaccagtg caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc 300

ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc 360

attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag 420

cagacttact ctaaatttga tactaacagc cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat 480

ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt 540

cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt ttctaaggtg gtacttctac tgaaccgtct 600

gaaggcagcg caccaggtag cgaaccggct acttccggtt ctgaaacccc aggtagccca 660

gcaggttctc caacttctac tgaagaaggt tctaccagct ctaccgcaga atctcctggt 720

ccaggtacct ctactccgga aagcggctct gcatctccag gttctactag cgaatctcct 780

tctggcactg caccaggttc tactagcgaa tccccgtctg gtactgctcc aggtacttct 840

actcctgaaa gcggttccgc ttctccaggt acctctactc cggaaagcgg ttctgcatct 900

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 960

cctgaatccg gcccaggtag cccggcaggt tctccgactt ccactgagga aggtacctct 1020

actgaacctt ctgagggcag cgctccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggagtccggt 1080

ccaggtactt ctactgaacc gtccgaaggt agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 1140

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 1200

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 1260

ccaggtactt ctgaaagcgc tacccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 1320

cctgaatccg gtccaggtac ctctactgaa ccttccgaag gcagcgctcc aggtacctct 1380

accgaaccgt ccgagggcag cgcaccaggt acttctgaaa gcgcaacccc tgaatccggt 1440

ccaggtactt ctactgaacc ttccgaaggt agcgctccag gtagcgaacc tgctacttct 1500

ggttctgaaa ccccaggtag cccggctggc tctccgacct ccaccgagga aggtagctct 1560

accccgtctg gtgctactgg ttctccaggt actccgggca gcggtactgc ttcttcctct 1620

ccaggtagct ctacccctte tggtgctact ggctctccag gtacctctac cgaaccgtcc 1680

gagggtagcg caccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtagcgaa 1740

ccggcaacct ccggttctga aactccaggt agccctgctg gctctccgac ttctactgag 1800

gaaggtagcc cggctggttc tccgacttct actgaggaag gtacttctac cgaaccttcc 1860

gaaggtagcg ctccaggtcc agaaccaacg gggccggccc caagcggagg tagcgaaccg 1920

gcaacctccg gctctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg ctactcctga atccggccca 1980

ggtagcccgg caggttctcc gacttccact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 2040

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 2100

ggctctccaa cttctactga agaaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca 2160

ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact 2220

tctactgaag aaggttctac cagctctacc gctgaatctc ctggcccagg ttctactagc 2280

gaatctccgt ctggcaccgc accaggtact tcccctagcg gtgaatcttc tactgcacca 2340

ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggtt ctactagcga atccccgtct 2400

ggtaccgcac caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgcaccagg tacttctacc 2460

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 2520

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2580

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggaat ctggtccagg tacttctgaa 2640

agcgctactc cggaatccgg tccaggtacc tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca 2700

ggtacttctg aaagcgctac cccggagtcc ggtccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggtacctc ccctagcggc gaatcttcta ctgctccagg tacctctcct 2820

agcggcgaat cttctaccgc tccaggtacc tcccctagcg gtgaatcttc taccgcacca 2880

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 2940

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg ttctagccct 3000

tctgcttcca ccggtaccgg cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac tggctctcca 3060

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggta gctctacccc gtctggtgct 3120

accggctctc caggtagctc taccccgtct ggtgcaaccg gctccccagg tgcatccccg 3180

ggtactagct ctaccggttc tccaggtgca agcgcaagcg gcgcgccaag cacgggaggt 3240

acttctccga gcggtgaatc ttctaccgca ccaggttcta ctagctctac cgctgaatct 3300

ccgggcccag gtacttctcc gagcggtgaa tcttctactg ctccaggtac ctctgaaagc 3360

gctactccgg agtctggccc aggtacctct actgaaccgt ctgagggtag cgctccaggt 3420

acttctactg aaccgtccga aggtagcgca ccaggttcta gcccttctgc atctactggt 3480

actggcccag gtagctctac tccttctggt gctaccggct ctccaggtgc ttctccgggt 3540

actagctcta ccggttctcc aggtacttct actccggaaa gcggttccgc atctccaggt 3600

acttctccta gcggtgaatc ttctactgct ccaggtacct ctcctagcgg cgaatcttct 3660

actgctccag gtacttctga aagcgcaacc cctgaatccg gtccaggtag cgaaccggct 3720

acttctggct ctgagactcc aggtacttct accgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt 3780

tctaccagcg aatccccttc tggtactgct ccaggttcta ccagcgaatc cccttctggc 3840

accgcaccag gtacttctac ccctgaaagc ggctccgctt ctccaggtag cccggcaggc 3900

tctccgacct ctactgagga aggtacttct gaaagcgcaa ccccggagtc cggcccaggt 3960

acctctaccg aaccgtctga gggcagcgca ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc 4020

accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca 4080

acctccggtt ctgaaacccc aggtagctct accccgtctg gtgctaccgg ttccccaggt 4140

gcttctcctg gtactagctc taccggttct ccaggtagct ctaccccgtc tggtgctact 4200

ggctctccag gttctactag cgaatccccg tctggtactg ctccaggtac ttcccctagc 4260

ggtgaatctt ctactgctcc aggttctacc agctctaccg cagaatctcc gggtccaggt 4320

agctctaccc cttctggtgc aaccggctct ccaggtgcat ccccgggtac cagctctacc 4380

ggttctccag gtactccggg tagcggtacc gcttcttcct ctccaggtag ccctgctggc 4440

tctccgactt ctactgagga aggtagcccg gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt 4500

acttctaccg aaccttccga aggtagcgct cca 4533

<210> 729
<211> 386
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 729
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

```
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
    50                  55                  60

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
65                  70                  75                  80

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
                85                  90                  95

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
            100                 105                 110

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
        115                 120                 125

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
    130                 135                 140

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
145                 150                 155                 160

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
                165                 170                 175

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
            180                 185                 190

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
        195                 200                 205

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
    210                 215                 220

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
225                 230                 235                 240

Phe Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
                245                 250                 255

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
            260                 265                 270

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
        275                 280                 285
```

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
290 295 300

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
305 310 315 320

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
325 330 335

Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
340 345 350

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
355 360 365

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
370 375 380

Ala Pro
385

<210> 730
<211> 1161
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 730
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt 180

gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa 240

tttgaagaag cctacattcc taaagagcag aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact 300

tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag 360

tccaatctgg aactactccg catttctctg cttctgattc agagctggct agaaccagtg 420

caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta 480

tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat 540

ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag cagacttact ctaaatttga tactaacagc 600

cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg 660

gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt 720

ttctaaggtg gtagcgaacc ggcaacttcc ggctctgaaa ccccaggtac ttctgaaagc 780

gctactcctg agtctggccc aggtagcgaa cctgctacct ctggctctga aaccccaggt 840

agcccggcag gctctccgac ttccaccgag gaaggtacct ctactgaacc ttctgagggt 900

agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctct ggctctgaaa ccccaggtag cgaacctgct 960

acctccggct ctgaaactcc aggtagcgaa ccggctactt ccggttctga aactccaggt 1020

acctctaccg aaccttccga aggcagcgca ccaggtactt ctgaaagcgc aacccctgaa 1080

tccggtccag gtagcgaacc ggctacttct ggctctgaga ctccaggtac ttctaccgaa 1140

ccgtccgaag gtagcgcacc a 1161

<210> 731
<211> 386
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 731
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
50 55 60

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
65 70 75 80

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
85 90 95

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
115 120 125

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
130 135 140

```
Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
145                 150                 155                 160

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
                165                 170                 175

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
            180                 185                 190

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
        195                 200                 205

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
    210                 215                 220

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
225                 230                 235                 240

Phe Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
                245                 250                 255

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
            260                 265                 270

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
        275                 280                 285

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
    290                 295                 300

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
305                 310                 315                 320

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
                325                 330                 335

Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
            340                 345                 350

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
        355                 360                 365

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
    370                 375                 380

Ala Pro
385
```

<210> 732
<211> 1161
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 732
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt 180

gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa 240

tttgaagaag cctacattcc taaagagcag aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact 300

tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag 360

tccaatctgg aactactccg catttctctg cttctgattc agagctggct agaaccagtg 420

caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta 480

tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat 540

ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag cagacttact ctaaatttga tactaacagc 600

cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg 660

gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt 720

ttctaaggtg gtagcgaacc ggcaacttcc ggctctgaaa ccccaggtac ttctgaaagc 780

gctactcctg agtctggccc aggtagcgaa cctgctacct ctggctctga aaccccaggt 840

agcccggcag gctctccgac ttccaccgag gaaggtacct ctactgaacc ttctgagggt 900

agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctct ggctctgaaa ccccaggtag cgaacctgct 960

acctccggct ctgaaactcc aggtagcgaa ccggctactt ccggttctga aactccaggt 1020

acctctaccg aaccttccga aggcagcgca ccaggtactt ctgaaagcgc aacccctgaa 1080

tccggtccag gtagcgaacc ggctacttct ggctctgaga ctccaggtac ttctaccgaa 1140

ccgtccgaag gtagcgcacc a 1161

<210> 733
<211> 481
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 733

```
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1               5                  10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            20                  25                  30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    50                  55                  60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65                  70                  75                  80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
            100                 105                 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        115                 120                 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
145                 150                 155                 160

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                165                 170                 175

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            180                 185                 190

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        195                 200                 205

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    210                 215                 220

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
225                 230                 235                 240

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                245                 250                 255
```

```
Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            260                 265                 270

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
        275                 280                 285

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
    290                 295                 300

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
305                 310                 315                 320

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
                325                 330                 335

Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
    370                 375                 380

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
385                 390                 395                 400

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
                405                 410                 415

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
    450                 455                 460

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro
```

<210> 734
<211> 1446

<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 734
ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa accccaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tctggctctg aaaccccagg tagcccggca 120

ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca 180

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta gcgaacctgc tacctccggc 240

tctgaaactc caggtagcga accggctact tccggttctg aaactccagg tacctctacc 300

gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact tctgaaagcg caacccctga atccggtcca 360

ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag actccaggta cttctaccga accgtccgaa 420

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 480

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 540

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 600

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 660

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 720

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 780

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 840

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 900

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 960

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtagc 1020

gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct 1080

ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc tctgaaaccc caggtagccc ggcaggctct 1140

ccgacttcca ccgaggaagg tacctctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtagc 1200

gaaccggcaa cctctggctc tgaaacccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa 1260

actccaggta gcgaaccggc tacttccggt tctgaaactc caggtacctc taccgaacct 1320

tccgaaggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc 1380

gaaccggcta cttctggctc tgagactcca ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc 1440

gcacca 1446

<210> 735
<211> 625
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 735

```
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                  10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            20                  25                  30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65                  70                  75                  80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            100                 105                 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        115                 120                 125

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                165                 170                 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        195                 200                 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    210                 215                 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
```

```
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
                245                 250                 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
    290                 295                 300

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
305                 310                 315                 320

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
                325                 330                 335

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
            340                 345                 350

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
        355                 360                 365

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
    370                 375                 380

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
385                 390                 395                 400

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
                405                 410                 415

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
            420                 425                 430

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
        435                 440                 445

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
    450                 455                 460

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
465                 470                 475                 480
```

```
Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                485                 490                 495

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
            500                 505                 510

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        515                 520                 525

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
    530                 535                 540

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
545                 550                 555                 560

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
                565                 570                 575

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            580                 585                 590

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        595                 600                 605

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro
625
```

<210> 736
<211> 1878
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 736
ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc 60

tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca accccggaat ctggtccagg tagcgaacct 120

gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg ctactcctga atctggccca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc 240

tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg 300

gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca 360

ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact 420

tctactgaag aaggtacttc taccgaacct tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca 540

ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt 600

tctgaaaccc caggtagcga accggctacc tccggttctg aaactccagg tagcccagca 660

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 720

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc 780

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact 840

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtttt ccgactattc cgctgtctcg tctgtttgat 900

aatgctatgc tgcgtgcgca ccgtctgcac cagctggcct ttgatactta ccaggaattt 960

gaagaagcct acattcctaa agagcagaag tactctttcc tgcaaaaccc acagacttct 1020

ctctgcttca gcgaatctat tccgacgcct tccaatcgcg aggaaactca gcaaaagtcc 1080

aatctggaac tactccgcat ttctctgctt ctgattcaga gctggctaga accagtgcaa 1140

tttctgcgtt ccgtcttcgc caatagccta gtttatggcg catccgacag caacgtatac 1200

gatctcctga aagatctcga ggaaggcatt cagaccctga tgggtcgtct cgaggatggc 1260

tctccgcgta ctggtcagat cttcaagcag acttactcta aatttgatac taacagccac 1320

aatgacgatg cgcttctaaa aaactatggt ctgctgtatt gttttcgtaa agatatggac 1380

aaagttgaaa ccttcctgcg tattgttcag tgtcgttccg ttgagggcag ctgtggtttc 1440

taaggtggta gcgaaccggc aacttccggc tctgaaaccc caggtacttc tgaaagcgct 1500

actcctgagt ctggcccagg tagcgaacct gctacctctg gctctgaaac cccaggtagc 1560

ccggcaggct ctccgacttc caccgaggaa ggtacctcta ctgaaccttc tgagggtagc 1620

gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc tctgaaaccc caggtagcga acctgctacc 1680

tccggctctg aaactccagg tagcgaaccg gctacttccg gttctgaaac tccaggtacc 1740

tctaccgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc 1800

ggtccaggta gcgaaccggc tacttctggc tctgagactc caggtacttc taccgaaccg 1860

tccgaaggta gcgcacca 1878

<210> 737
<211> 481
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 737
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro

```
1               5                   10                  15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
            20                  25                  30

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
65                  70                  75                  80

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
            100                 105                 110

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
145                 150                 155                 160

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                165                 170                 175

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            180                 185                 190

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        195                 200                 205

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    210                 215                 220

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
225                 230                 235                 240

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                245                 250                 255
```

```
Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            260                 265                 270

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
        275                 280                 285

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
    290                 295                 300

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
305                 310                 315                 320

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
                325                 330                 335

Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
    370                 375                 380

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
385                 390                 395                 400

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
                405                 410                 415

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
    450                 455                 460

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro
```

<210> 738
<211> 1446
<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 738
ggtacttcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ctgctccagg ttctaccagc 120

tctaccgctg aatctcctgg cccaggttct accagcgaat ccccgtctgg caccgcacca 180

ggttctacta gctctaccgc agaatctccg ggtccaggta cttcccctag cggtgaatct 240

tctactgctc caggtacctc tactccggaa agcggctccg catctccagg ttctactagc 300

tctactgctg aatctcctgg tccaggtacc tcccctagcg gcgaatcttc tactgctcca 360

ggtacctctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta cctcccctag cggtgaatct 420

tctaccgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 480

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 540

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 600

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 660

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 720

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 780

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 840

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 900

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 960

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtagc 1020

gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct 1080

ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc tctgaaaccc caggtagccc ggcaggctct 1140

ccgacttcca ccgaggaagg tacctctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtagc 1200

gaaccggcaa cctctggctc tgaaacccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa 1260

actccaggta gcgaaccggc tacttccggt tctgaaactc caggtacctc taccgaacct 1320

tccgaaggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc 1380

gaaccggcta cttctggctc tgagactcca ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc 1440

gcacca 1446

<210> 739
<211> 913
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 739

```
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1               5                   10                  15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            20                  25                  30

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
    50                  55                  60

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
            100                 105                 110

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        115                 120                 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
145                 150                 155                 160

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
                165                 170                 175

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
225                 230                 235                 240
```

```
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
               245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        275                 280                 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
               325                 330                 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
            340                 345                 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        355                 360                 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
385                 390                 395                 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
               405                 410                 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
        435                 440                 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
    450                 455                 460

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
```

```
                485                 490                 495

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            500                 505                 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
    530                 535                 540

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
545                 550                 555                 560

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
        675                 680                 685

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735
```

```
Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765

Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
785                 790                 795                 800

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                805                 810                 815

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        835                 840                 845

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
                885                 890                 895

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro
```

<210> 740
<211> 2742
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 740
ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggt ggtccaggtt cctctgaaag cggttcttct 60

gagggtggtc caggtgaatc tccgggtggc tccagcggtt ccgagtcagg ttctggtggc 120

gaaccttccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gttctagcgg ttccgagtca 180

ggtgaatctc cgggtggttc cagcggttct gagtcaggtt cctccgaaag cggttcttct 240

gagggcggtc caggttcctc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttctgaa 300

agcggttctt ccgagggcgg tccaggtgaa tctcctggtg gttccagcgg ttccgagtca 360

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gagtcaggtg aatctcctgg tggttctagc 420

ggttctgaat caggttcctc cgaaagcggt tcttctgagg gcggtccagg ttcctccgaa 480

agcggttctt ccgagggcgg tccaggttct tctgaaagcg gttcttccga gggcggtcca 540

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttcc 600

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttctgaag gcggtccagg ttctggtggc 660

gaaccgtccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gctctagcgg ttccgagtca 720

ggtgaatctc ctggtggttc cagcggttcc gagtcaggtt ccggtggcga accgtccgaa 780

tctggtagct caggtagcga aggttcttct ggtccaggcg aatcttcagg ttcctctgaa 840

agcggttctt ctgagggcgg tccaggttcc ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 900

ggtagcgaag gttcttctgg tccaggcgaa tcttcaggtt cctctgaaag cggttcttct 960

gagggcggtc caggttccgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg tgaatctccg 1020

ggtggttcta gcggttctga gtcaggttct ggtggtgaac cttccgagtc tggtagctca 1080

ggttctggtg gcgaaccatc cgagtctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttcc 1140

gaaggcggtc caggttctgg tggtgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttctggtggc 1200

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 1260

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggta gcgaaggttc ttccggtcca 1320

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcctcagg ttccggtggc 1380

gaaccatctg aatctggtag ctcaggttcc tctgaaagcg gttcttccga aggtggtcca 1440

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggt ggtccaggtg aatctccggg tggctccagc 1500

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacca tccgaatctg gtagctcagg tagcgaaggt 1560

tcttctggtc ctggcgaatc ttcaggtgaa tctccaggtg gctctagcgg ttccgaatca 1620

ggtagcgaag gttcttccgg tcctggtgag tcttcaggtg aatctccagg tggctctagc 1680

ggttccgagt caggtagcga aggttcttct ggtcctggcg agtcctcagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaaggt ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa 2340

accccaggta cttctgaaag cgctactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 2400

tctggctctg aaaccccagg tagcccggca ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc 2460

tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa 2520

accccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgaaactc caggtagcga accggctact 2580

tccggttctg aaactccagg tacctctacc gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact 2640

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 2700

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac ca 2742

<210> 741
<211> 913
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 741

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

```
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365
```

```
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620
```

```
Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
        675                 680                 685

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765

Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
785                 790                 795                 800

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                805                 810                 815

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        835                 840                 845

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
```

865 870 875 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
885 890 895

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
900 905 910

Pro

<210> 742
<211> 2742
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 742
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg tagcccagca 120

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 180

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 240

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg 300

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccggcaggct ctccgacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta cctctaccga accgtctgag 420

ggcagcgcac caggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca 480

ggttctccta cctccaccga ggaaggtact tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 540

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 600

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 660

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 720

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accgtctgaa 780

ggtagcgcac caggtacttc tgaaagcgca accccggaat ccggcccagg tacctctgaa 840

agcgcaaccc cggagtccgg cccaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 900

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 960

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggagt ctggcccagg tacctctact 1020

gaaccgtctg agggtagcgc tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 1080

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 1140

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 1200

gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 1320

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 1380

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 1440

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 1500

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 1560

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 1620

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 1680

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaaggt ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa 2340

accccaggta cttctgaaag cgctactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 2400

tctggctctg aaaccccagg tagcccggca ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc 2460

tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa 2520

accccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgaaactc caggtagcga accggctact 2580

tccggttctg aaactccagg tacctctacc gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact 2640

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 2700

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac ca 2742

<210> 743
<211> 913
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 743
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
130 135 140

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
180 185 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
210 215 220

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225 230 235 240

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

```
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    290                 295                 300

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
        435                 440                 445

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
    450                 455                 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
                485                 490                 495
```

```
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
            500                 505                 510

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
545                 550                 555                 560

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
        675                 680                 685

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750
```

```
Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765

Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
785                 790                 795                 800

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                805                 810                 815

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        835                 840                 845

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
                885                 890                 895

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro
```

<210> 744
<211> 2742
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 744
ggttctacta gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagcgaatcc ccttctggta ccgctccagg ttctactagc 120

tctaccgctg aatctccggg tccaggttct accagctcta ctgcagaatc tcctggccca 180

ggtacttcta ctccggaaag cggttccgct tctccaggtt ctaccagcga atctccttct 240

ggcaccgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ccgctccagg ttctactagc 300

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccttctgg caccgctcca 360

ggtacctctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggtt ctactagcga atctccttct 420

ggcactgcac caggttctac cagcgaatct ccttctggca ccgctccagg tacctctcct 480

agcggcgaat cttctaccgc tccaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 540

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctaccagcga atctccgtct 600

ggcactgcac caggtacctc taccccctgaa agcggttccg cttctccagg ttctactagc 660

gaatctcctt ctggtaccgc tccaggtact tctacccctg aaagcggctc cgcttctcca 720

ggttccacta gctctaccgc tgaatctccg ggtccaggtt ctactagctc tactgcagaa 780

tctcctggcc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg tacttctacc 840

cctgaaagcg gttctgcatc tccaggttct actagcgaat ccccgtctgg taccgcacca 900

ggtacttcta ccccggaaag cggctctgct tctccaggta cttctacccc ggaaagcggc 960

tccgcatctc caggttctac tagcgaatct ccttctggta ccgctccagg ttctaccagc 1020

gaatccccgt ctggtactgc tccaggttct accagcgaat ctccttctgg tactgcacca 1080

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 1140

tctgcatctc caggtacttc taccccctgaa agcggttctg catctccagg ttctactagc 1200

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 1260

ggtacctcta cccctgaaag cggttccgct tctccaggtt ctactagcga atctccttct 1320

ggcactgcac caggttctac cagcgaatct ccgtctggca ctgcaccagg tacctctacc 1380

cctgaaagcg gttccgcttc tccaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgcacca 1440

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggta cttctccgag cggtgaatct 1500

tctactgctc caggttccac tagctctact gctgaatctc ctggcccagg tacttctact 1560

ccggaaagcg gttccgcttc tccaggttct actagcgaat ctccgtctgg caccgcacca 1620

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 1680

tctgcatctc caggtacttc taccccctgaa agcggttctg catctccagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaaggt ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa 2340

accccaggta cttctgaaag cgctactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 2400

tctggctctg aaaccccagg tagcccggca ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc 2460

tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa 2520

accccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgaaactc caggtagcga accggctact 2580

tccggttctg aaactccagg tacctctacc gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact 2640

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 2700

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac ca 2742

<210> 745
<211> 962
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 745
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380
```

```
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
```

625 630 635 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
645 650 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
660 665 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
675 680 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
690 695 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705 710 715 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
725 730 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
740 745 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
755 760 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
770 775 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785 790 795 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
805 810 815

Phe Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
820 825 830

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
835 840 845

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
850 855 860

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
865 870 875 880

```
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
                885                 890                 895

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
            900                 905                 910

Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
        915                 920                 925

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
    930                 935                 940

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
945                 950                 955                 960

Ala Pro
```

<210> 746
<211> 2889
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 746

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact       60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct      120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag      180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc      240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct      300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct      360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct      420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg      480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc      540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc      600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct      660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct      720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc      780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa      840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca      900
```

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggt 2460

agcgaaccgg caacttccgg ctctgaaacc ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag 2520

tctggcccag gtagcgaacc tgctacctct ggctctgaaa ccccaggtag cccggcaggc 2580

tctccgactt ccaccgagga aggtacctct actgaacctt ctgagggtag cgctccaggt 2640

agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct 2700

gaaactccag gtagcgaacc ggctacttcc ggttctgaaa ctccaggtac ctctaccgaa 2760

ccttccgaag gcagcgcacc aggtacttct gaaagcgcaa cccctgaatc cggtccaggt 2820

agcgaaccgg ctacttctgg ctctgagact ccaggtactt ctaccgaacc gtccgaaggt 2880

agcgcacca 2889

<210> 747
<211> 1173
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 747
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
35 40 45

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
50 55 60

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
100 105 110

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
115 120 125

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
130 135 140

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
145 150 155 160

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
165 170 175

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
180 185 190

```
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
        195                 200                 205

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
            260                 265                 270

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
    290                 295                 300

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
                325                 330                 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
                405                 410                 415

Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
            420                 425                 430

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly
```

```
        435                 440                 445

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            500                 505                 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
    530                 535                 540

Ser Ser Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
545                 550                 555                 560

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
                565                 570                 575

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
            580                 585                 590

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
        595                 600                 605

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
    610                 615                 620

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
625                 630                 635                 640

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                645                 650                 655

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
            660                 665                 670

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
        675                 680                 685
```

```
Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    690                 695                 700

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
705                 710                 715                 720

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            740                 745                 750

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
        755                 760                 765

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    770                 775                 780

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
785                 790                 795                 800

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Gly Ser Ser Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp
        835                 840                 845

Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr
    850                 855                 860

Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser
865                 870                 875                 880

Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro
                885                 890                 895

Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu
            900                 905                 910

Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln
        915                 920                 925

Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp
    930                 935                 940
```

```
Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr
945                 950                 955                 960

Leu Met Gly Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe
                965                 970                 975

Lys Gln Thr Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala
            980                 985                 990

Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu Leu  Tyr Cys Phe Arg Lys  Asp Met Asp
        995                 1000                1005

Lys Val  Glu Thr Phe Leu Arg  Ile Val Gln Cys Arg  Ser Val Glu
    1010                1015                1020

Gly Ser  Cys Gly Phe Gly Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1025                1030                1035

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1040                1045                1050

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Pro
    1055                1060                1065

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro
    1070                1075                1080

Ser Glu  Gly Ser Ala Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1085                1090                1095

Glu Thr  Pro Gly Ser Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro
    1100                1105                1110

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1115                1120                1125

Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1130                1135                1140

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1145                1150                1155

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1160                1165                1170
```

<210> 748
<211> 3522

<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 748
ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggt ggtccaggtt cctctgaaag cggttcttct 60

gagggtggtc caggtgaatc tccgggtggc tccagcggtt ccgagtcagg ttctggtggc 120

gaaccttccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gttctagcgg ttccgagtca 180

ggtgaatctc cgggtggttc agcggttct gagtcaggtt cctccgaaag cggttcttct 240

gagggcggtc caggttcctc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttctgaa 300

agcggttctt ccgagggcgg tccaggtgaa tctcctggtg gttccagcgg ttccgagtca 360

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gagtcaggtg aatctcctgg tggttctagc 420

ggttctgaat caggttcctc cgaaagcggt tcttctgagg gcggtccagg ttcctccgaa 480

agcggttctt ccgagggcgg tccaggttct tctgaaagcg gttcttccga gggcggtcca 540

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttcc 600

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttctgaag gcggtccagg ttctggtggc 660

gaaccgtccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gctctagcgg ttccgagtca 720

ggtgaatctc ctggtggttc agcggttcc gagtcaggtt ccggtggcga accgtccgaa 780

tctggtagct caggtagcga aggttcttct ggtccaggcg aatcttcagg ttcctctgaa 840

agcggttctt ctgagggcgg tccaggttcc ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 900

ggtagcgaag gttcttctgg tccaggcgaa tcttcaggtt cctctgaaag cggttcttct 960

gagggcggtc caggttccgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg tgaatctccg 1020

ggtggttcta gcggttctga gtcaggttct ggtggtgaac cttccgagtc tggtagctca 1080

ggttctggtg gcgaaccatc cgagtctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttcc 1140

gaaggcggtc caggttctgg tggtgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttctggtggc 1200

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 1260

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggta gcgaaggttc ttccggtcca 1320

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcctcagg ttccggtggc 1380

gaaccatctg aatctggtag ctcaggttcc tctgaaagcg gttcttccga aggtggtcca 1440

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggt ggtccaggtg aatctccggg tggctccagc 1500

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacca tccgaatctg gtagctcagg tagcgaaggt 1560

tcttctggtc ctggcgaatc ttcaggtgaa tctccaggtg gctctagcgg ttccgaatca 1620

ggtagcgaag gttcttccgg tccaggttcc tctgaaagcg gttcttctga gggcggtcca 1680

ggttctggtg gcgaaccatc tgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttccggtccg 1740

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttcc ggtccaggtg aatcttcagg tagcgaaggt 1800

tcttctggtc ctggtgaatc ctcaggttcc ggtggcgaac catctgaatc tggtagctca 1860

ggttctggtg gcgaaccatc cgaatctggt agctcaggtg aatctccggg tggctccagc 1920

ggttctgaat caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ctgagtcagg ttctggtggc 1980

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 2040

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggtt cctctgaaag cggttcttct 2100

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttccgaa 2160

agcggttctt ctgaaggcgg tccaggttct ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 2220

ggttcctccg aaagcggttc ttctgaaggt ggtccaggtg aatctccagg tggttctagc 2280

ggttctgaat caggttctgg tggcgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttcctccgaa 2340

agcggttctt ctgaaggtgg tccaggtgaa tctccaggtg gttctagcgg ttctgaatca 2400

ggttctggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtg aatctcctgg tggttccagc 2460

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg ttttccgact 2520

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 2580

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 2640

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 2700

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 2760

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2820

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2880

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2940

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 3000

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 3060

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaaggt ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa 3120

accccaggta cttctgaaag cgctactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 3180

tctggctctg aaaccccagg tagcccggca ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc 3240

tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa 3300

accccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgaaactc caggtagcga accggctact 3360

tccggttctg aaactccagg tacctctacc gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact 3420

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 3480

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac ca 3522

<210> 749
<211> 1201
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 749
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

```
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460
```

```
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
            580                 585                 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        595                 600                 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                645                 650                 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    690                 695                 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720
```

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785                 790                 795                 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
            820                 825                 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        835                 840                 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    850                 855                 860

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
865                 870                 875                 880

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                885                 890                 895

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            900                 905                 910

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        915                 920                 925

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    930                 935                 940

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
945                 950                 955                 960

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
```

```
                965                 970                 975

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            980                 985                 990

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
        995                 1000                1005

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1010                1015                1020

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1025                1030                1035

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1040                1045                1050

Cys Gly  Phe Gly Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1055                1060                1065

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1070                1075                1080

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1085                1090                1095

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1100                1105                1110

Gly Ser  Ala Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1115                1120                1125

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1130                1135                1140

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1145                1150                1155

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                1165                1170

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1175                1180                1185

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro
    1190                1195                1200
```

<210> 750
<211> 3606
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 750
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg tagcccagca 120

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 180

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 240

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg 300

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccggcaggct ctccgacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta cctctaccga accgtctgag 420

ggcagcgcac caggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca 480

ggttctccta cctccaccga ggaaggtact tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 540

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 600

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 660

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 720

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accgtctgaa 780

ggtagcgcac caggtacttc tgaaagcgca accccggaat ccggcccagg tacctctgaa 840

agcgcaaccc cggagtccgg cccaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 900

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 960

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggagt ctggcccagg tacctctact 1020

gaaccgtctg agggtagcgc tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 1080

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 1140

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 1200

gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 1320

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 1380

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 1440

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 1500

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 1560

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 1620

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 1680

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg tacctctgaa 1740

agcgcaactc ctgagtctgg cccaggtagc gaacctgcta cctccggctc tgagactcca 1800

ggtacctctg aaagcgcaac cccggaatct ggtccaggta gcgaacctgc aacctctggc 1860

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact 1920

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 1980

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 2040

tctgaaaccc caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 2100

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 2160

ggtacttcta ccgaaccttc cgagggcagc gcaccaggta cttctgaaag cgctacccct 2220

gagtccggcc caggtacttc tgaaagcgct actcctgaat ccggtccagg tacttctgaa 2280

agcgctaccc cggaatctgg cccaggtagc gaaccggcta cttctggttc tgaaacccca 2340

ggtagcgaac cggctacctc cggttctgaa actccaggta gcccagcagg ctctccgact 2400

tccactgagg aaggtacttc tactgaacct tccgaaggca gcgcaccagg tacctctact 2460

gaaccttctg agggcagcgc tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 2520

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 2580

ggcagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2640

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2700

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2760

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 2820

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 2880

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 2940

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3000

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3060

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3120

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtagc 3180

gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct 3240

ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc tctgaaaccc caggtagccc ggcaggctct 3300

ccgacttcca ccgaggaagg tacctctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtagc 3360

gaaccggcaa cctctggctc tgaaacccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa 3420

actccaggta gcgaaccggc tacttccggt tctgaaactc caggtacctc taccgaacct 3480

tccgaaggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc 3540

gaaccggcta cttctggctc tgagactcca ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc 3600

gcacca 3606

<210> 751
<211> 1212
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (430)..(432)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (443)..(446)
<223> Любая аминокислота

<400> 751
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
130 135 140

```
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
                165                 170                 175

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    290                 295                 300

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400
```

```
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
        435                 440                 445

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    450                 455                 460

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro
625                 630                 635                 640

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser
```

```
                645                 650                 655

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser
        675                 680                 685

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    690                 695                 700

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser
                725                 730                 735

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    770                 775                 780

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser
            820                 825                 830

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
        835                 840                 845

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Phe Pro Thr Ile
865                 870                 875                 880

Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu
                885                 890                 895
```

```
His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile
            900                 905                 910

Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu
        915                 920                 925

Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln
    930                 935                 940

Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln
945                 950                 955                 960

Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser
                965                 970                 975

Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp
            980                 985                 990

Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu  Met Gly Arg Leu Glu  Asp Gly Ser
        995                 1000                1005

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

Thr Asn  Ser His Asn Asp Asp  Ala Leu Leu Lys Asn  Tyr Gly Leu
    1025                1030                1035

Leu Tyr  Cys Phe Arg Lys Asp  Met Asp Lys Val Glu  Thr Phe Leu
    1040                1045                1050

Arg Ile  Val Gln Cys Arg Ser  Val Glu Gly Ser Cys  Gly Phe Gly
    1055                1060                1065

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1070                1075                1080

Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1085                1090                1095

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1100                1105                1110

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1115                1120                1125

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Glu
    1130                1135                1140
```

```
Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1145                 1150                 1155

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1160                 1165                 1170

Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1175                 1180                 1185

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1190                 1195                 1200

Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro
    1205                 1210
```

<210> 752
<211> 3639
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1287)..(1298)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1330)..(1337)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<400> 752

```
ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggta cctctcctag cggcgaatct       60

tctaccgctc caggttctac tagcgaatct ccttctggca ctgcaccagg ttctactagc      120

gaatccccgt ctggtactgc tccaggtact tctactcctg aaagcggttc cgcttctcca      180

ggtacctcta ctccggaaag cggttctgca tctccaggtt ctaccagcga atctccttct      240

ggcaccgctc caggttctac tagcgaatcc ccgtctggta ccgcaccagg tacttctcct      300

agcggcgaat cttctaccgc accaggttct actagcgaat ctccgtctgg cactgctcca      360

ggtacttctc ctagcggtga atcttctacc gctccaggta cttcccctag cggcgaatct      420

tctaccgctc caggttctac tagctctact gcagaatctc cgggcccagg tacctctcct      480

agcggtgaat cttctaccgc tccaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgctcca      540

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc      600

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctccagg ttctactagc      660
```

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 720

ggtacctcta cccctgaaag cggttccgct tctccaggtt ctaccagctc taccgcagaa 780

tctcctggtc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg ttctactagc 840

gaatctcctt ctggcactgc accaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgcacca 900

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggta cttctccgag cggtgaatct 960

tctactgctc caggtacctc tactcctgaa agcggttctg catctccagg ttccactagc 1020

tctaccgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgctgaatc tcctggccca 1080

ggttctacta gctctactgc tgaatctccg ggtccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 1140

tctcctggtc caggtacctc cccgagcggt gaatcttcta ctgcaccagg ttctactagc 1200

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 1260

ggtacctcta cccctgaaag cggtccnnnn nnnnnnnntg caagcgcaag cggcgcgcca 1320

agcacgggan nnnnnnntag cgaatctcct tctggtaccg ctccaggttc taccagcgaa 1380

tccccgtctg gtactgctcc aggttctacc agcgaatctc cttctggtac tgcaccaggt 1440

tctactagcg aatctccttc tggtaccgct ccaggttcta ccagcgaatc cccgtctggt 1500

actgctccag gttctaccag cgaatctcct tctggtactg caccaggtac ttctactccg 1560

gaaagcggtt ccgcatctcc aggtacttct cctagcggtg aatcttctac tgctccaggt 1620

acctctccta gcggcgaatc ttctactgct ccaggttcta ccagctctac tgctgaatct 1680

ccgggtccag gtacttcccc gagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ttctactccg 1740

gaaagcggtt ccgcttctcc aggttctacc agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt 1800

tctactagcg aatccccgtc tggtaccgca ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgcaccag gttctactag cgaatccccg tctggtaccg caccaggtac ttctaccccg 1920

gaaagcggct ctgcttctcc aggtacttct accccggaaa gcggctccgc atctccaggt 1980

tctactagcg aatctccttc tggtaccgct ccaggtactt ctacccctga aagcggctcc 2040

gcttctccag gttccactag ctctaccgct gaatctccgg gtccaggttc taccagcgaa 2100

tctccttctg gcaccgctcc aggttctact agcgaatccc cgtctggtac cgcaccaggt 2160

acttctccta gcggcgaatc ttctaccgca ccaggttcta ccagctctac tgctgaatct 2220

ccgggtccag gtacttcccc gagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ttctactccg 2280

gaaagcggtt ccgcttctcc aggtacctcc cctagcggcg aatcttctac tgctccaggt 2340

acctctccta gcggcgaatc ttctaccgct ccaggtacct cccctagcgg tgaatcttct 2400

accgcaccag gttctactag ctctactgct gaatctccgg gtccaggttc taccagctct 2460

actgctgaat ctcctggtcc aggtacctcc ccgagcggtg aatcttctac tgcaccaggt 2520

tctagccctt ctgcttccac cggtaccggc ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaact 2580

ggctctccag gtagctctac tccgtctggt gcaaccggct ccccaggttt tccgactatt 2640

ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc 2700

tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc tacattccta aagagcagaa gtactctttc 2760

ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc 2820

gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa ctactccgca tttctctgct tctgattcag 2880

agctggctag aaccagtgca atttctgcgt tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc 2940

gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg 3000

atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt actggtcaga tcttcaagca gacttactct 3060

aaatttgata ctaacagcca caatgacgat gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat 3120

tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc 3180

gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggt agcgaaccgg caacttccgg ctctgaaacc 3240

ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctct 3300

ggctctgaaa ccccaggtag cccggcaggc tctccgactt ccaccgagga aggtacctct 3360

actgaacctt ctgagggtag cgctccaggt agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc 3420

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gaaactccag gtagcgaacc ggctacttcc 3480

ggttctgaaa ctccaggtac ctctaccgaa ccttccgaag gcagcgcacc aggtacttct 3540

gaaagcgcaa cccctgaatc cggtccaggt agcgaaccgg ctacttctgg ctctgagact 3600

ccaggtactt ctaccgaacc gtccgaaggt agcgcacca 3639

<210> 753
<211> 1201
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 753

Gly	Ala	Ser	Pro	Gly	Thr	Ser	Ser	Thr	Gly	Ser	Pro	Gly	Ser	Ser	Pro
1				5				10					15		

Ser	Ala	Ser	Thr	Gly	Thr	Gly	Pro	Gly	Ser	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser	Thr
			20				25				30				

Gly	Thr	Gly	Pro	Gly	Thr	Pro	Gly	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Ser	Ser	Pro
		35					40					45			

Gly	Ser	Ser	Thr	Pro	Ser	Gly	Ala	Thr	Gly	Ser	Pro	Gly	Ser	Asn	Pro
	50					55					60				

```
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65                  70                  75                  80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
            100                 105                 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        115                 120                 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                165                 170                 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
        195                 200                 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            260                 265                 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
```

```
305                 310                 315                 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
            340                 345                 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        355                 360                 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                405                 410                 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        435                 440                 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    450                 455                 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    530                 535                 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
545                 550                 555                 560
```

```
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            580                 585                 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
        595                 600                 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
625                 630                 635                 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                645                 650                 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
        675                 680                 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
    690                 695                 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
705                 710                 715                 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
                725                 730                 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
    770                 775                 780

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
                805                 810                 815
```

```
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            820                 825                 830

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
        835                 840                 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
865                 870                 875                 880

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                885                 890                 895

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            900                 905                 910

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        915                 920                 925

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    930                 935                 940

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
945                 950                 955                 960

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                965                 970                 975

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            980                 985                 990

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
        995                 1000                1005

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1010                1015                1020

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1025                1030                1035

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1040                1045                1050

Cys Gly  Phe Gly Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1055                1060                1065
```

```
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1070                 1075                 1080

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1085                 1090                 1095

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1100                 1105                 1110

Gly Ser  Ala Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1115                 1120                 1125

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1130                 1135                 1140

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1145                 1150                 1155

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                 1165                 1170

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1175                 1180                 1185

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro
    1190                 1195                 1200
```

<210> 754
<211> 3606
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 754

```
ggtgcttccc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctact       60

ggtactggtc caggttctag cccttctgct tccactggta ctggtccagg taccccgggt      120

agcggtaccg cttcttcttc tccaggtagc tctactccgt ctggtgctac cggctctcca      180

ggttctaacc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtg cttctccggg caccagctct      240

actggttctc caggtacccc gggcagcggt accgcatctt cttctccagg tagctctact      300

ccttctggtg caactggttc tccaggtact cctggcagcg gtaccgcttc ttcttctcca      360

ggtgcttctc ctggtactag ctctactggt tctccaggtg cttctccggg cactagctct      420

actggttctc caggtacccc gggtagcggt actgcttctt cctctccagg tagctctacc      480
```

ccttctggtg caaccggctc tccaggtgct tctccgggca ccagctctac cggttctcca 540

ggtaccccgg gtagcggtac cgcttcttct tctccaggta gctctactcc gtctggtgct 600

accggctctc caggttctaa cccttctgca tccaccggta ccggcccagg ttctagccct 660

tctgcttcca ccggtactgg cccaggtagc tctacccctt ctggtgctac cggctcccca 720

ggtagctcta ctccttctgg tgcaactggc tctccaggtg catctccggg cactagctct 780

actggttctc caggtgcatc ccctggcact agctctactg gttctccagg tgcttctcct 840

ggtaccagct ctactggttc tccaggtact cctggcagcg gtaccgcttc ttcttctcca 900

ggtgcttctc ctggtactag ctctactggt tctccaggtg cttctccggg cactagctct 960

actggttctc caggtgcttc cccgggcact agctctaccg gttctccagg ttctagccct 1020

tctgcatcta ctggtactgg cccaggtact ccgggcagcg gtactgcttc ttcctctcca 1080

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 1140

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctccagg tagctctact 1200

ccgtctggtg caaccggttc cccaggtagc tctactcctt ctggtgctac tggctcccca 1260

ggtgcatccc ctggcaccag ctctaccggt tctccaggta ccccgggcag cggtaccgca 1320

tcttcctctc caggtagctc taccccgtct ggtgctaccg gttccccagg tagctctacc 1380

ccgtctggtg caaccggctc cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctcccca 1440

ggttctagcc cgtctgcttc cactggtact ggcccaggtg cttccccggg caccagctct 1500

actggttctc caggtgcatc cccgggtacc agctctaccg gttctccagg tactcctggc 1560

agcggtactg catcttcctc tccaggtgct tctccgggca ccagctctac tggttctcca 1620

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 1680

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctccagg taccccctggt 1740

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctactccgt ctggtgctac cggttctcca 1800

ggtaccccgg gtagcggtac cgcatcttct tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 1860

actggttctc caggtactcc gggcagcggt actgcttctt cctctccagg tagctctacc 1920

ccttctggtg ctactggctc tccaggtagc tctaccccgt ctggtgctac tggctcccca 1980

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggtccaggtt ctagcccgtc tgcatctact 2040

ggtactggtc caggtgcatc cccgggcact agctctaccg gttctccagg tactcctggt 2100

agcggtactg cttcttcttc tccaggtagc tctactcctt ctggtgctac tggttctcca 2160

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 2220

ggtactggtc caggtgcttc tccgggtact agctctactg gttctccagg tgcatctcct 2280

ggtactagct ctactggttc tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctctcca 2340

ggttctagcc cttctgcatc taccggtact ggtccaggtg catcccctgg taccagctct 2400

accggttctc caggttctag cccttctgct tctaccggta ccggtccagg taccctggc 2460

agcggtaccg catcttcctc tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 2520

ggtagctcta ctccttctgg tgctactggc tccccaggtg catcccctgg caccagctct 2580

accggttctc caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2640

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2700

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2760

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 2820

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 2880

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 2940

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3000

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3060

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3120

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtagc 3180

gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct 3240

ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc tctgaaaccc caggtagccc ggcaggctct 3300

ccgacttcca ccgaggaagg tacctctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtagc 3360

gaaccggcaa cctctggctc tgaaacccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa 3420

actccaggta gcgaaccggc tacttccggt tctgaaactc caggtacctc taccgaacct 3480

tccgaaggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc 3540

gaaccggcta cttctggctc tgagactcca ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc 3600

gcacca 3606

<210> 755
<211> 1212
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 755

Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro
1				5				10						15	

Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr
		20					25					30			

```
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285
```

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser
        435                 440                 445

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
    450                 455                 460

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
    530                 535                 540
```

```
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
545                 550                 555                 560

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
                565                 570                 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser
            580                 585                 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
        595                 600                 605

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
625                 630                 635                 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                645                 650                 655

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro
                725                 730                 735

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            740                 745                 750

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
    770                 775                 780

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
```

785 790 795 800

Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
805 810 815

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
820 825 830

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
835 840 845

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
850 855 860

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr Ile
865 870 875 880

Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu
885 890 895

His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile
900 905 910

Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu
915 920 925

Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln
930 935 940

Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln
945 950 955 960

Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser
965 970 975

Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp
980 985 990

Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu Glu Asp Gly Ser
995 1000 1005

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

Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
1025 1030 1035

```
Leu Tyr  Cys Phe Arg Lys Asp  Met Asp Lys Val Glu  Thr Phe Leu
    1040                1045                1050

Arg Ile  Val Gln Cys Arg Ser  Val Glu Gly Ser Cys  Gly Phe Gly
    1055                1060                1065

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1070                1075                1080

Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1085                1090                1095

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1100                1105                1110

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1115                1120                1125

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Glu
    1130                1135                1140

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1145                1150                1155

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1160                1165                1170

Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1175                1180                1185

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1190                1195                1200

Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro
    1205                1210
```

<210> 756
<211> 3639
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 756
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaagg ttctaccagc 120

tctaccgcag aatctcctgg tccaggtacc tctactccgg aaagcggctc tgcatctcca 180

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggttccg cttctccagg tacctctact 300

ccggaaagcg gttctgcatc tccaggtagc gaaccggcaa cctccggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatcc ggcccaggta gcccggcagg ttctccgact 420

tccactgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc cggagtccgg tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 540

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 600

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tacttctacc 660

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 720

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cctctactga accttccgaa 780

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 840

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 900

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 960

tccaccgagg aaggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttctccagg tactccgggc 1020

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctacccctt ctggtgctac tggctctcca 1080

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 1140

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tagccctgct 1200

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtg caagcgcaag cggcgcgcca 1320

agcacgggag gtacttctga aagcgctact cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc 1380

tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg gctggctctc caacttctac tgaagaaggt 1440

tctaccagct ctaccgctga atctcctggc ccaggttcta ctagcgaatc tccgtctggc 1500

accgcaccag gtacttcccc tagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ccctggcagc 1560

ggtaccgctt cttcctctcc aggtagctct accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt 1620

tctagcccgt ctgcatctac cggtaccggc ccaggtagcg aaccggcaac ctccggctct 1680

gaaactccag gtacttctga aagcgctact ccggaatccg gcccaggtag cgaaccggct 1740

acttccggct ctgaaacccc aggttccacc agctctactg cagaatctcc gggcccaggt 1800

tctactagct ctactgcaga atctccgggt ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgctccag gtagcgaacc ggcaacctct ggctctgaaa ctccaggtag cgaacctgca 1920

acctccggct ctgaaacccc aggtacttct actgaacctt ctgagggcag cgcaccaggt 1980

tctaccagct ctaccgcaga atctcctggt ccaggtacct ctactccgga aagcggctct 2040

gcatctccag gttctactag cgaatctcct tctggcactg caccaggtac ttctaccgaa 2100

ccgtccgaag gcagcgctcc aggtacctct actgaacctt ccgagggcag cgctccaggt 2160

acctctaccg aaccttctga aggtagcgca ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaacc 2220

ggctccccag gttctagccc gtctgcttcc actggtactg gcccaggtgc ttccccgggc 2280

accagctcta ctggttctcc aggtagcgaa cctgctacct ccggttctga aaccccaggt 2340

acctctgaaa gcgcaactcc ggagtctggt ccaggtagcc ctgcaggttc tcctacctcc 2400

actgaggaag gtagctctac tccgtctggt gcaaccggct ccccaggttc tagcccgtct 2460

gcttccactg gtactggccc aggtgcttcc ccgggcacca gctctactgg ttctccaggt 2520

acctctgaaa gcgctactcc ggagtctggc ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt 2580

agcgctccag gtacttctac tgaaccgtcc gaaggtagcg caccaggttt tccgactatt 2640

ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc 2700

tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc tacattccta aagagcagaa gtactctttc 2760

ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc 2820

gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa ctactccgca tttctctgct tctgattcag 2880

agctggctag aaccagtgca atttctgcgt tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc 2940

gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg 3000

atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt actggtcaga tcttcaagca gacttactct 3060

aaatttgata ctaacagcca caatgacgat gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat 3120

tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc 3180

gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggt agcgaaccgg caacttccgg ctctgaaacc 3240

ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctct 3300

ggctctgaaa ccccaggtag cccggcaggc tctccgactt ccaccgagga aggtacctct 3360

actgaacctt ctgagggtag cgctccaggt agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc 3420

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gaaactccag gtagcgaacc ggctacttcc 3480

ggttctgaaa ctccaggtac ctctaccgaa ccttccgaag gcagcgcacc aggtacttct 3540

gaaagcgcaa cccctgaatc cggtccaggt agcgaaccgg ctacttctgg ctctgagact 3600

ccaggtactt ctaccgaacc gtccgaaggt agcgcacca 3639

<210> 757
<211> 1251
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 757

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
```

```
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750
```

```
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005
```

```
Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr
    1100                1105                1110

Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser
    1115                1120                1125

Ala Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly
    1130                1135                1140

Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Thr
    1145                1150                1155

Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser
    1160                1165                1170

Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser
    1175                1180                1185

Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly
    1190                1195                1200

Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala Pro Gly  Thr Ser Thr
    1205                1210                1215

Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro
    1220                1225                1230

Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser
```

1235 1240 1245

Ala Pro Gly
1250

<210> 758
<211> 3753
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 758
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc tacccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tggtagcgaa ccggcaactt ccggctctga aaccccaggt 3360

acttctgaaa gcgctactcc tgagtctggc ccaggtagcg aacctgctac ctctggctct 3420

gaaaccccag gtagcccggc aggctctccg acttccaccg aggaaggtac ctctactgaa 3480

ccttctgagg gtagcgctcc aggtagcgaa ccggcaacct ctggctctga aaccccaggt 3540

agcgaacctg ctacctccgg ctctgaaact ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct 3600

gaaactccag gtacctctac cgaaccttcc gaaggcagcg caccaggtac ttctgaaagc 3660

gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa ccggctactt ctggctctga gactccaggt 3720

acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca cca 3753

<210> 759
<211> 1261
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 759

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1               5                  10                  15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
    50                  55                  60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65                  70                  75                  80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
                85                  90                  95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140
```

```
Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400
```

```
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
```

645 650 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
675 680 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
690 695 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
725 730 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
740 745 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
755 760 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
770 775 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785 790 795 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
805 810 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
820 825 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
835 840 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
850 855 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865 870 875 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
885 890 895

```
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1115                1120                1125

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1130                1135                1140
```

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1145 1150 1155

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1160 1165 1170

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1175 1180 1185

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1190 1195 1200

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1205 1210 1215

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1220 1225 1230

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1235 1240 1245

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1250 1255 1260

<210> 760
<211> 3756
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 760
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc taccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtg ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttcggagg tacttctgaa agcgctactc cggagtccgg tccaggtacc 3360

tctaccgaac cgtccgaagg cagcgctcca ggtacttcta ctgaaccttc tgagggtagc 3420

gctccaggta cttctgaaag cgctactccg gagtccggtc caggtacctc taccgaaccg 3480

tccgaaggca gcgctccagg tacttctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtacc 3540

tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc 3600

gctccaggta cttctactga accgtccgaa ggtagcgcac caggtacttc taccgaaccg 3660

tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca ggttctccta cctccaccga ggaaggtact 3720

tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca ggttaa 3756

<210> 761
<211> 1655
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 761

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                  10                  15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
```

```
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285
```

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
        435                 440                 445

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
                485                 490                 495

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
            500                 505                 510

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
    530                 535                 540
```

```
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
625                 630                 635                 640

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
                645                 650                 655

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
        675                 680                 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
                725                 730                 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
    770                 775                 780

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
785                 790                 795                 800
```

```
Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
            820                 825                 830

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
        835                 840                 845

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Ala Ser
865                 870                 875                 880

Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr
                885                 890                 895

Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr
            900                 905                 910

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
        915                 920                 925

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
    930                 935                 940

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
945                 950                 955                 960

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
            980                 985                 990

Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu  Ser Gly Ser Ala Ser  Pro Gly Thr
        995                 1000                1005

Ser Pro  Ser Gly Glu Ser Ser  Thr Ala Pro Gly Thr  Ser Pro Ser
    1010                1015                1020

Gly Glu  Ser Ser Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1025                1030                1035

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
```

```
    1040                1045                1050

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1055                1060                1065

Thr Ser  Glu Ser Pro Ser Gly  Thr Ala Pro Gly Ser  Thr Ser Glu
    1070                1075                1080

Ser Pro  Ser Gly Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Thr Pro  Glu Ser Gly
    1085                1090                1095

Ser Ala  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1100                1105                1110

Glu Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1115                1120                1125

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1130                1135                1140

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1145                1150                1155

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1160                1165                1170

Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1175                1180                1185

Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro
    1190                1195                1200

Ser Gly  Ala Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Thr Ser Glu  Ser Pro Ser
    1205                1210                1215

Gly Thr  Ala Pro Gly Thr Ser  Pro Ser Gly Glu Ser  Ser Thr Ala
    1220                1225                1230

Pro Gly  Ser Thr Ser Ser Thr  Ala Glu Ser Pro Gly  Pro Gly Ser
    1235                1240                1245

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1250                1255                1260

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala
    1265                1270                1275
```

```
Ser Ser  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1280                 1285                 1290

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1295                 1300                 1305

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Phe  Pro Thr Ile
    1310                 1315                 1320

Pro Leu  Ser Arg Leu Phe Asp  Asn Ala Met Leu Arg  Ala His Arg
    1325                 1330                 1335

Leu His  Gln Leu Ala Phe Asp  Thr Tyr Gln Glu Phe  Glu Glu Ala
    1340                 1345                 1350

Tyr Ile  Pro Lys Glu Gln Lys  Tyr Ser Phe Leu Gln  Asn Pro Gln
    1355                 1360                 1365

Thr Ser  Leu Cys Phe Ser Glu  Ser Ile Pro Thr Pro  Ser Asn Arg
    1370                 1375                 1380

Glu Glu  Thr Gln Gln Lys Ser  Asn Leu Glu Leu Leu  Arg Ile Ser
    1385                 1390                 1395

Leu Leu  Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
    1400                 1405                 1410

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1415                 1420                 1425

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1430                 1435                 1440

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1445                 1450                 1455

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1460                 1465                 1470

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1475                 1480                 1485

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1490                 1495                 1500

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Gly Ser Glu Pro  Ala Thr Ser
    1505                 1510                 1515
```

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1520 1525 1530

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
1535 1540 1545

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1550 1555 1560

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
1565 1570 1575

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
1580 1585 1590

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
1595 1600 1605

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1610 1615 1620

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
1625 1630 1635

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1640 1645 1650

Ala Pro
1655

<210> 762
<211> 4968
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 762
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaagg ttctaccagc 120

tctaccgcag aatctcctgg tccaggtacc tctactccgg aaagcggctc tgcatctcca 180

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggttccg cttctccagg tacctctact 300

ccggaaagcg gttctgcatc tccaggtagc gaaccggcaa cctccggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatcc ggcccaggta gcccggcagg ttctccgact 420

tccactgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc cggagtccgg tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 540

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 600

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tacttctacc 660

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 720

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cctctactga accttccgaa 780

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 840

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 900

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 960

tccaccgagg aaggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttctccagg tactccgggc 1020

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctacccctt ctggtgctac tggctctcca 1080

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 1140

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tagccctgct 1200

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtc cagaaccaac ggggccggcc 1320

ccaagcggag gtagcgaacc ggcaacctcc ggctctgaaa ccccaggtac ctctgaaagc 1380

gctactcctg aatccggccc aggtagcccg gcaggttctc cgacttccac tgaggaaggt 1440

acttctgaaa gcgctactcc tgagtccggc ccaggtagcc cggctggctc tccgacttcc 1500

accgaggaag gtagcccggc tggctctcca acttctactg aagaaggtac ttctgaaagc 1560

gctactcctg agtccggccc aggtagcccg gctggctctc cgacttccac cgaggaaggt 1620

agcccggctg gctctccaac ttctactgaa gaaggttcta ccagctctac cgctgaatct 1680

cctggcccag gttctactag cgaatctccg tctggcaccg caccaggtac ttcccctagc 1740

ggtgaatctt ctactgcacc aggttctacc agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt 1800

tctactagcg aatccccgtc tggtaccgca ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgcaccag gtacttctac cgaaccttcc gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc 1920

gctacccctg agtccggccc aggtacttct gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt 1980

agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc ccaggtacct ctgaaagcgc tactccggaa 2040

tctggtccag gtacttctga aagcgctact ccggaatccg gtccaggtac ctctactgaa 2100

ccttctgagg gcagcgctcc aggtacttct gaaagcgcta ccccggagtc cggtccaggt 2160

acttctactg aaccgtccga aggtagcgca ccaggtacct cccctagcgg cgaatcttct 2220

actgctccag gtacctctcc tagcggcgaa tcttctaccg ctccaggtac ctcccctagc 2280

ggtgaatctt ctaccgcacc aggtacttct accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt 2340

agcccagcag gttctcctac ctccaccgag gaaggtactt ctaccgaacc gtccgagggt 2400

agcgcaccag gttctagccc ttctgcttcc accggtaccg gcccaggtag ctctactccg 2460

tctggtgcaa ctggctctcc aggtagctct actccgtctg gtgcaaccgg ctccccaggt 2520

agctctaccc cgtctggtgc taccggctct ccaggtagct ctaccccgtc tggtgcaacc 2580

ggctccccag gtgcatcccc gggtactagc tctaccggtt ctccaggtgc aagcgcaagc 2640

ggcgcgccaa gcacgggagg tacttctccg agcggtgaat cttctaccgc accaggttct 2700

actagctcta ccgctgaatc tccgggccca ggtacttctc cgagcggtga atcttctact 2760

gctccaggta cctctgaaag cgctactccg gagtctggcc caggtacctc tactgaaccg 2820

tctgagggta gcgctccagg tacttctact gaaccgtccg aaggtagcgc accaggttct 2880

agcccttctg catctactgg tactggccca ggtagctcta ctccttctgg tgctaccggc 2940

tctccaggtg cttctccggg tactagctct accggttctc caggtacttc tactccggaa 3000

agcggttccg catctccagg tacttctcct agcggtgaat cttctactgc tccaggtacc 3060

tctcctagcg gcgaatcttc tactgctcca ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc 3120

ggtccaggta gcgaaccggc tacttctggc tctgagactc caggtacttc taccgaaccg 3180

tccgaaggta gcgcaccagg ttctaccagc gaatcccctt ctggtactgc tccaggttct 3240

accagcgaat ccccttctgg caccgcacca ggtacttcta cccctgaaag cggctccgct 3300

tctccaggta gcccggcagg ctctccgacc tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgca 3360

accccggagt ccggcccagg tacctctacc gaaccgtctg agggcagcgc accaggtagc 3420

cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc 3480

ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt tctgaaaccc caggtagctc taccccgtct 3540

ggtgctaccg gttccccagg tgcttctcct ggtactagct ctaccggttc tccaggtagc 3600

tctaccccgt ctggtgctac tggctctcca ggttctacta gcgaatcccc gtctggtact 3660

gctccaggta cttcccctag cggtgaatct tctactgctc caggttctac cagctctacc 3720

gcagaatctc cgggtccagg tagctctacc ccttctggtg caaccggctc tccaggtgca 3780

tccccgggta ccagctctac cggttctcca ggtactccgg gtagcggtac cgcttcttcc 3840

tctccaggta gccctgctgg ctctccgact tctactgagg aaggtagccc ggctggttct 3900

ccgacttcta ctgaggaagg tacttctacc gaaccttccg aaggtagcgc tccaggtttt 3960

ccgactattc cgctgtctcg tctgtttgat aatgctatgc tgcgtgcgca ccgtctgcac 4020

cagctggcct ttgatactta ccaggaattt gaagaagcct acattcctaa agagcagaag 4080

tactctttcc tgcaaaaccc acagacttct ctctgcttca gcgaatctat tccgacgcct 4140

tccaatcgcg aggaaactca gcaaaagtcc aatctggaac tactccgcat ttctctgctt 4200

ctgattcaga gctggctaga accagtgcaa tttctgcgtt ccgtcttcgc caatagccta 4260

gtttatggcg catccgacag caacgtatac gatctcctga aagatctcga ggaaggcatt 4320

cagaccctga tgggtcgtct cgaggatggc tctccgcgta ctggtcagat cttcaagcag 4380

acttactcta aatttgatac taacagccac aatgacgatg cgcttctaaa aaactatggt 4440

ctgctgtatt gttttcgtaa agatatggac aaagttgaaa ccttcctgcg tattgttcag 4500

tgtcgttccg ttgagggcag ctgtggtttc taaggtggta gcgaaccggc aacttccggc 4560

tctgaaaccc caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ctggcccagg tagcgaacct 4620

gctacctctg gctctgaaac cccaggtagc ccggcaggct ctccgacttc caccgaggaa 4680

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggtagc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 4740

tctgaaaccc caggtagcga acctgctacc tccggctctg aaactccagg tagcgaaccg 4800

gctacttccg gttctgaaac tccaggtacc tctaccgaac cttccgaagg cagcgcacca 4860

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggta gcgaaccggc tacttctggc 4920

tctgagactc caggtacttc taccgaaccg tccgaaggta gcgcacca 4968

<210> 763
<211> 530
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 763
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
50 55 60

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
65 70 75 80

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
85 90 95

```
Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
            100                 105                 110

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
        115                 120                 125

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
    130                 135                 140

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
145                 150                 155                 160

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
                165                 170                 175

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
            180                 185                 190

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
        195                 200                 205

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
    210                 215                 220

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
225                 230                 235                 240

Phe Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
                245                 250                 255

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
            260                 265                 270

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
        275                 280                 285

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
    290                 295                 300

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
305                 310                 315                 320

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
                325                 330                 335

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
            340                 345                 350
```

```
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
        355                 360                 365

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
    370                 375                 380

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
385                 390                 395                 400

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
                405                 410                 415

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
            420                 425                 430

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
        435                 440                 445

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
    450                 455                 460

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
465                 470                 475                 480

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
                485                 490                 495

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
            500                 505                 510

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
        515                 520                 525

Ala Pro
    530
```

<210> 764
<211> 1593
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 764
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt 180

gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa 240

tttgaagaag cctacattcc taaagagcag aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact 300

tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag 360

tccaatctgg aactactccg catttctctg cttctgattc agagctggct agaaccagtg 420

caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta 480

tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat 540

ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag cagacttact ctaaatttga tactaacagc 600

cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg 660

gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt 720

ttctaaggtg gtacctctga aagcgcaact cctgagtctg gcccaggtag cgaacctgct 780

acctccggct ctgagactcc aggtacctct gaaagcgcaa ccccggaatc tggtccaggt 840

agcgaacctg caacctctgg ctctgaaacc ccaggtacct ctgaaagcgc tactcctgaa 900

tctggcccag gtacttctac tgaaccgtcc gagggcagcg caccaggtag ccctgctggc 960

tctccaacct ccaccgaaga aggtacctct gaaagcgcaa cccctgaatc cggcccaggt 1020

agcgaaccgg caacctccgg ttctgaaacc ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag 1080

tccggcccag gtagcccggc tggctctccg acttccaccg aggaaggtag cccggctggc 1140

tctccaactt ctactgaaga aggtacttct accgaacctt ccgagggcag cgcaccaggt 1200

acttctgaaa gcgctacccc tgagtccggc ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgaa 1260

tccggtccag gtacttctga aagcgctacc ccggaatctg gcccaggtag cgaaccggct 1320

acttctggtt ctgaaacccc aggtagcgaa ccggctacct ccggttctga aactccaggt 1380

agcccagcag gctctccgac ttccactgag gaaggtactt ctactgaacc ttccgaaggc 1440

agcgcaccag gtacctctac tgaaccttct gagggcagcg ctccaggtag cgaacctgca 1500

acctctggct ctgaaacccc aggtacctct gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt 1560

acttctactg aaccgtccga gggcagcgca cca 1593

<210> 765
<211> 530
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 765
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

```
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
    50                  55                  60

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
65                  70                  75                  80

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
                85                  90                  95

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
            100                 105                 110

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
        115                 120                 125

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
    130                 135                 140

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
145                 150                 155                 160

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
                165                 170                 175

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
            180                 185                 190

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
        195                 200                 205

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
    210                 215                 220

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
225                 230                 235                 240

Phe Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
                245                 250                 255

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
```

```
            260                 265                 270

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
        275                 280                 285

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
    290                 295                 300

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
305                 310                 315                 320

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
                325                 330                 335

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
            340                 345                 350

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
        355                 360                 365

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
    370                 375                 380

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
385                 390                 395                 400

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
                405                 410                 415

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
            420                 425                 430

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
        435                 440                 445

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
    450                 455                 460

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
465                 470                 475                 480

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
                485                 490                 495

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
            500                 505                 510
```

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
515 520 525

Ala Pro
530

<210> 766
<211> 1593
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 766
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt tttccgacta ttccgctgtc tcgtctgttt 180

gataatgcta tgctgcgtgc gcaccgtctg caccagctgg cctttgatac ttaccaggaa 240

tttgaagaag cctacattcc taaagagcag aagtactctt tcctgcaaaa cccacagact 300

tctctctgct tcagcgaatc tattccgacg ccttccaatc gcgaggaaac tcagcaaaag 360

tccaatctgg aactactccg catttctctg cttctgattc agagctggct agaaccagtg 420

caatttctgc gttccgtctt cgccaatagc ctagtttatg gcgcatccga cagcaacgta 480

tacgatctcc tgaaagatct cgaggaaggc attcagaccc tgatgggtcg tctcgaggat 540

ggctctccgc gtactggtca gatcttcaag cagacttact ctaaatttga tactaacagc 600

cacaatgacg atgcgcttct aaaaaactat ggtctgctgt attgttttcg taaagatatg 660

gacaaagttg aaaccttcct gcgtattgtt cagtgtcgtt ccgttgaggg cagctgtggt 720

ttctaaggtg gtacctctga aagcgcaact cctgagtctg gcccaggtag cgaacctgct 780

acctccggct ctgagactcc aggtacctct gaaagcgcaa ccccggaatc tggtccaggt 840

agcgaacctg caacctctgg ctctgaaacc ccaggtacct ctgaaagcgc tactcctgaa 900

tctggcccag gtacttctac tgaaccgtcc gagggcagcg caccaggtag ccctgctggc 960

tctccaacct ccaccgaaga aggtacctct gaaagcgcaa cccctgaatc cggcccaggt 1020

agcgaaccgg caacctccgg ttctgaaacc ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag 1080

tccggcccag gtagcccggc tggctctccg acttccaccg aggaaggtag cccggctggc 1140

tctccaactt ctactgaaga aggtacttct accgaacctt ccgagggcag cgcaccaggt 1200

acttctgaaa gcgctacccc tgagtccggc ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgaa 1260

tccggtccag gtacttctga aagcgctacc ccggaatctg gcccaggtag cgaaccggct 1320

acttctggtt ctgaaacccc aggtagcgaa ccggctacct ccggttctga aactccaggt 1380

agcccagcag gctctccgac ttccactgag gaaggtactt ctactgaacc ttccgaaggc 1440

agcgcaccag gtacctctac tgaaccttct gagggcagcg ctccaggtag cgaacctgca 1500

acctctggct ctgaaacccc aggtacctct gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt 1560

acttctactg aaccgtccga gggcagcgca cca 1593

<210> 767
<211> 625
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 767

```
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1               5                  10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            20                  25                  30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    50                  55                  60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65                  70                  75                  80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
            100                 105                 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        115                 120                 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
145                 150                 155                 160

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                165                 170                 175
```

```
Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            180                 185                 190

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        195                 200                 205

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    210                 215                 220

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
225                 230                 235                 240

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                245                 250                 255

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            260                 265                 270

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
        275                 280                 285

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
    290                 295                 300

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
305                 310                 315                 320

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
                325                 330                 335

Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        355                 360                 365

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
                405                 410                 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
            420                 425                 430
```

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
435 440 445

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
450 455 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
465 470 475 480

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
485 490 495

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
515 520 525

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
530 535 540

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
545 550 555 560

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
565 570 575

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
580 585 590

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
610 615 620

Pro
625

<210> 768
<211> 1878
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 768
ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa accccaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tctggctctg aaaccccagg tagcccggca 120

ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca 180

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta gcgaacctgc tacctccggc 240

tctgaaactc caggtagcga accggctact tccggttctg aaactccagg tacctctacc 300

gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact tctgaaagcg caacccctga atccggtcca 360

ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag actccaggta cttctaccga accgtccgaa 420

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 480

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 540

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 600

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 660

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 720

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 780

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 840

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 900

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 960

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtacc 1020

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag 1080

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc 1140

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 1200

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 1260

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 1320

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 1380

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 1440

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct 1500

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact 1560

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa 1620

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct 1680

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc 1740

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 1800

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 1860

tccgagggca gcgcacca 1878

<210> 769
<211> 769
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 769
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
165 170 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
180 185 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
195 200 205

```
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    210                 215                 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
                245                 250                 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
    290                 295                 300

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
305                 310                 315                 320

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
                325                 330                 335

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
            340                 345                 350

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
        355                 360                 365

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
    370                 375                 380

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
385                 390                 395                 400

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
                405                 410                 415

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
            420                 425                 430

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
        435                 440                 445

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
```

```
    450                 455                 460

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
465                 470                 475                 480

Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
545                 550                 555                 560

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                565                 570                 575

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
            580                 585                 590

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        595                 600                 605

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
    610                 615                 620

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
625                 630                 635                 640

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
            660                 665                 670

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
        675                 680                 685

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700
```

```
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
705                 710                 715                 720

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
                725                 730                 735

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            740                 745                 750

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
        755                 760                 765

Pro
```

<210> 770
<211> 2310
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 770

```
ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc       60

tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca accccggaat ctggtccagg tagcgaacct      120

gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg ctactcctga atctggccca      180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc      240

tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg      300

gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca      360

ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact      420

tctactgaag aaggtacttc taccgaacct tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa      480

agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca      540

ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt      600

tctgaaaccc caggtagcga accggctacc tccggttctg aaactccagg tagcccagca      660

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca      720

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc      780

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact      840

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtttt ccgactattc cgctgtctcg tctgtttgat      900

aatgctatgc tgcgtgcgca ccgtctgcac cagctggcct ttgatactta ccaggaattt      960

gaagaagcct acattcctaa agagcagaag tactctttcc tgcaaaaccc acagacttct     1020
```

ctctgcttca gcgaatctat tccgacgcct tccaatcgcg aggaaactca gcaaaagtcc 1080

aatctggaac tactccgcat ttctctgctt ctgattcaga gctggctaga accagtgcaa 1140

tttctgcgtt ccgtcttcgc caatagccta gtttatggcg catccgacag caacgtatac 1200

gatctcctga aagatctcga ggaaggcatt cagaccctga tgggtcgtct cgaggatggc 1260

tctccgcgta ctggtcagat cttcaagcag acttactcta aatttgatac taacagccac 1320

aatgacgatg cgcttctaaa aaactatggt ctgctgtatt gttttcgtaa agatatggac 1380

aaagttgaaa ccttcctgcg tattgttcag tgtcgttccg ttgagggcag ctgtggtttc 1440

taaggtggta cctctgaaag cgcaactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 1500

tccggctctg agactccagg tacctctgaa agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc 1560

gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct 1620

ggcccaggta cttctactga accgtccgag ggcagcgcac caggtagccc tgctggctct 1680

ccaacctcca ccgaagaagg tacctctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg cccaggtagc 1740

gaaccggcaa cctccggttc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtcc 1800

ggcccaggta gcccggctgg ctctccgact tccaccgagg aaggtagccc ggctggctct 1860

ccaacttcta ctgaagaagg tacttctacc gaaccttccg agggcagcgc accaggtact 1920

tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc 1980

ggtccaggta cttctgaaag cgctaccccg gaatctggcc caggtagcga accggctact 2040

tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc 2100

ccagcaggct ctccgacttc cactgaggaa ggtacttcta ctgaaccttc cgaaggcagc 2160

gcaccaggta cctctactga accttctgag ggcagcgctc caggtagcga acctgcaacc 2220

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 2280

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca 2310

<210> 771
<211> 625
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 771
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

```
Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
65                  70                  75                  80

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
            100                 105                 110

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
        115                 120                 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
145                 150                 155                 160

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                165                 170                 175

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            180                 185                 190

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        195                 200                 205

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    210                 215                 220

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
225                 230                 235                 240

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                245                 250                 255

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            260                 265                 270

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
        275                 280                 285
```

```
Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
    290                 295                 300

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
305                 310                 315                 320

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
                325                 330                 335

Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        355                 360                 365

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
                405                 410                 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
465                 470                 475                 480

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
                485                 490                 495

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        515                 520                 525

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
```

```
    530                 535                 540

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
545                 550                 555                 560

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
                565                 570                 575

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            580                 585                 590

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro
625
```

<210> 772
<211> 1878
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 772

```
ggtacttcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggta cttctcctag cggtgaatct       60

tctactgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ctgctccagg ttctaccagc      120

tctaccgctg aatctcctgg cccaggttct accagcgaat ccccgtctgg caccgcacca      180

ggttctacta gctctaccgc agaatctccg ggtccaggta cttcccctag cggtgaatct      240

tctactgctc caggtacctc tactccggaa agcggctccg catctccagg ttctactagc      300

tctactgctg aatctcctgg tccaggtacc tcccctagcg gcgaatcttc tactgctcca      360

ggtacctctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta cctcccctag cggtgaatct      420

tctaccgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg      480

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac      540

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc      600

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta      660

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc      720

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa      780
```

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 840

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 900

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 960

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtacc 1020

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag 1080

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc 1140

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 1200

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 1260

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 1320

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 1380

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 1440

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct 1500

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact 1560

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa 1620

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct 1680

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc 1740

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 1800

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 1860

tccgagggca gcgcacca 1878

<210> 773
<211> 1057
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 773
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
50 55 60

```
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
            100                 105                 110

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        115                 120                 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    130                 135                 140

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
145                 150                 155                 160

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
                165                 170                 175

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        275                 280                 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
```

```
305                 310                 315                 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                325                 330                 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
            340                 345                 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        355                 360                 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
385                 390                 395                 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                405                 410                 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            420                 425                 430

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
        435                 440                 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
    450                 455                 460

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            500                 505                 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
    530                 535                 540

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
545                 550                 555                 560
```

```
Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
        675                 680                 685

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765

Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
    770                 775                 780

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
                805                 810                 815
```

```
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
            820                 825                 830

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
                885                 890                 895

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            900                 905                 910

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        915                 920                 925

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
945                 950                 955                 960

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
                965                 970                 975

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            980                 985                 990

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
        995                 1000                1005

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1010                1015                1020

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1025                1030                1035

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1040                1045                1050

Gly Ser  Ala Pro
    1055
```

<210> 774
<211> 3174
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 774
ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggt ggtccaggtt cctctgaaag cggttcttct 60

gagggtggtc caggtgaatc tccgggtggc tccagcggtt ccgagtcagg ttctggtggc 120

gaaccttccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gttctagcgg ttccgagtca 180

ggtgaatctc cgggtggttc agcggttct gagtcaggtt cctccgaaag cggttcttct 240

gagggcggtc caggttcctc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttctgaa 300

agcggttctt ccgagggcgg tccaggtgaa tctcctggtg gttccagcgg ttccgagtca 360

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gagtcaggtg aatctcctgg tggttctagc 420

ggttctgaat caggttcctc cgaaagcggt tcttctgagg gcggtccagg ttcctccgaa 480

agcggttctt ccgagggcgg tccaggttct tctgaaagcg gttcttccga gggcggtcca 540

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttcc 600

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttctgaag gcggtccagg ttctggtggc 660

gaaccgtccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gctctagcgg ttccgagtca 720

ggtgaatctc ctggtggttc cagcggttcc gagtcaggtt ccggtggcga accgtccgaa 780

tctggtagct caggtagcga aggttcttct ggtccaggcg aatcttcagg ttcctctgaa 840

agcggttctt ctgagggcgg tccaggttcc ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 900

ggtagcgaag gttcttctgg tccaggcgaa tcttcaggtt cctctgaaag cggttcttct 960

gagggcggtc caggttccgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg tgaatctccg 1020

ggtggttcta gcggttctga gtcaggttct ggtggtgaac cttccgagtc tggtagctca 1080

ggttctggtg gcgaaccatc cgagtctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttcc 1140

gaaggcggtc caggttctgg tggtgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttctggtggc 1200

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 1260

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggta gcgaaggttc ttccggtcca 1320

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcctcagg ttccggtggc 1380

gaaccatctg aatctggtag ctcaggttcc tctgaaagcg gttcttccga aggtggtcca 1440

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggt ggtccaggtg aatctccggg tggctccagc 1500

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacca tccgaatctg gtagctcagg tagcgaaggt 1560

tcttctggtc ctggcgaatc ttcaggtgaa tctccaggtg gctctagcgg ttccgaatca 1620

ggtagcgaag gttcttccgg tcctggtgag tcttcaggtg aatctccagg tggctctagc 1680

ggttccgagt caggtagcga aggttcttct ggtcctggcg agtcctcagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaaggt ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct 2340

ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca 2400

accccggaat ctggtccagg tagcgaacct gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc 2460

tctgaaagcg ctactcctga atctggccca ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc 2520

gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca 2580

acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact 2640

tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc 2700

gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact tctactgaag aaggtacttc taccgaacct 2760

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact 2820

tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct 2880

ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt tctgaaaccc caggtagcga accggctacc 2940

tccggttctg aaactccagg tagcccagca ggctctccga cttccactga ggaaggtact 3000

tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc 3060

gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct 3120

actcctgaat ctggcccagg tacttctact gaaccgtccg agggcagcgc acca 3174

<210> 775
<211> 1057
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полипептид

<400> 775

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1               5                  10                  15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65                  70                  75                  80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            100                 105                 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240
```

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495
```

```
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
        675                 680                 685

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750
```

```
Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765

Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
    770                 775                 780

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
                805                 810                 815

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
            820                 825                 830

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
                885                 890                 895

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            900                 905                 910

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        915                 920                 925

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
945                 950                 955                 960

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
                965                 970                 975

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            980                 985                 990

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
```

995 1000 1005

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1010 1015 1020

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1025 1030 1035

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1040 1045 1050

Gly Ser Ala Pro
1055

<210> 776
<211> 3174
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 776
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg tagcccagca 120

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 180

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 240

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg 300

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccggcaggct ctccgacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta cctctaccga accgtctgag 420

ggcagcgcac caggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca 480

ggttctccta cctccaccga ggaaggtact tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 540

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 600

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 660

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 720

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accgtctgaa 780

ggtagcgcac caggtacttc tgaaagcgca accccggaat ccggcccagg tacctctgaa 840

agcgcaaccc cggagtccgg cccaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 900

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 960

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggagt ctggcccagg tacctctact 1020

gaaccgtctg agggtagcgc tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 1080

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 1140

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 1200

gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 1320

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 1380

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 1440

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 1500

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 1560

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 1620

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 1680

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaaggt ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct 2340

ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca 2400

accccggaat ctggtccagg tagcgaacct gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc 2460

tctgaaagcg ctactcctga atctggccca ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc 2520

gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca 2580

acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact 2640

tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc 2700

gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact tctactgaag aaggtacttc taccgaacct 2760

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact 2820

tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct 2880

ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt tctgaaaccc caggtagcga accggctacc 2940

tccggttctg aaactccagg tagcccagca ggctctccga cttccactga ggaaggtact 3000

tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc 3060

gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct 3120

actcctgaat ctggcccagg tacttctact gaaccgtccg agggcagcgc acca 3174

<210> 777
<211> 1057
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 777
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
130 135 140

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
165 170 175

```
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
    210                 215                 220

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    290                 295                 300

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
            420                 425                 430
```

```
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
        435                 440                 445

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
    450                 455                 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
                485                 490                 495

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
            500                 505                 510

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
545                 550                 555                 560

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
            580                 585                 590

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
        595                 600                 605

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
    610                 615                 620

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
625                 630                 635                 640

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
                645                 650                 655

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
            660                 665                 670

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
```

```
        675                 680                 685

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
705                 710                 715                 720

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn
                725                 730                 735

Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr
            740                 745                 750

Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe
        755                 760                 765

Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
    770                 775                 780

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
                805                 810                 815

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
            820                 825                 830

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
                885                 890                 895

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            900                 905                 910

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        915                 920                 925
```

```
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
945                 950                 955                 960

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
                965                 970                 975

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            980                 985                 990

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
        995                 1000                1005

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1010                1015                1020

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1025                1030                1035

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1040                1045                1050

Gly Ser  Ala Pro
    1055
```

<210> 778
<211> 3174
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 778

```
ggttctacta gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ccactagctc taccgcagaa       60

tctccgggcc caggttctac tagcgaatcc ccttctggta ccgctccagg ttctactagc      120

tctaccgctg aatctccggg tccaggttct accagctcta ctgcagaatc tcctggccca      180

ggtacttcta ctccggaaag cggttccgct tctccaggtt ctaccagcga atctccttct      240

ggcaccgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ccgctccagg ttctactagc      300

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccttctgg caccgctcca      360

ggtacctctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggtt ctactagcga atctccttct      420

ggcactgcac caggttctac cagcgaatct ccttctggca ccgctccagg tacctctcct      480

agcggcgaat cttctaccgc tccaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca      540
```

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctaccagcga atctccgtct 600

ggcactgcac caggtacctc taccccctgaa agcggttccg cttctccagg ttctactagc 660

gaatctcctt ctggtaccgc tccaggtact tctacccctg aaagcggctc cgcttctcca 720

ggttccacta gctctaccgc tgaatctccg ggtccaggtt ctactagctc tactgcagaa 780

tctcctggcc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg tacttctacc 840

cctgaaagcg gttctgcatc tccaggttct actagcgaat ccccgtctgg taccgcacca 900

ggtacttcta ccccggaaag cggctctgct tctccaggta cttctacccc ggaaagcggc 960

tccgcatctc caggttctac tagcgaatct ccttctggta ccgctccagg ttctaccagc 1020

gaatccccgt ctggtactgc tccaggttct accagcgaat ctccttctgg tactgcacca 1080

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 1140

tctgcatctc caggtacttc taccccctgaa agcggttctg catctccagg ttctactagc 1200

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 1260

ggtacctcta cccctgaaag cggttccgct tctccaggtt ctactagcga atctccttct 1320

ggcactgcac caggttctac cagcgaatct ccgtctggca ctgcaccagg tacctctacc 1380

cctgaaagcg gttccgcttc tccaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgcacca 1440

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggta cttctccgag cggtgaatct 1500

tctactgctc caggttccac tagctctact gctgaatctc ctggcccagg tacttctact 1560

ccggaaagcg gttccgcttc tccaggttct actagcgaat ctccgtctgg caccgcacca 1620

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 1680

tctgcatctc caggtacttc taccccctgaa agcggttctg catctccagg ttttccgact 1740

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 1800

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 1860

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 1920

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 1980

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2040

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2100

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2160

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 2220

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 2280

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaaggt ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct 2340

ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca 2400

accccggaat ctggtccagg tagcgaacct gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc 2460

tctgaaagcg ctactcctga atctggccca ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc 2520

gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca 2580

acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact 2640

tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc 2700

gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact tctactgaag aaggtacttc taccgaacct 2760

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact 2820

tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct 2880

ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt tctgaaaccc caggtagcga accggctacc 2940

tccggttctg aaactccagg tagcccagca ggctctccga cttccactga ggaaggtact 3000

tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc 3060

gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct 3120

actcctgaat ctggcccagg tacttctact gaaccgtccg agggcagcgc acca 3174

<210> 779
<211> 1106
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 779
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110

```
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
```

```
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605
```

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815

Phe Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
            820                 825                 830

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
        835                 840                 845

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
    850                 855                 860
```

```
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
865                 870                 875                 880

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
                885                 890                 895

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
            900                 905                 910

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
        915                 920                 925

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
    930                 935                 940

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
945                 950                 955                 960

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
                965                 970                 975

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
            980                 985                 990

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser
        995                 1000                1005

Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly
    1010                1015                1020

Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala
    1025                1030                1035

Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser
    1040                1045                1050

Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser
    1055                1060                1065

Ala Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly
    1070                1075                1080

Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Thr
    1085                1090                1095

Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro
    1100                1105
```

<210> 780
<211> 3321
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 780
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggt 2460

acctctgaaa gcgcaactcc tgagtctggc ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct 2520

gagactccag gtacctctga aagcgcaacc ccggaatctg gtccaggtag cgaacctgca 2580

acctctggct ctgaaacccc aggtacctct gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt 2640

acttctactg aaccgtccga gggcagcgca ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc 2700

accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca 2760

acctccggtt ctgaaacccc aggtacttct gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt 2820

agcccggctg gctctccgac ttccaccgag gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct 2880

actgaagaag gtacttctac cgaaccttcc gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc 2940

gctacccctg agtccggccc aggtacttct gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt 3000

acttctgaaa gcgctacccc ggaatctggc ccaggtagcg aaccggctac ttctggttct 3060

gaaaccccag gtagcgaacc ggctacctcc ggttctgaaa ctccaggtag cccagcaggc 3120

tctccgactt ccactgagga aggtacttct actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt 3180

acctctactg aaccttctga gggcagcgct ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct 3240

gaaaccccag gtacctctga aagcgctact cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa 3300

ccgtccgagg gcagcgcacc a 3321

<210> 781

<211> 1317
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 781

```
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1               5                  10                  15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
            20                  25                  30

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
        35                  40                  45

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro
    50                  55                  60

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
            100                 105                 110

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
        115                 120                 125

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
    130                 135                 140

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
                165                 170                 175

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
        195                 200                 205

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220
```

```
Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
225                 230                 235                 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
            260                 265                 270

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
    290                 295                 300

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
                325                 330                 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
                405                 410                 415

Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
            420                 425                 430

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly
        435                 440                 445

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
```

```
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            500                 505                 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
        515                 520                 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
    530                 535                 540

Ser Ser Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
545                 550                 555                 560

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
                565                 570                 575

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
            580                 585                 590

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
        595                 600                 605

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
    610                 615                 620

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
625                 630                 635                 640

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
                645                 650                 655

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
            660                 665                 670

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
        675                 680                 685

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
    690                 695                 700

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
705                 710                 715                 720
```

```
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
            740                 745                 750

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
        755                 760                 765

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
    770                 775                 780

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
785                 790                 795                 800

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Gly Ser Ser Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp
        835                 840                 845

Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr
    850                 855                 860

Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser
865                 870                 875                 880

Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro
                885                 890                 895

Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu
            900                 905                 910

Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln
        915                 920                 925

Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp
    930                 935                 940

Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr
945                 950                 955                 960

Leu Met Gly Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe
                965                 970                 975
```

```
Lys Gln Thr Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala
            980                 985                 990

Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu Leu  Tyr Cys Phe Arg Lys  Asp Met Asp
        995                 1000                1005

Lys Val  Glu Thr Phe Leu Arg  Ile Val Gln Cys Arg  Ser Val Glu
    1010                1015                1020

Gly Ser  Cys Gly Phe Gly Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1025                1030                1035

Ser Gly  Pro Gly Ser Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro
    1040                1045                1050

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1055                1060                1065

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1070                1075                1080

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1085                1090                1095

Ser Ala  Pro Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu
    1100                1105                1110

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1115                1120                1125

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1130                1135                1140

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1145                1150                1155

Thr Glu  Glu Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu
    1160                1165                1170

Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
    1175                1180                1185

Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1190                1195                1200

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1205                1210                1215
```

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1220 1225 1230

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
1235 1240 1245

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1250 1255 1260

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1265 1270 1275

Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1280 1285 1290

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1295 1300 1305

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1310 1315

<210> 782
<211> 3954
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 782
ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggt ggtccaggtt cctctgaaag cggttcttct 60

gagggtggtc caggtgaatc tccgggtggc tccagcggtt ccgagtcagg ttctggtggc 120

gaaccttccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gttctagcgg ttccgagtca 180

ggtgaatctc cgggtggttc agcggttct gagtcaggtt cctccgaaag cggttcttct 240

gagggcggtc caggttcctc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttctgaa 300

agcggttctt ccgagggcgg tccaggtgaa tctcctggtg gttccagcgg ttccgagtca 360

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gagtcaggtg aatctcctgg tggttctagc 420

ggttctgaat caggttcctc cgaaagcggt tcttctgagg gcggtccagg ttcctccgaa 480

agcggttctt ccgagggcgg tccaggttct tctgaaagcg gttcttccga gggcggtcca 540

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttcc 600

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttctgaag gcggtccagg ttctggtggc 660

gaaccgtccg agtctggtag ctcaggtgaa tctccgggtg gctctagcgg ttccgagtca 720

ggtgaatctc ctggtggttc cagcggttcc gagtcaggtt ccggtggcga accgtccgaa 780

tctggtagct caggtagcga aggttcttct ggtccaggcg aatcttcagg ttcctctgaa 840

agcggttctt ctgagggcgg tccaggttcc ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 900

ggtagcgaag gttcttctgg tccaggcgaa tcttcaggtt cctctgaaag cggttcttct 960

gagggcggtc caggttccgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg tgaatctccg 1020

ggtggttcta gcggttctga gtcaggttct ggtggtgaac cttccgagtc tggtagctca 1080

ggttctggtg gcgaaccatc cgagtctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttcc 1140

gaaggcggtc caggttctgg tggtgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttctggtggc 1200

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 1260

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggta gcgaaggttc ttccggtcca 1320

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcctcagg ttccggtggc 1380

gaaccatctg aatctggtag ctcaggttcc tctgaaagcg gttcttccga aggtggtcca 1440

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggt ggtccaggtg aatctccggg tggctccagc 1500

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacca tccgaatctg gtagctcagg tagcgaaggt 1560

tcttctggtc ctggcgaatc ttcaggtgaa tctccaggtg gctctagcgg ttccgaatca 1620

ggtagcgaag gttcttccgg tccaggttcc tctgaaagcg gttcttctga gggcggtcca 1680

ggttctggtg gcgaaccatc tgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttccggtccg 1740

ggtgaatctt caggtagcga aggttcttcc ggtccaggtg aatcttcagg tagcgaaggt 1800

tcttctggtc ctggtgaatc ctcaggttcc ggtggcgaac catctgaatc tggtagctca 1860

ggttctggtg gcgaaccatc cgaatctggt agctcaggtg aatctccggg tggctccagc 1920

ggttctgaat caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ctgagtcagg ttctggtggc 1980

gaaccatccg aatctggtag ctcaggtagc gaaggttctt ctggtcctgg cgaatcttca 2040

ggtgaatctc caggtggctc tagcggttcc gaatcaggtt cctctgaaag cggttcttct 2100

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtccagg ttcttccgaa 2160

agcggttctt ctgaaggcgg tccaggttct ggtggcgaac cgtccgaatc tggtagctca 2220

ggttcctccg aaagcggttc ttctgaaggt ggtccaggtg aatctccagg tggttctagc 2280

ggttctgaat caggttctgg tggcgaaccg tccgaatctg gtagctcagg ttcctccgaa 2340

agcggttctt ctgaaggtgg tccaggtgaa tctccaggtg gttctagcgg ttctgaatca 2400

ggttctggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtg aatctcctgg tggttccagc 2460

ggttccgagt caggttctgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctcagg ttttccgact 2520

attccgctgt ctcgtctgtt tgataatgct atgctgcgtg cgcaccgtct gcaccagctg 2580

gcctttgata cttaccagga atttgaagaa gcctacattc ctaaagagca gaagtactct 2640

ttcctgcaaa acccacagac ttctctctgc ttcagcgaat ctattccgac gccttccaat 2700

cgcgaggaaa ctcagcaaaa gtccaatctg gaactactcc gcatttctct gcttctgatt 2760

cagagctggc tagaaccagt gcaatttctg cgttccgtct tcgccaatag cctagtttat 2820

ggcgcatccg acagcaacgt atacgatctc ctgaaagatc tcgaggaagg cattcagacc 2880

ctgatgggtc gtctcgagga tggctctccg cgtactggtc agatcttcaa gcagacttac 2940

tctaaatttg atactaacag ccacaatgac gatgcgcttc taaaaaacta tggtctgctg 3000

tattgttttc gtaaagatat ggacaaagtt gaaaccttcc tgcgtattgt tcagtgtcgt 3060

tccgttgagg gcagctgtgg tttctaaggt ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct 3120

ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca 3180

accccggaat ctggtccagg tagcgaacct gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc 3240

tctgaaagcg ctactcctga atctggccca ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc 3300

gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca 3360

acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact 3420

tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc 3480

gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact tctactgaag aaggtacttc taccgaacct 3540

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact 3600

tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct 3660

ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt tctgaaaccc caggtagcga accggctacc 3720

tccggttctg aaactccagg tagcccagca ggctctccga cttccactga ggaaggtact 3780

tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc 3840

gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct 3900

actcctgaat ctggcccagg tacttctact gaaccgtccg agggcagcgc acca 3954

<210> 783
<211> 1345
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 783
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

```
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65                  70                  75                  80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
            100                 105                 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    210                 215                 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            260                 265                 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
```

```
        275                 280                 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
    290                 295                 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305                 310                 315                 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
            340                 345                 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385                 390                 395                 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        435                 440                 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    450                 455                 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                485                 490                 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            500                 505                 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525
```

```
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
            580                 585                 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        595                 600                 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                645                 650                 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    690                 695                 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
                725                 730                 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780
```

```
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785                 790                 795                 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
            820                 825                 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        835                 840                 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    850                 855                 860

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
865                 870                 875                 880

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                885                 890                 895

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            900                 905                 910

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        915                 920                 925

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    930                 935                 940

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
945                 950                 955                 960

Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                965                 970                 975

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            980                 985                 990

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
        995                 1000                1005

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1010                1015                1020

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1025                1030                1035
```

```
Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1040                1045                1050

Cys Gly  Phe Gly Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1055                1060                1065

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1070                1075                1080

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1085                1090                1095

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1100                1105                1110

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1115                1120                1125

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1130                1135                1140

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1145                1150                1155

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                1165                1170

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1175                1180                1185

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1190                1195                1200

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1205                1210                1215

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1220                1225                1230

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1235                1240                1245

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1250                1255                1260

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
```

1265 1270 1275

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1280 1285 1290

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1295 1300 1305

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1310 1315 1320

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1325 1330 1335

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1340 1345

<210> 784
<211> 4038
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 784
ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg tagcccagca 120

ggctctccga cttccactga ggaaggtact tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca 180

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 240

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg 300

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccggcaggct ctccgacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta cctctaccga accgtctgag 420

ggcagcgcac caggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tagcccagca 480

ggttctccta cctccaccga ggaaggtact tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 540

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 600

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 660

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 720

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accgtctgaa 780

ggtagcgcac caggtacttc tgaaagcgca accccggaat ccggcccagg tacctctgaa 840

agcgcaaccc cggagtccgg cccaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 900

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 960

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actccggagt ctggcccagg tacctctact 1020

gaaccgtctg agggtagcgc tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 1080

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 1140

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 1200

gaaccgtccg agggtagcgc accaggtagc ccagcaggtt ctcctacctc caccgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 1320

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 1380

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 1440

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 1500

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 1560

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 1620

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 1680

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg tacctctgaa 1740

agcgcaactc ctgagtctgg cccaggtagc gaacctgcta cctccggctc tgagactcca 1800

ggtacctctg aaagcgcaac cccggaatct ggtccaggta gcgaacctgc aacctctggc 1860

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact 1920

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtagc cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa 1980

ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt 2040

tctgaaaccc caggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ccggcccagg tagcccggct 2100

ggctctccga cttccaccga ggaaggtagc ccggctggct ctccaacttc tactgaagaa 2160

ggtacttcta ccgaaccttc cgagggcagc gcaccaggta cttctgaaag cgctacccct 2220

gagtccggcc caggtacttc tgaaagcgct actcctgaat ccggtccagg tacttctgaa 2280

agcgctaccc cggaatctgg cccaggtagc gaaccggcta cttctggttc tgaaacccca 2340

ggtagcgaac cggctacctc cggttctgaa actccaggta gcccagcagg ctctccgact 2400

tccactgagg aaggtacttc tactgaacct tccgaaggca gcgcaccagg tacctctact 2460

gaaccttctg agggcagcgc tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 2520

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 2580

ggcagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2640

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2700

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2760

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 2820

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 2880

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 2940

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3000

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3060

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3120

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtacc 3180

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag 3240

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc 3300

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 3360

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 3420

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 3480

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 3540

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 3600

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct 3660

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact 3720

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa 3780

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct 3840

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc 3900

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 3960

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 4020

tccgagggca gcgcacca 4038

<210> 785
<211> 1356
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<220>
<221> MOD_RES
<222> (430)..(432)
<223> Любая аминокислота

<220>
<221> MOD_RES
<222> (443)..(446)
<223> Любая аминокислота

<400> 785
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
130 135 140

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
165 170 175

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
180 185 190

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
210 215 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser

```
                245                 250                 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
    290                 295                 300

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305                 310                 315                 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
            340                 345                 350

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
        355                 360                 365

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
    370                 375                 380

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
                405                 410                 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
        435                 440                 445

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    450                 455                 460

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495
```

```
Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro
625                 630                 635                 640

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser
                645                 650                 655

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser
        675                 680                 685

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
    690                 695                 700

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser
                725                 730                 735

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750
```

```
Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
    770                 775                 780

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser
            820                 825                 830

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
        835                 840                 845

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Phe Pro Thr Ile
865                 870                 875                 880

Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu
                885                 890                 895

His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile
            900                 905                 910

Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu
        915                 920                 925

Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln
    930                 935                 940

Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln
945                 950                 955                 960

Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser
                965                 970                 975

Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp
            980                 985                 990

Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu  Met Gly Arg Leu Glu  Asp Gly Ser
        995                 1000                1005
```

```
Pro Arg  Thr Gly Gln Ile Phe  Lys Gln Thr Tyr Ser  Lys Phe Asp
    1010                1015                1020

Thr Asn  Ser His Asn Asp Asp  Ala Leu Leu Lys Asn  Tyr Gly Leu
    1025                1030                1035

Leu Tyr  Cys Phe Arg Lys Asp  Met Asp Lys Val Glu  Thr Phe Leu
    1040                1045                1050

Arg Ile  Val Gln Cys Arg Ser  Val Glu Gly Ser Cys  Gly Phe Gly
    1055                1060                1065

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1070                1075                1080

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1085                1090                1095

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1100                1105                1110

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1115                1120                1125

Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Pro
    1130                1135                1140

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1145                1150                1155

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1160                1165                1170

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1175                1180                1185

Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Ser Pro
    1190                1195                1200

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro
    1205                1210                1215

Ser Glu  Gly Ser Ala Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1220                1225                1230

Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
```

```
    1235                1240                1245

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1250                1255                1260

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1265                1270                1275

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1280                1285                1290

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1295                1300                1305

Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Glu
    1310                1315                1320

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1325                1330                1335

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1340                1345                1350

Ser Ala  Pro
    1355
```

<210> 786
<211> 4071
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1287)..(1298)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (1330)..(1337)
<223> a, c, t, g, неизвестный или другой

<400> 786

```
ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggta cctctcctag cggcgaatct       60

tctaccgctc caggttctac tagcgaatct ccttctggca ctgcaccagg ttctactagc      120

gaatccccgt ctggtactgc tccaggtact tctactcctg aaagcggttc cgcttctcca      180

ggtacctcta ctccggaaag cggttctgca tctccaggtt ctaccagcga atctccttct      240
```

ggcaccgctc caggttctac tagcgaatcc ccgtctggta ccgcaccagg tacttctcct 300

agcggcgaat cttctaccgc accaggttct actagcgaat ctccgtctgg cactgctcca 360

ggtacttctc ctagcggtga atcttctacc gctccaggta cttcccctag cggcgaatct 420

tctaccgctc caggttctac tagctctact gcagaatctc cgggcccagg tacctctcct 480

agcggtgaat cttctaccgc tccaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgctcca 540

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 600

tctgcatctc caggtacttc tacccctgaa agcggttctg catctccagg ttctactagc 660

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 720

ggtacctcta cccctgaaag cggttccgct tctccaggtt ctaccagctc taccgcagaa 780

tctcctggtc caggtacctc tactccggaa agcggctctg catctccagg ttctactagc 840

gaatctcctt ctggcactgc accaggtact tctccgagcg gtgaatcttc taccgcacca 900

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggta cttctccgag cggtgaatct 960

tctactgctc caggtacctc tactcctgaa agcggttctg catctccagg ttccactagc 1020

tctaccgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgctgaatc tcctggccca 1080

ggttctacta gctctactgc tgaatctccg ggtccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 1140

tctcctggtc caggtacctc cccgagcggt gaatcttcta ctgcaccagg ttctactagc 1200

gaatctcctt ctggcactgc accaggttct accagcgaat ctccgtctgg cactgcacca 1260

ggtacctcta cccctgaaag cggtccnnnn nnnnnnnntg caagcgcaag cggcgcgcca 1320

agcacgggan nnnnnnntag cgaatctcct tctggtaccg ctccaggttc taccagcgaa 1380

tccccgtctg gtactgctcc aggttctacc agcgaatctc cttctggtac tgcaccaggt 1440

tctactagcg aatctccttc tggtaccgct ccaggttcta ccagcgaatc cccgtctggt 1500

actgctccag gttctaccag cgaatctcct tctggtactg caccaggtac ttctactccg 1560

gaaagcggtt ccgcatctcc aggtacttct cctagcggtg aatcttctac tgctccaggt 1620

acctctccta gcggcgaatc ttctactgct ccaggttcta ccagctctac tgctgaatct 1680

ccgggtccag gtacttcccc gagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ttctactccg 1740

gaaagcggtt ccgcttctcc aggttctacc agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt 1800

tctactagcg aatccccgtc tggtaccgca ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgcaccag gttctactag cgaatccccg tctggtaccg caccaggtac ttctaccccg 1920

gaaagcggct ctgcttctcc aggtacttct accccggaaa gcggctccgc atctccaggt 1980

tctactagcg aatctccttc tggtaccgct ccaggtactt ctacccctga aagcggctcc 2040

gcttctccag gttccactag ctctaccgct gaatctccgg gtccaggttc taccagcgaa 2100

tctccttctg gcaccgctcc aggttctact agcgaatccc cgtctggtac cgcaccaggt 2160

acttctccta gcggcgaatc ttctaccgca ccaggttcta ccagctctac tgctgaatct 2220

ccgggtccag gtacttcccc gagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ttctactccg 2280

gaaagcggtt ccgcttctcc aggtacctcc cctagcggcg aatcttctac tgctccaggt 2340

acctctccta gcggcgaatc ttctaccgct ccaggtacct cccctagcgg tgaatcttct 2400

accgcaccag gttctactag ctctactgct gaatctccgg gtccaggttc taccagctct 2460

actgctgaat ctcctggtcc aggtacctcc ccgagcggtg aatcttctac tgcaccaggt 2520

tctagccctt ctgcttccac cggtaccggc ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaact 2580

ggctctccag gtagctctac tccgtctggt gcaaccggct ccccaggttt tccgactatt 2640

ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc 2700

tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc tacattccta aagagcagaa gtactctttc 2760

ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc 2820

gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa ctactccgca tttctctgct tctgattcag 2880

agctggctag aaccagtgca atttctgcgt tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc 2940

gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg 3000

atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt actggtcaga tcttcaagca gacttactct 3060

aaatttgata ctaacagcca caatgacgat gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat 3120

tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc 3180

gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggt acctctgaaa gcgcaactcc tgagtctggc 3240

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gagactccag gtacctctga aagcgcaacc 3300

ccggaatctg gtccaggtag cgaacctgca acctctggct ctgaaacccc aggtacctct 3360

gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt acttctactg aaccgtccga gggcagcgca 3420

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 3480

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacttct 3540

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 3600

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtacttctac cgaaccttcc 3660

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gctacccctg agtccggccc aggtacttct 3720

gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggaatctggc 3780

ccaggtagcg aaccggctac ttctggttct gaaaccccag gtagcgaacc ggctacctcc 3840

ggttctgaaa ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 3900

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 3960

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 4020

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc a 4071

<210> 787
<211> 1345
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 787
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
180 185 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro

```
        195                 200                 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225                 230                 235                 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
                245                 250                 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            260                 265                 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    290                 295                 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305                 310                 315                 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
            340                 345                 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
        355                 360                 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    370                 375                 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385                 390                 395                 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                405                 410                 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            420                 425                 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        435                 440                 445
```

```
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    450                 455                 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465                 470                 475                 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
                485                 490                 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
        515                 520                 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
    530                 535                 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
545                 550                 555                 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            580                 585                 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
        595                 600                 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
625                 630                 635                 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
                645                 650                 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
        675                 680                 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
    690                 695                 700
```

```
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
705                 710                 715                 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
                725                 730                 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
        755                 760                 765

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
    770                 775                 780

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
785                 790                 795                 800

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
                805                 810                 815

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            820                 825                 830

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
        835                 840                 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu
865                 870                 875                 880

Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe
                885                 890                 895

Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn
            900                 905                 910

Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn
        915                 920                 925

Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser
    930                 935                 940

Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser
945                 950                 955                 960
```

```
Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr
                965                 970                 975

Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg
            980                 985                 990

Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
        995                 1000                1005

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1010                1015                1020

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1025                1030                1035

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1040                1045                1050

Cys Gly  Phe Gly Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1055                1060                1065

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1070                1075                1080

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1085                1090                1095

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1100                1105                1110

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1115                1120                1125

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1130                1135                1140

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1145                1150                1155

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                1165                1170

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1175                1180                1185

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
```

```
    1190                1195                1200

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1205                1210                1215

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1220                1225                1230

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1235                1240                1245

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1250                1255                1260

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1265                1270                1275

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1280                1285                1290

Gly Ser  Ala Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1295                1300                1305

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1310                1315                1320

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1325                1330                1335

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro
    1340                1345
```

<210> 788
<211> 4038
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 788

```
ggtgcttccc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctact       60

ggtactggtc caggttctag cccttctgct tccactggta ctggtccagg taccccgggt      120

agcggtaccg cttcttcttc tccaggtagc tctactccgt ctggtgctac cggctctcca      180

ggttctaacc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtg cttctccggg caccagctct      240

actggttctc caggtacccc gggcagcggt accgcatctt cttctccagg tagctctact      300
```

ccttctggtg caactggttc tccaggtact cctggcagcg gtaccgcttc ttcttctcca 360

ggtgcttctc ctggtactag ctctactggt tctccaggtg cttctccggg cactagctct 420

actggttctc caggtacccc gggtagcggt actgcttctt cctctccagg tagctctacc 480

ccttctggtg caaccggctc tccaggtgct tctccgggca ccagctctac cggttctcca 540

ggtaccccgg gtagcggtac cgcttcttct tctccaggta gctctactcc gtctggtgct 600

accggctctc caggttctaa cccttctgca tccaccggta ccggcccagg ttctagccct 660

tctgcttcca ccggtactgg cccaggtagc tctacccctt ctggtgctac cggctcccca 720

ggtagctcta ctccttctgg tgcaactggc tctccaggtg catctccggg cactagctct 780

actggttctc caggtgcatc ccctggcact agctctactg gttctccagg tgcttctcct 840

ggtaccagct ctactggttc tccaggtact cctggcagcg gtaccgcttc ttcttctcca 900

ggtgcttctc ctggtactag ctctactggt tctccaggtg cttctccggg cactagctct 960

actggttctc caggtgcttc cccgggcact agctctaccg gttctccagg ttctagccct 1020

tctgcatcta ctggtactgg cccaggtact ccgggcagcg gtactgcttc ttcctctcca 1080

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 1140

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctccagg tagctctact 1200

ccgtctggtg caaccggttc cccaggtagc tctactcctt ctggtgctac tggctcccca 1260

ggtgcatccc ctggcaccag ctctaccggt tctccaggta ccccgggcag cggtaccgca 1320

tcttcctctc caggtagctc taccccgtct ggtgctaccg gttccccagg tagctctacc 1380

ccgtctggtg caaccggctc cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctcccca 1440

ggttctagcc cgtctgcttc cactggtact ggcccaggtg cttccccggg caccagctct 1500

actggttctc caggtgcatc cccgggtacc agctctaccg gttctccagg tactcctggc 1560

agcggtactg catcttcctc tccaggtgct tctccgggca ccagctctac tggttctcca 1620

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 1680

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctccagg taccctggt 1740

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctactccgt ctggtgctac cggttctcca 1800

ggtaccccgg gtagcggtac cgcatcttct tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 1860

actggttctc caggtactcc gggcagcggt actgcttctt cctctccagg tagctctacc 1920

ccttctggtg ctactggctc tccaggtagc tctaccccgt ctggtgctac tggctcccca 1980

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggtccaggtt ctagcccgtc tgcatctact 2040

ggtactggtc caggtgcatc cccgggcact agctctaccg gttctccagg tactcctggt 2100

agcggtactg cttcttcttc tccaggtagc tctactcctt ctggtgctac tggttctcca 2160

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 2220

ggtactggtc caggtgcttc tccgggtact agctctactg gttctccagg tgcatctcct 2280

ggtactagct ctactggttc tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctctcca 2340

ggttctagcc cttctgcatc taccggtact ggtccaggtg catcccctgg taccagctct 2400

accggttctc caggttctag cccttctgct tctaccggta ccggtccagg taccctggc 2460

agcggtaccg catcttcctc tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 2520

ggtagctcta ctccttctgg tgctactggc tccccaggtg catcccctgg caccagctct 2580

accggttctc caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2640

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2700

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2760

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 2820

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 2880

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 2940

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3000

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3060

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3120

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtacc 3180

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag 3240

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc 3300

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 3360

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 3420

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 3480

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 3540

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 3600

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct 3660

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact 3720

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa 3780

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct 3840

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc 3900

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 3960

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 4020

tccgagggca gcgcacca 4038

<210> 789
<211> 1356
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 789
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
195 200 205

```
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser
        435                 440                 445

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
    450                 455                 460
```

```
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            500                 505                 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
    530                 535                 540

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
545                 550                 555                 560

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
                565                 570                 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser
            580                 585                 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
        595                 600                 605

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
625                 630                 635                 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                645                 650                 655

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
705                 710                 715                 720
```

```
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro
                725                 730                 735

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            740                 745                 750

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
        755                 760                 765

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
    770                 775                 780

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
785                 790                 795                 800

Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
            820                 825                 830

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
        835                 840                 845

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
    850                 855                 860

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr Ile
865                 870                 875                 880

Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg Leu
                885                 890                 895

His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ile
            900                 905                 910

Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser Leu
        915                 920                 925

Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr Gln
    930                 935                 940

Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile Gln
945                 950                 955                 960

Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala Asn Ser
```

965 970 975

Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp Leu Leu Lys Asp
980 985 990

Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu Glu Asp Gly Ser
995 1000 1005

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

Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys Asn Tyr Gly Leu
1025 1030 1035

Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu Thr Phe Leu
1040 1045 1050

Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly
1055 1060 1065

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1070 1075 1080

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1085 1090 1095

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1100 1105 1110

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1115 1120 1125

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
1130 1135 1140

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1145 1150 1155

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1160 1165 1170

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1175 1180 1185

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
1190 1195 1200

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1205 1210 1215

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1220 1225 1230

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1235 1240 1245

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1250 1255 1260

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1265 1270 1275

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1280 1285 1290

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1295 1300 1305

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1325 1330 1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1340 1345 1350

Ser Ala Pro
1355

<210> 790
<211> 4071
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 790
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaagg ttctaccagc 120

tctaccgcag aatctcctgg tccaggtacc tctactccgg aaagcggctc tgcatctcca 180

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggttccg cttctccagg tacctctact 300

ccggaaagcg gttctgcatc tccaggtagc gaaccggcaa cctccggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatcc ggcccaggta gcccggcagg ttctccgact 420

tccactgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc cggagtccgg tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 540

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 600

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tacttctacc 660

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 720

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cctctactga accttccgaa 780

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 840

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 900

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 960

tccaccgagg aaggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttctccagg tactccgggc 1020

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctacccctt ctggtgctac tggctctcca 1080

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 1140

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tagccctgct 1200

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtg caagcgcaag cggcgcgcca 1320

agcacgggag gtacttctga aagcgctact cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc 1380

tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg gctggctctc caacttctac tgaagaaggt 1440

tctaccagct ctaccgctga atctcctggc ccaggttcta ctagcgaatc tccgtctggc 1500

accgcaccag gtacttcccc tagcggtgaa tcttctactg caccaggtac ccctggcagc 1560

ggtaccgctt cttcctctcc aggtagctct accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt 1620

tctagcccgt ctgcatctac cggtaccggc ccaggtagcg aaccggcaac ctccggctct 1680

gaaactccag gtacttctga aagcgctact ccggaatccg gcccaggtag cgaaccggct 1740

acttccggct ctgaaacccc aggttccacc agctctactg cagaatctcc gggcccaggt 1800

tctactagct ctactgcaga atctccgggt ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgctccag gtagcgaacc ggcaacctct ggctctgaaa ctccaggtag cgaacctgca 1920

acctccggct ctgaaacccc aggtacttct actgaacctt ctgagggcag cgcaccaggt 1980

tctaccagct ctaccgcaga atctcctggt ccaggtacct ctactccgga aagcggctct 2040

gcatctccag gttctactag cgaatctcct tctggcactg caccaggtac ttctaccgaa 2100

ccgtccgaag gcagcgctcc aggtacctct actgaacctt ccgagggcag cgctccaggt 2160

acctctaccg aaccttctga aggtagcgca ccaggtagct ctactccgtc tggtgcaacc 2220

ggctccccag gttctagccc gtctgcttcc actggtactg gcccaggtgc ttccccgggc 2280

accagctcta ctggttctcc aggtagcgaa cctgctacct ccggttctga aaccccaggt 2340

acctctgaaa gcgcaactcc ggagtctggt ccaggtagcc ctgcaggttc tcctacctcc 2400

actgaggaag gtagctctac tccgtctggt gcaaccggct ccccaggttc tagcccgtct 2460

gcttccactg gtactggccc aggtgcttcc ccgggcacca gctctactgg ttctccaggt 2520

acctctgaaa gcgctactcc ggagtctggc ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt 2580

agcgctccag gtacttctac tgaaccgtcc gaaggtagcg caccaggttt tccgactatt 2640

ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc 2700

tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc tacattccta aagagcagaa gtactctttc 2760

ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc 2820

gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa ctactccgca tttctctgct tctgattcag 2880

agctggctag aaccagtgca atttctgcgt tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc 2940

gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg 3000

atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt actggtcaga tcttcaagca gacttactct 3060

aaatttgata ctaacagcca caatgacgat gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat 3120

tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc 3180

gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggt acctctgaaa gcgcaactcc tgagtctggc 3240

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gagactccag gtacctctga aagcgcaacc 3300

ccggaatctg gtccaggtag cgaacctgca acctctggct ctgaaacccc aggtacctct 3360

gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt acttctactg aaccgtccga gggcagcgca 3420

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 3480

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacttct 3540

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 3600

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtacttctac cgaaccttcc 3660

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gctacccctg agtccggccc aggtacttct 3720

gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggaatctggc 3780

ccaggtagcg aaccggctac ttctggttct gaaaccccag gtagcgaacc ggctacctcc 3840

ggttctgaaa ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 3900

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 3960

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 4020

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc a 4071

<210> 791
<211> 1394
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 791
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
130 135 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
195 200 205

```
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460
```

```
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
```

705 710 715 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
725 730 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
740 745 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
755 760 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
770 775 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785 790 795 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
805 810 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
820 825 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
835 840 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
850 855 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865 870 875 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
885 890 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
900 905 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
915 920 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
930 935 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945 950 955 960

```
Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr
    1100                1105                1110

Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu
    1115                1120                1125

Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly
    1130                1135                1140

Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Glu
    1145                1150                1155

Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser
    1160                1165                1170

Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr
    1175                1180                1185

Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly
    1190                1195                1200
```

```
Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Glu
    1205                 1210                 1215

Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro
    1220                 1225                 1230

Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr
    1235                 1240                 1245

Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly
    1250                 1255                 1260

Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Glu
    1265                 1270                 1275

Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr
    1280                 1285                 1290

Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu
    1295                 1300                 1305

Thr Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly
    1310                 1315                 1320

Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Thr Ser Thr
    1325                 1330                 1335

Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser
    1340                 1345                 1350

Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu
    1355                 1360                 1365

Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly
    1370                 1375                 1380

Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala Pro
    1385                 1390
```

<210> 792
<211> 4185
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 792

atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc tacccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tggtacctct gaaagcgcaa ctcctgagtc tggcccaggt 3360

agcgaacctg ctacctccgg ctctgagact ccaggtacct ctgaaagcgc aaccccggaa 3420

tctggtccag gtagcgaacc tgcaacctct ggctctgaaa ccccaggtac ctctgaaagc 3480

gctactcctg aatctggccc aggtacttct actgaaccgt ccgagggcag cgcaccaggt 3540

agccctgctg gctctccaac ctccaccgaa gaaggtacct ctgaaagcgc aacccctgaa 3600

tccggcccag gtagcgaacc ggcaacctcc ggttctgaaa ccccaggtac ttctgaaagc 3660

gctactcctg agtccggccc aggtagcccg gctggctctc cgacttccac cgaggaaggt 3720

agcccggctg gctctccaac ttctactgaa gaaggtactt ctaccgaacc ttccgagggc 3780

agcgcaccag gtacttctga aagcgctacc cctgagtccg gcccaggtac ttctgaaagc 3840

gctactcctg aatccggtcc aggtacttct gaaagcgcta ccccggaatc tggcccaggt 3900

agcgaaccgg ctacttctgg ttctgaaacc ccaggtagcg aaccggctac ctccggttct 3960

gaaactccag gtagcccagc aggctctccg acttccactg aggaaggtac ttctactgaa 4020

ccttccgaag gcagcgcacc aggtacctct actgaacctt ctgagggcag cgctccaggt 4080

agcgaacctg caacctctgg ctctgaaacc ccaggtacct ctgaaagcgc tactcctgaa 4140

tctggcccag gtacttctac tgaaccgtcc gagggcagcg cacca 4185

<210> 793
<211> 1405
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 793

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1               5                  10                  15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
    50                  55                  60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65                  70                  75                  80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
                85                  90                  95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
```

```
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655
```

```
Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910
```

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1115                1120                1125

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1130                1135                1140

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1145                1150                1155
```

```
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                1165                1170

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1175                1180                1185

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1190                1195                1200

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1205                1210                1215

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1220                1225                1230

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1235                1240                1245

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1250                1255                1260

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1265                1270                1275

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1280                1285                1290

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1295                1300                1305

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1310                1315                1320

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1325                1330                1335

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1340                1345                1350

Gly Ser  Ala Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1355                1360                1365

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1370                1375                1380

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
```

1385 1390 1395

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1400 1405

<210> 794
<211> 4218
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 794
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggtacc 3360

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag 3420

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc 3480

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 3540

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 3600

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 3660

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 3720

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 3780

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct 3840

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact 3900

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa 3960

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct 4020

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc 4080

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 4140

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 4200

tccgagggca gcgcacca 4218

<210> 795
<211> 1799
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 795

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

```
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    210                 215                 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225                 230                 235                 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
                245                 250                 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        275                 280                 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    290                 295                 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305                 310                 315                 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
                325                 330                 335
```

```
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
            340                 345                 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        355                 360                 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    370                 375                 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385                 390                 395                 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                405                 410                 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            420                 425                 430

Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
        435                 440                 445

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
    450                 455                 460

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465                 470                 475                 480

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
                485                 490                 495

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
            500                 505                 510

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
        515                 520                 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
    530                 535                 540

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545                 550                 555                 560

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
```

```
            580                 585                 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
        595                 600                 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
    610                 615                 620

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
625                 630                 635                 640

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
                645                 650                 655

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
            660                 665                 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
        675                 680                 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    690                 695                 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705                 710                 715                 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
                725                 730                 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
            740                 745                 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
        755                 760                 765

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
    770                 775                 780

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
785                 790                 795                 800

Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
                805                 810                 815

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
            820                 825                 830
```

```
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
        835                 840                 845

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
    850                 855                 860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Ala Ser
865                 870                 875                 880

Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr
                885                 890                 895

Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr
            900                 905                 910

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
        915                 920                 925

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
    930                 935                 940

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
945                 950                 955                 960

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
            980                 985                 990

Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu  Ser Gly Ser Ala Ser  Pro Gly Thr
        995                 1000                1005

Ser Pro  Ser Gly Glu Ser Ser  Thr Ala Pro Gly Thr  Ser Pro Ser
    1010                1015                1020

Gly Glu  Ser Ser Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1025                1030                1035

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1040                1045                1050

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1055                1060                1065

Thr Ser  Glu Ser Pro Ser Gly  Thr Ala Pro Gly Ser  Thr Ser Glu
    1070                1075                1080
```

```
Ser Pro  Ser Gly Thr Ala Pro  Gly Thr Ser Thr Pro  Glu Ser Gly
    1085                1090                1095

Ser Ala  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1100                1105                1110

Glu Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1115                1120                1125

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1130                1135                1140

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1145                1150                1155

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1160                1165                1170

Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1175                1180                1185

Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro
    1190                1195                1200

Ser Gly  Ala Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Thr Ser Glu  Ser Pro Ser
    1205                1210                1215

Gly Thr  Ala Pro Gly Thr Ser  Pro Ser Gly Glu Ser  Ser Thr Ala
    1220                1225                1230

Pro Gly  Ser Thr Ser Ser Thr  Ala Glu Ser Pro Gly  Pro Gly Ser
    1235                1240                1245

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1250                1255                1260

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala
    1265                1270                1275

Ser Ser  Ser Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1280                1285                1290

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1295                1300                1305

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Phe  Pro Thr Ile
    1310                1315                1320
```

```
Pro Leu  Ser Arg Leu Phe Asp  Asn Ala Met Leu Arg  Ala His Arg
    1325                 1330                 1335

Leu His  Gln Leu Ala Phe Asp  Thr Tyr Gln Glu Phe  Glu Glu Ala
    1340                 1345                 1350

Tyr Ile  Pro Lys Glu Gln Lys  Tyr Ser Phe Leu Gln  Asn Pro Gln
    1355                 1360                 1365

Thr Ser  Leu Cys Phe Ser Glu  Ser Ile Pro Thr Pro  Ser Asn Arg
    1370                 1375                 1380

Glu Glu  Thr Gln Gln Lys Ser  Asn Leu Glu Leu Leu  Arg Ile Ser
    1385                 1390                 1395

Leu Leu  Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
    1400                 1405                 1410

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1415                 1420                 1425

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1430                 1435                 1440

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1445                 1450                 1455

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1460                 1465                 1470

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1475                 1480                 1485

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1490                 1495                 1500

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr
    1505                 1510                 1515

Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu
    1520                 1525                 1530

Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly
    1535                 1540                 1545

Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Glu
```

```
    1550                1555                1560

Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser
    1565                1570                1575

Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr
    1580                1585                1590

Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly
    1595                1600                1605

Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Glu
    1610                1615                1620

Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro
    1625                1630                1635

Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr
    1640                1645                1650

Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly
    1655                1660                1665

Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Glu
    1670                1675                1680

Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr
    1685                1690                1695

Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu
    1700                1705                1710

Thr Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly
    1715                1720                1725

Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Thr Ser Thr
    1730                1735                1740

Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser
    1745                1750                1755

Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu
    1760                1765                1770

Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly
    1775                1780                1785
```

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1790 1795

<210> 796
<211> 5400
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 796
ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaagg ttctaccagc 120

tctaccgcag aatctcctgg tccaggtacc tctactccgg aaagcggctc tgcatctcca 180

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggttccg cttctccagg tacctctact 300

ccggaaagcg gttctgcatc tccaggtagc gaaccggcaa cctccggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatcc ggcccaggta gcccggcagg ttctccgact 420

tccactgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacttctgaa 480

agcgctaccc cggagtccgg tccaggtact tctactgaac cgtccgaagg tagcgcacca 540

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 600

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcaccagg tacttctacc 660

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 720

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cctctactga accttccgaa 780

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 840

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 900

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 960

tccaccgagg aaggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttctccagg tactccgggc 1020

agcggtactg cttcttcctc tccaggtagc tctacccctt ctggtgctac tggctctcca 1080

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 1140

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tagccctgct 1200

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 1260

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtc cagaaccaac ggggccggcc 1320

ccaagcggag gtagcgaacc ggcaacctcc ggctctgaaa ccccaggtac ctctgaaagc 1380

gctactcctg aatccggccc aggtagcccg gcaggttctc cgacttccac tgaggaaggt 1440

acttctgaaa gcgctactcc tgagtccggc ccaggtagcc cggctggctc tccgacttcc 1500

accgaggaag gtagcccggc tggctctcca acttctactg aagaaggtac ttctgaaagc 1560

gctactcctg agtccggccc aggtagcccg gctggctctc cgacttccac cgaggaaggt 1620

agcccggctg gctctccaac ttctactgaa gaaggttcta ccagctctac cgctgaatct 1680

cctggcccag gttctactag cgaatctccg tctggcaccg caccaggtac ttcccctagc 1740

ggtgaatctt ctactgcacc aggttctacc agcgaatctc cttctggcac cgctccaggt 1800

tctactagcg aatccccgtc tggtaccgca ccaggtactt ctcctagcgg cgaatcttct 1860

accgcaccag gtacttctac cgaaccttcc gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc 1920

gctacccctg agtccggccc aggtacttct gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt 1980

agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc ccaggtacct ctgaaagcgc tactccggaa 2040

tctggtccag gtacttctga aagcgctact ccggaatccg gtccaggtac ctctactgaa 2100

ccttctgagg gcagcgctcc aggtacttct gaaagcgcta ccccggagtc cggtccaggt 2160

acttctactg aaccgtccga aggtagcgca ccaggtacct cccctagcgg cgaatcttct 2220

actgctccag gtacctctcc tagcggcgaa tcttctaccg ctccaggtac ctcccctagc 2280

ggtgaatctt ctaccgcacc aggtacttct accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt 2340

agcccagcag gttctcctac ctccaccgag gaaggtactt ctaccgaacc gtccgagggt 2400

agcgcaccag gttctagccc ttctgcttcc accggtaccg gcccaggtag ctctactccg 2460

tctggtgcaa ctggctctcc aggtagctct actccgtctg gtgcaaccgg ctccccaggt 2520

agctctaccc cgtctggtgc taccggctct ccaggtagct ctaccccgtc tggtgcaacc 2580

ggctccccag gtgcatcccc gggtactagc tctaccggtt ctccaggtgc aagcgcaagc 2640

ggcgcgccaa gcacgggagg tacttctccg agcggtgaat cttctaccgc accaggttct 2700

actagctcta ccgctgaatc tccgggccca ggtacttctc cgagcggtga atcttctact 2760

gctccaggta cctctgaaag cgctactccg gagtctggcc caggtacctc tactgaaccg 2820

tctgagggta gcgctccagg tacttctact gaaccgtccg aaggtagcgc accaggttct 2880

agcccttctg catctactgg tactggccca ggtagctcta ctccttctgg tgctaccggc 2940

tctccaggtg cttctccggg tactagctct accggttctc caggtacttc tactccggaa 3000

agcggttccg catctccagg tacttctcct agcggtgaat cttctactgc tccaggtacc 3060

tctcctagcg gcgaatcttc tactgctcca ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc 3120

ggtccaggta gcgaaccggc tacttctggc tctgagactc caggtacttc taccgaaccg 3180

tccgaaggta gcgcaccagg ttctaccagc gaatcccctt ctggtactgc tccaggttct 3240

accagcgaat ccccttctgg caccgcacca ggtacttcta cccctgaaag cggctccgct 3300

tctccaggta gcccggcagg ctctccgacc tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgca 3360

accccggagt ccggcccagg tacctctacc gaaccgtctg agggcagcgc accaggtagc 3420

cctgctggct ctccaacctc caccgaagaa ggtacctctg aaagcgcaac ccctgaatcc 3480

ggcccaggta gcgaaccggc aacctccggt tctgaaaccc caggtagctc taccccgtct 3540

ggtgctaccg gttccccagg tgcttctcct ggtactagct ctaccggttc tccaggtagc 3600

tctaccccgt ctggtgctac tggctctcca ggttctacta gcgaatcccc gtctggtact 3660

gctccaggta cttcccctag cggtgaatct tctactgctc caggttctac cagctctacc 3720

gcagaatctc cgggtccagg tagctctacc ccttctggtg caaccggctc tccaggtgca 3780

tccccgggta ccagctctac cggttctcca ggtactccgg gtagcggtac cgcttcttcc 3840

tctccaggta gccctgctgg ctctccgact tctactgagg aaggtagccc ggctggttct 3900

ccgacttcta ctgaggaagg tacttctacc gaaccttccg aaggtagcgc tccaggtttt 3960

ccgactattc cgctgtctcg tctgtttgat aatgctatgc tgcgtgcgca ccgtctgcac 4020

cagctggcct ttgatactta ccaggaattt gaagaagcct acattcctaa agagcagaag 4080

tactctttcc tgcaaaaccc acagacttct ctctgcttca gcgaatctat tccgacgcct 4140

tccaatcgcg aggaaactca gcaaaagtcc aatctggaac tactccgcat ttctctgctt 4200

ctgattcaga gctggctaga accagtgcaa tttctgcgtt ccgtcttcgc caatagccta 4260

gtttatggcg catccgacag caacgtatac gatctcctga aagatctcga ggaaggcatt 4320

cagaccctga tgggtcgtct cgaggatggc tctccgcgta ctggtcagat cttcaagcag 4380

acttactcta aatttgatac taacagccac aatgacgatg cgcttctaaa aaactatggt 4440

ctgctgtatt gttttcgtaa agatatggac aaagttgaaa ccttcctgcg tattgttcag 4500

tgtcgttccg ttgagggcag ctgtggtttc taaggtggta cctctgaaag cgcaactcct 4560

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 4620

agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 4680

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 4740

ggcagcgcac caggtagccc tgctggctct ccaacctcca ccgaagaagg tacctctgaa 4800

agcgcaaccc ctgaatccgg cccaggtagc gaaccggcaa cctccggttc tgaaacccca 4860

ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtcc ggcccaggta gcccggctgg ctctccgact 4920

tccaccgagg aaggtagccc ggctggctct ccaacttcta ctgaagaagg tacttctacc 4980

gaaccttccg agggcagcgc accaggtact tctgaaagcg ctacccctga gtccggccca 5040

ggtacttctg aaagcgctac tcctgaatcc ggtccaggta cttctgaaag cgctaccccg 5100

gaatctggcc caggtagcga accggctact tctggttctg aaaccccagg tagcgaaccg 5160

gctacctccg gttctgaaac tccaggtagc ccagcaggct ctccgacttc cactgaggaa 5220

ggtacttcta ctgaaccttc cgaaggcagc gcaccaggta cctctactga accttctgag 5280

ggcagcgctc caggtagcga acctgcaacc tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa 5340

agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca 5400

<210> 797
<211> 1261
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 797
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
130 135 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

```
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445
```

```
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
```

```
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940
```

```
Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Leu Thr Pro Arg  Ser Leu Leu
    1100                1105                1110

Val Gly  Gly Gly Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1115                1120                1125

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1130                1135                1140

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1145                1150                1155

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1160                1165                1170

Gly Ser  Ala Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1175                1180                1185
```

```
Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1190                 1195                 1200

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1205                 1210                 1215

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1220                 1225                 1230

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1235                 1240                 1245

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro
    1250                 1255                 1260
```

<210> 798
<211> 3786
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 798

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact       60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct      120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag      180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc      240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct      300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct      360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct      420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg      480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc      540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc      600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct      660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct      720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc      780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa      840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca      900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc      960
```

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc taccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tctgaccccg cgcagcctgc tggtgggcgg cggtggtagc 3360

gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct 3420

ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc tctgaaaccc caggtagccc ggcaggctct 3480

ccgacttcca ccgaggaagg tacctctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtagc 3540

gaaccggcaa cctctggctc tgaaacccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa 3600

actccaggta gcgaaccggc tacttccggt tctgaaactc caggtacctc taccgaacct 3660

tccgaaggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc 3720

gaaccggcta cttctggctc tgagactcca ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc 3780

gcacca 3786

<210> 799
<211> 1261
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 799

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80
```

```
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335
```

```
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
```

```
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080
```

Met Asp Lys Val Glu Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser
1085 1090 1095

Val Glu Gly Ser Cys Gly Phe Gly Gly Gly Lys Leu Thr Arg Val
1100 1105 1110

Val Gly Gly Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1115 1120 1125

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1130 1135 1140

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1145 1150 1155

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1160 1165 1170

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1175 1180 1185

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1190 1195 1200

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1205 1210 1215

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1220 1225 1230

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1235 1240 1245

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1250 1255 1260

<210> 800
<211> 3786
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 800
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc tacccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tggcggcaaa ctgacccgcg tggtgggcgg cggtggtagc 3360

gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct 3420

ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc tctgaaaccc caggtagccc ggcaggctct 3480

ccgacttcca ccgaggaagg tacctctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtagc 3540

gaaccggcaa cctctggctc tgaaacccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa 3600

actccaggta gcgaaccggc tacttccggt tctgaaactc caggtacctc taccgaacct 3660

tccgaaggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc 3720

gaaccggcta cttctggctc tgagactcca ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc 3780

gcacca 3786

<210> 801

<211> 1261
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 801

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220
```

```
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
```

```
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720
```

```
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975
```

```
Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Gly Gly Leu Gly  Pro Val Ser
    1100                1105                1110

Gly Val  Pro Gly Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1115                1120                1125

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1130                1135                1140

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1145                1150                1155

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1160                1165                1170

Gly Ser  Ala Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1175                1180                1185

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1190                1195                1200

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1205                1210                1215
```

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1220 1225 1230

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1235 1240 1245

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1250 1255 1260

<210> 802
<211> 3786
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 802
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc taccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tggcggcctg ggcccggtga gcggcgtgcc gggtggtagc 3360

gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct 3420

ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc tctgaaaccc caggtagccc ggcaggctct 3480

ccgacttcca ccgaggaagg tacctctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtagc 3540

gaaccggcaa cctctggctc tgaaacccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa 3600

actccaggta gcgaaccggc tacttccggt tctgaaactc caggtacctc taccgaacct 3660

tccgaaggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc 3720

gaaccggcta cttctggctc tgagactcca ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc 3780

gcacca 3786

<210> 803
<211> 1261
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 803
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110

```
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
```

```
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605
```

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860
```

```
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Ala Pro Leu Gly  Leu Arg Leu
    1100                1105                1110
```

Arg Gly Gly Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1115 1120 1125

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1130 1135 1140

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1145 1150 1155

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1160 1165 1170

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1175 1180 1185

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1190 1195 1200

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1205 1210 1215

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1220 1225 1230

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1235 1240 1245

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1250 1255 1260

<210> 804
<211> 3786
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 804
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc tacccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tgcgccgctg ggcctgcgcc tgcgcggcgg cggtggtagc 3360

gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct 3420

ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc tctgaaaccc caggtagccc ggcaggctct 3480

ccgacttcca ccgaggaagg tacctctact gaaccttctg agggtagcgc tccaggtagc 3540

gaaccggcaa cctctggctc tgaaacccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa 3600

actccaggta gcgaaccggc tacttccggt tctgaaactc caggtacctc taccgaacct 3660

tccgaaggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc 3720

gaaccggcta cttctggctc tgagactcca ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc 3780

gcacca 3786

<210> 805
<211> 1405
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 805

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
```

```
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750
```

```
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005
```

```
Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Leu Thr Pro Arg  Ser Leu Leu
    1100                1105                1110

Val Gly  Gly Gly Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1115                1120                1125

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1130                1135                1140

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1145                1150                1155

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                1165                1170

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1175                1180                1185

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1190                1195                1200

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1205                1210                1215

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1220                1225                1230

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
```

```
    1235                1240                1245

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1250                1255                1260

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1265                1270                1275

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1280                1285                1290

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1295                1300                1305

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1310                1315                1320

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1325                1330                1335

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1340                1345                1350

Gly Ser  Ala Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1355                1360                1365

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1370                1375                1380

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1385                1390                1395

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro
    1400                1405
```

<210> 806
<211> 4218
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 806

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact       60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct      120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag      180
```

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc tacccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tctgaccccg cgcagcctgc tggtgggcgg cggtggtacc 3360

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag 3420

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc 3480

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 3540

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 3600

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 3660

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 3720

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 3780

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct 3840

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact 3900

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa 3960

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct 4020

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc 4080

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 4140

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 4200

tccgagggca gcgcacca 4218

<210> 807
<211> 1405
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 807

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
130 135 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
165 170 175

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
```

```
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670
```

```
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925
```

```
Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Gly Gly Lys Leu  Thr Arg Val
    1100                1105                1110

Val Gly  Gly Gly Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1115                1120                1125

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1130                1135                1140

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1145                1150                1155

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                1165                1170
```

```
Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1175                 1180                 1185

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1190                 1195                 1200

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1205                 1210                 1215

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1220                 1225                 1230

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1235                 1240                 1245

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1250                 1255                 1260

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1265                 1270                 1275

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1280                 1285                 1290

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1295                 1300                 1305

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1310                 1315                 1320

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1325                 1330                 1335

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1340                 1345                 1350

Gly Ser  Ala Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1355                 1360                 1365

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1370                 1375                 1380

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1385                 1390                 1395

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro
```

1400 1405

<210> 808
<211> 4218
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 808
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc taccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tggcggcaaa ctgacccgcg tggtgggcgg cggtggtacc 3360

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag 3420

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc 3480

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 3540

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 3600

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 3660

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 3720

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 3780

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct 3840

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact 3900

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa 3960

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct 4020

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc 4080

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 4140

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 4200

tccgagggca gcgcacca 4218

<210> 809
<211> 1405
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 809

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95
```

```
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350
```

```
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
```

595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
610 615 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625 630 635 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
645 650 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
660 665 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
675 680 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
690 695 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705 710 715 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
725 730 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
740 745 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
755 760 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
770 775 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785 790 795 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
805 810 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
820 825 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
835 840 845

```
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020

Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                1030                1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                1045                1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                1060                1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                1075                1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                1090                1095
```

```
Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Gly Gly Leu Gly  Pro Val Ser
    1100                 1105                 1110

Gly Val  Pro Gly Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1115                 1120                 1125

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1130                 1135                 1140

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1145                 1150                 1155

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                 1165                 1170

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1175                 1180                 1185

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1190                 1195                 1200

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1205                 1210                 1215

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1220                 1225                 1230

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1235                 1240                 1245

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1250                 1255                 1260

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1265                 1270                 1275

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1280                 1285                 1290

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1295                 1300                 1305

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1310                 1315                 1320

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1325                 1330                 1335
```

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1340 1345 1350

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1355 1360 1365

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1370 1375 1380

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1385 1390 1395

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1400 1405

<210> 810
<211> 4218
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 810
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc taccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

```
acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa     2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa     2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg     3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc     3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt     3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt     3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt     3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag     3300

ggcagctgtg gtttctaagg tggcggcctg ggcccggtga gcggcgtgcc gggtggtacc     3360

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag     3420

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc     3480

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact     3540

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc     3600

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc     3660

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc     3720

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact     3780

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct     3840

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact     3900

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa     3960

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct     4020

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc     4080

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa     4140

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg     4200

tccgagggca gcgcacca                                                   4218
```

<210> 811
<211> 1405
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 811

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15
```

```
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270
```

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525
```

```
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625                 630                 635                 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                645                 650                 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            660                 665                 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
        675                 680                 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    690                 695                 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
705                 710                 715                 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
            740                 745                 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
        755                 760                 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
```

```
    770                 775                 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785                 790                 795                 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                805                 810                 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        835                 840                 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    850                 855                 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            900                 905                 910

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
        915                 920                 925

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
    930                 935                 940

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
945                 950                 955                 960

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
                965                 970                 975

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
            980                 985                 990

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp  Leu Glu Pro Val Gln  Phe Leu Arg
        995                 1000                1005

Ser Val  Phe Ala Asn Ser Leu  Val Tyr Gly Ala Ser  Asp Ser Asn
    1010                1015                1020
```

```
Val Tyr  Asp Leu Leu Lys Asp  Leu Glu Glu Gly Ile  Gln Thr Leu
    1025                 1030                 1035

Met Gly  Arg Leu Glu Asp Gly  Ser Pro Arg Thr Gly  Gln Ile Phe
    1040                 1045                 1050

Lys Gln  Thr Tyr Ser Lys Phe  Asp Thr Asn Ser His  Asn Asp Asp
    1055                 1060                 1065

Ala Leu  Leu Lys Asn Tyr Gly  Leu Leu Tyr Cys Phe  Arg Lys Asp
    1070                 1075                 1080

Met Asp  Lys Val Glu Thr Phe  Leu Arg Ile Val Gln  Cys Arg Ser
    1085                 1090                 1095

Val Glu  Gly Ser Cys Gly Phe  Gly Ala Pro Leu Gly  Leu Arg Leu
    1100                 1105                 1110

Arg Gly  Gly Gly Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1115                 1120                 1125

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1130                 1135                 1140

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1145                 1150                 1155

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1160                 1165                 1170

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1175                 1180                 1185

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1190                 1195                 1200

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1205                 1210                 1215

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1220                 1225                 1230

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1235                 1240                 1245

Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1250                 1255                 1260
```

```
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1265                1270                1275

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1280                1285                1290

Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1295                1300                1305

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1310                1315                1320

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1325                1330                1335

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1340                1345                1350

Gly Ser  Ala Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1355                1360                1365

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Thr
    1370                1375                1380

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1385                1390                1395

Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro
    1400                1405
```

<210> 812
<211> 4218
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 812

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact       60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct      120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag      180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc      240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct      300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct      360
```

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggtac ctctgaaagc gcaactcctg agtctggccc aggtagcgaa 1920

cctgctacct ccggctctga gactccaggt acctctgaaa gcgcaacccc ggaatctggt 1980

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 2040

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc aggtagccct 2100

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 2160

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacttctga aagcgctact 2220

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 2280

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt acttctaccg aaccttccga gggcagcgca 2340

ccaggtactt ctgaaagcgc taccctgag tccggcccag gtacttctga aagcgctact 2400

cctgaatccg gtccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg aatctggccc aggtagcgaa 2460

ccggctactt ctggttctga aaccccaggt agcgaaccgg ctacctccgg ttctgaaact 2520

ccaggtagcc cagcaggctc tccgacttcc actgaggaag gtacttctac tgaaccttcc 2580

gaaggcagcg caccaggtac ctctactgaa ccttctgagg gcagcgctcc aggtagcgaa 2640

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 2700

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gttttccgac tattccgctg 2760

tctcgtctgt ttgataatgc tatgctgcgt gcgcaccgtc tgcaccagct ggcctttgat 2820

acttaccagg aatttgaaga agcctacatt cctaaagagc agaagtactc tttcctgcaa 2880

aacccacaga cttctctctg cttcagcgaa tctattccga cgccttccaa tcgcgaggaa 2940

actcagcaaa agtccaatct ggaactactc cgcatttctc tgcttctgat tcagagctgg 3000

ctagaaccag tgcaatttct gcgttccgtc ttcgccaata gcctagttta tggcgcatcc 3060

gacagcaacg tatacgatct cctgaaagat ctcgaggaag gcattcagac cctgatgggt 3120

cgtctcgagg atggctctcc gcgtactggt cagatcttca agcagactta ctctaaattt 3180

gatactaaca gccacaatga cgatgcgctt ctaaaaaact atggtctgct gtattgtttt 3240

cgtaaagata tggacaaagt tgaaaccttc ctgcgtattg ttcagtgtcg ttccgttgag 3300

ggcagctgtg gtttctaagg tgcgccgctg ggcctgcgcc tgcgcggcgg cggtggtacc 3360

tctgaaagcg caactcctga gtctggccca ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgag 3420

actccaggta cctctgaaag cgcaaccccg gaatctggtc caggtagcga acctgcaacc 3480

tctggctctg aaaccccagg tacctctgaa agcgctactc ctgaatctgg cccaggtact 3540

tctactgaac cgtccgaggg cagcgcacca ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc 3600

gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct gaatccggcc caggtagcga accggcaacc 3660

tccggttctg aaaccccagg tacttctgaa agcgctactc ctgagtccgg cccaggtagc 3720

ccggctggct ctccgacttc caccgaggaa ggtagcccgg ctggctctcc aacttctact 3780

gaagaaggta cttctaccga accttccgag ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct 3840

acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact 3900

tctgaaagcg ctaccccgga atctggccca ggtagcgaac cggctacttc tggttctgaa 3960

accccaggta gcgaaccggc tacctccggt tctgaaactc caggtagccc agcaggctct 4020

ccgacttcca ctgaggaagg tacttctact gaaccttccg aaggcagcgc accaggtacc 4080

tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa 4140

accccaggta cctctgaaag cgctactcct gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg 4200

tccgagggca gcgcacca 4218

<210> 813
<211> 1272
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 813
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
50 55 60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
100 105 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
115 120 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145 150 155 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
180 185 190

```
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445
```

```
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700
```

```
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
```

945 950 955 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
965 970 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
980 985 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile Ser Leu Leu Leu Ile
995 1000 1005

Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg Ser Val Phe Ala
1010 1015 1020

Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val Tyr Asp Leu
1025 1030 1035

Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly Arg Leu
1040 1045 1050

Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr Tyr
1055 1060 1065

Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
1070 1075 1080

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val
1085 1090 1095

Glu Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser
1100 1105 1110

Cys Gly Phe Gly Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val Gly Gly Gly
1115 1120 1125

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1130 1135 1140

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1145 1150 1155

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1160 1165 1170

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1175 1180 1185

```
Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Glu
    1190                 1195                 1200

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1205                 1210                 1215

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1220                 1225                 1230

Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1235                 1240                 1245

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1250                 1255                 1260

Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro
    1265                 1270
```

<210> 814
<211> 3819
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 814

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc       60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct      120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca      180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca      240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct      300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca      360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc      420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa      480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc      540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct      600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct      660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca      720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc      780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct      840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt      900
```

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtctgacc 3360

ccgcgcagcc tgctggtggg cggcggtggt agcgaaccgg caacttccgg ctctgaaacc 3420

ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctct 3480

ggctctgaaa ccccaggtag cccggcaggc tctccgactt ccaccgagga aggtacctct 3540

actgaacctt ctgagggtag cgctccaggt agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc 3600

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gaaactccag gtagcgaacc ggctacttcc 3660

ggttctgaaa ctccaggtac ctctaccgaa ccttccgaag gcagcgcacc aggtacttct 3720

gaaagcgcaa cccctgaatc cggtccaggt agcgaaccgg ctacttctgg ctctgagact 3780

ccaggtactt ctaccgaacc gtccgaaggt agcgcacca 3819

<210> 815
<211> 1272
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 815

Met	Ala	Glu	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Ala	Ser
1				5				10					15		

Pro	Gly	Thr	Ser	Ser	Thr	Gly	Ser	Pro	Gly	Ser	Ser	Thr	Pro	Ser	Gly
			20					25					30		

Ala	Thr	Gly	Ser	Pro	Gly	Ser	Ser	Thr	Pro	Ser	Gly	Ala	Thr	Gly	Ser
			35					40					45		

Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Ser	Glu
	50					55					60				

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65                  70                  75                  80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
                85                  90                  95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320
```

```
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575
```

```
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
```

```
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065
```

```
Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Gly Gly Lys  Leu Thr Arg Val Val  Gly Gly Gly
    1115                1120                1125

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1130                1135                1140

Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1145                1150                1155

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1160                1165                1170

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1175                1180                1185

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Glu
    1190                1195                1200

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1205                1210                1215

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1220                1225                1230

Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1235                1240                1245

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1250                1255                1260

Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro
    1265                1270
```

<210> 816
<211> 3819
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полинуклеотид

<400> 816

atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggcggc 3360

aaactgaccc gcgtggtggg cggcggtggt agcgaaccgg caacttccgg ctctgaaacc 3420

ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctct 3480

ggctctgaaa ccccaggtag cccggcaggc tctccgactt ccaccgagga aggtacctct 3540

actgaacctt ctgagggtag cgctccaggt agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc 3600

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gaaactccag gtagcgaacc ggctacttcc 3660

ggttctgaaa ctccaggtac ctctaccgaa ccttccgaag gcagcgcacc aggtacttct 3720

gaaagcgcaa cccctgaatc cggtccaggt agcgaaccgg ctacttctgg ctctgagact 3780

ccaggtactt ctaccgaacc gtccgaaggt agcgcacca 3819

<210> 817
<211> 1272
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 817
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
50 55 60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
100 105 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
115 120 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145 150 155 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
180 185 190

```
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445
```

```
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
```

```
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940
```

```
Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Gly Gly Leu  Gly Pro Val Ser Gly  Val Pro Gly
    1115                1120                1125

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1130                1135                1140

Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1145                1150                1155

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1160                1165                1170

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1175                1180                1185
```

```
Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Glu
    1190                 1195                 1200

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1205                 1210                 1215

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1220                 1225                 1230

Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1235                 1240                 1245

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1250                 1255                 1260

Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro
    1265                 1270
```

<210> 818
<211> 3819
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 818

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc       60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct      120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca      180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca      240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct      300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca      360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc      420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa      480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc      540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct      600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct      660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca      720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc      780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct      840
```

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggcggc 3360

ctgggcccgg tgagcggcgt gccgggtggt agcgaaccgg caacttccgg ctctgaaacc 3420

ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctct 3480

ggctctgaaa ccccaggtag cccggcaggc tctccgactt ccaccgagga aggtacctct 3540

actgaacctt ctgagggtag cgctccaggt agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc 3600

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gaaactccag gtagcgaacc ggctacttcc 3660

ggttctgaaa ctccaggtac ctctaccgaa ccttccgaag gcagcgcacc aggtacttct 3720

gaaagcgcaa cccctgaatc cggtccaggt agcgaaccgg ctacttctgg ctctgagact 3780

ccaggtactt ctaccgaacc gtccgaaggt agcgcacca 3819

<210> 819
<211> 1272
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 819
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
50 55 60

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65                  70                  75                  80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
                85                  90                  95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320
```

```
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
```

```
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815
```

```
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065
```

```
Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Ala Pro Leu  Gly Leu Arg Leu Arg  Gly Gly Gly
    1115                1120                1125

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1130                1135                1140

Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1145                1150                1155

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1160                1165                1170

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1175                1180                1185

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Glu
    1190                1195                1200

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1205                1210                1215

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1220                1225                1230

Ser Ala  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1235                1240                1245

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1250                1255                1260

Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro
    1265                1270
```

<210> 820
<211> 3819
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 820

atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtgcgccg 3360

ctgggcctgc gcctgcgcgg cggcggtggt agcgaaccgg caacttccgg ctctgaaacc 3420

ccaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctct 3480

ggctctgaaa ccccaggtag cccggcaggc tctccgactt ccaccgagga aggtacctct 3540

actgaacctt ctgagggtag cgctccaggt agcgaaccgg caacctctgg ctctgaaacc 3600

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gaaactccag gtagcgaacc ggctacttcc 3660

ggttctgaaa ctccaggtac ctctaccgaa ccttccgaag gcagcgcacc aggtacttct 3720

gaaagcgcaa cccctgaatc cggtccaggt agcgaaccgg ctacttctgg ctctgagact 3780

ccaggtactt ctaccgaacc gtccgaaggt agcgcacca 3819

<210> 821
<211> 1416
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 821

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
50 55 60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
100 105 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
115 120 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145 150 155 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
180 185 190

```
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
```

```
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685
```

```
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940
```

```
Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Leu Thr Pro  Arg Ser Leu Leu Val  Gly Gly Gly
    1115                1120                1125

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1130                1135                1140

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1145                1150                1155

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1160                1165                1170

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1175                1180                1185
```

```
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Pro
    1190                 1195                 1200

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1205                 1210                 1215

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1220                 1225                 1230

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1235                 1240                 1245

Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Ser Pro
    1250                 1255                 1260

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro
    1265                 1270                 1275

Ser Glu  Gly Ser Ala Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1280                 1285                 1290

Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1295                 1300                 1305

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1310                 1315                 1320

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1325                 1330                 1335

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1340                 1345                 1350

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1355                 1360                 1365

Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Glu
    1370                 1375                 1380

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1385                 1390                 1395

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1400                 1405                 1410

Ser Ala  Pro
```

1415

<210> 822
<211> 4251
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 822
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtctgacc 3360

ccgcgcagcc tgctggtggg cggcggtggt acctctgaaa gcgcaactcc tgagtctggc 3420

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gagactccag gtacctctga aagcgcaacc 3480

ccggaatctg gtccaggtag cgaacctgca acctctggct ctgaaacccc aggtacctct 3540

gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt acttctactg aaccgtccga gggcagcgca 3600

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 3660

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacttct 3720

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 3780

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtacttctac cgaaccttcc 3840

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gctacccctg agtccggccc aggtacttct 3900

gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggaatctggc 3960

ccaggtagcg aaccggctac ttctggttct gaaaccccag gtagcgaacc ggctacctcc 4020

ggttctgaaa ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 4080

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 4140

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 4200

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc a 4251

<210> 823
<211> 1416
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 823
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
50 55 60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
85 90 95

```
Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
```

595 600 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
610 615 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625 630 635 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
645 650 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
675 680 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
690 695 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
725 730 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
740 745 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
755 760 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
770 775 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785 790 795 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
805 810 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
820 825 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
835 840 845

```
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095
```

```
Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Gly Gly Lys  Leu Thr Arg Val Val  Gly Gly Gly
    1115                1120                1125

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1130                1135                1140

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1145                1150                1155

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1160                1165                1170

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1175                1180                1185

Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Pro
    1190                1195                1200

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1205                1210                1215

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1220                1225                1230

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1235                1240                1245

Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Ser Pro
    1250                1255                1260

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro
    1265                1270                1275

Ser Glu  Gly Ser Ala Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1280                1285                1290

Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1295                1300                1305

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1310                1315                1320

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1325                1330                1335
```

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
1370 1375 1380

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1385 1390 1395

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1400 1405 1410

Ser Ala Pro
1415

<210> 824
<211> 4251
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 824
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggcggc 3360

aaactgaccc gcgtggtggg cggcggtggt acctctgaaa gcgcaactcc tgagtctggc 3420

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gagactccag gtacctctga aagcgcaacc 3480

ccggaatctg gtccaggtag cgaacctgca acctctggct ctgaaacccc aggtacctct 3540

gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt acttctactg aaccgtccga gggcagcgca 3600

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 3660

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacttct 3720

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 3780

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtacttctac cgaaccttcc 3840

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gctacccctg agtccggccc aggtacttct 3900

gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggaatctggc 3960

ccaggtagcg aaccggctac ttctggttct gaaaccccag gtagcgaacc ggctacctcc 4020

ggttctgaaa ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 4080

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 4140

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 4200

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc a 4251

<210> 825
<211> 1416
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 825

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1               5                  10                  15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
    50                  55                  60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65                  70                  75                  80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
                85                  90                  95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
        115                 120                 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
    130                 135                 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145                 150                 155                 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255
```

```
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510
```

```
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
```

```
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005
```

```
Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Gly Gly Leu  Gly Pro Val Ser Gly  Val Pro Gly
    1115                1120                1125

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1130                1135                1140

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1145                1150                1155

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1160                1165                1170

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1175                1180                1185

Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Pro
    1190                1195                1200

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1205                1210                1215

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1220                1225                1230

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1235                1240                1245
```

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
1250 1255 1260

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1265 1270 1275

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1280 1285 1290

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1295 1300 1305

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1325 1330 1335

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
1370 1375 1380

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1385 1390 1395

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1400 1405 1410

Ser Ala Pro
1415

<210> 826
<211> 4251
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 826
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtggcggc 3360

ctgggcccgg tgagcggcgt gccgggtggt acctctgaaa gcgcaactcc tgagtctggc 3420

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gagactccag gtacctctga aagcgcaacc 3480

ccggaatctg gtccaggtag cgaacctgca acctctggct ctgaaacccc aggtacctct 3540

gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt acttctactg aaccgtccga gggcagcgca 3600

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 3660

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacttct 3720

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 3780

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtacttctac cgaaccttcc 3840

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gctacccctg agtccggccc aggtacttct 3900

gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggaatctggc 3960

ccaggtagcg aaccggctac ttctggttct gaaaccccag gtagcgaacc ggctacctcc 4020

ggttctgaaa ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 4080

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 4140

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 4200

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc a 4251

<210> 827
<211> 1416
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 827
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
50 55 60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
100 105 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
115 120 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145 150 155 160

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            180                 185                 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        195                 200                 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
            260                 265                 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305                 310                 315                 320

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
            340                 345                 350

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
        355                 360                 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385                 390                 395                 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415
```

```
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
        435                 440                 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
                485                 490                 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            500                 505                 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
    530                 535                 540

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545                 550                 555                 560

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
                565                 570                 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
            580                 585                 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        595                 600                 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625                 630                 635                 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
                645                 650                 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
            660                 665                 670
```

```
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
        675                 680                 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
    690                 695                 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705                 710                 715                 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
                725                 730                 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            740                 745                 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        755                 760                 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865                 870                 875                 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Phe Pro Thr
```

```
        915                 920                 925

Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met Leu Arg Ala His Arg
    930                 935                 940

Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu Phe Glu Glu Ala Tyr
945                 950                 955                 960

Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln Asn Pro Gln Thr Ser
                965                 970                 975

Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser Asn Arg Glu Glu Thr
            980                 985                 990

Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu  Leu Arg Ile Ser Leu  Leu Leu Ile
        995                 1000                1005

Gln Ser  Trp Leu Glu Pro Val  Gln Phe Leu Arg Ser  Val Phe Ala
    1010                1015                1020

Asn Ser  Leu Val Tyr Gly Ala  Ser Asp Ser Asn Val  Tyr Asp Leu
    1025                1030                1035

Leu Lys  Asp Leu Glu Glu Gly  Ile Gln Thr Leu Met  Gly Arg Leu
    1040                1045                1050

Glu Asp  Gly Ser Pro Arg Thr  Gly Gln Ile Phe Lys  Gln Thr Tyr
    1055                1060                1065

Ser Lys  Phe Asp Thr Asn Ser  His Asn Asp Asp Ala  Leu Leu Lys
    1070                1075                1080

Asn Tyr  Gly Leu Leu Tyr Cys  Phe Arg Lys Asp Met  Asp Lys Val
    1085                1090                1095

Glu Thr  Phe Leu Arg Ile Val  Gln Cys Arg Ser Val  Glu Gly Ser
    1100                1105                1110

Cys Gly  Phe Gly Ala Pro Leu  Gly Leu Arg Leu Arg  Gly Gly Gly
    1115                1120                1125

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1130                1135                1140

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1145                1150                1155
```

```
Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1160                 1165                 1170

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1175                 1180                 1185

Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Pro
    1190                 1195                 1200

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1205                 1210                 1215

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1220                 1225                 1230

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1235                 1240                 1245

Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Ser Pro
    1250                 1255                 1260

Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro
    1265                 1270                 1275

Ser Glu  Gly Ser Ala Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1280                 1285                 1290

Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1295                 1300                 1305

Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1310                 1315                 1320

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1325                 1330                 1335

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1340                 1345                 1350

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1355                 1360                 1365

Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ser Glu
    1370                 1375                 1380

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1385                 1390                 1395
```

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1400 1405 1410

Ser Ala Pro
1415

<210> 828
<211> 4251
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 828
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtgcatcccc gggcaccagc 60

tctaccggtt ctccaggtag ctctaccccg tctggtgcta ccggctctcc aggtagctct 120

accccgtctg gtgctactgg ctctccaggt acttctactg aaccgtctga aggcagcgca 180

ccaggtagcg aaccggctac ttccggttct gaaaccccag gtagcccagc aggttctcca 240

acttctactg aagaaggttc taccagctct accgcagaat ctcctggtcc aggtacctct 300

actccggaaa gcggctctgc atctccaggt tctactagcg aatctccttc tggcactgca 360

ccaggttcta ctagcgaatc cccgtctggt actgctccag gtacttctac tcctgaaagc 420

ggttccgctt ctccaggtac ctctactccg gaaagcggtt ctgcatctcc aggtagcgaa 480

ccggcaacct ccggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatccggc 540

ccaggtagcc cggcaggttc tccgacttcc actgaggaag gtacctctac tgaaccttct 600

gagggcagcg ctccaggtac ttctgaaagc gctaccccgg agtccggtcc aggtacttct 660

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 720

ccaggtagcc cagcaggttc tcctacctcc accgaggaag gtacttctac cgaaccgtcc 780

gagggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccttccgagg gcagcgcacc aggtacttct 840

gaaagcgcta cccctgagtc cggcccaggt acttctgaaa gcgctactcc tgaatccggt 900

ccaggtacct ctactgaacc ttccgaaggc agcgctccag gtacctctac cgaaccgtcc 960

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtacttct 1020

actgaacctt ccgaaggtag cgctccaggt agcgaacctg ctacttctgg ttctgaaacc 1080

ccaggtagcc cggctggctc tccgacctcc accgaggaag gtagctctac cccgtctggt 1140

gctactggtt ctccaggtac tccgggcagc ggtactgctt cttcctctcc aggtagctct 1200

acccccttctg gtgctactgg ctctccaggt acctctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1260

ccaggtacct ctactgaacc gtctgagggt agcgctccag gtagcgaacc ggcaacctcc 1320

ggttctgaaa ctccaggtag ccctgctggc tctccgactt ctactgagga aggtagcccg 1380

gctggttctc cgacttctac tgaggaaggt acttctaccg aaccttccga aggtagcgct 1440

ccaggtgcaa gcgcaagcgg cgcgccaagc acgggaggta cttctgaaag cgctactcct 1500

gagtccggcc caggtagccc ggctggctct ccgacttcca ccgaggaagg tagcccggct 1560

ggctctccaa cttctactga agaaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 1620

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 1680

tctactgcac caggtacccc tggcagcggt accgcttctt cctctccagg tagctctacc 1740

ccgtctggtg ctactggctc tccaggttct agcccgtctg catctaccgg taccggccca 1800

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 1860

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg ttccaccagc 1920

tctactgcag aatctccggg cccaggttct actagctcta ctgcagaatc tccgggtcca 1980

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gctccaggta gcgaaccggc aacctctggc 2040

tctgaaactc caggtagcga acctgcaacc tccggctctg aaaccccagg tacttctact 2100

gaaccttctg agggcagcgc accaggttct accagctcta ccgcagaatc tcctggtcca 2160

ggtacctcta ctccggaaag cggctctgca tctccaggtt ctactagcga atctccttct 2220

ggcactgcac caggtacttc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacctctact 2280

gaaccttccg agggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cttctgaagg tagcgcacca 2340

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 2400

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctccagg tagcgaacct 2460

gctacctccg gttctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg caactccgga gtctggtcca 2520

ggtagccctg caggttctcc tacctccact gaggaaggta gctctactcc gtctggtgca 2580

accggctccc caggttctag cccgtctgct tccactggta ctggcccagg tgcttccccg 2640

ggcaccagct ctactggttc tccaggtacc tctgaaagcg ctactccgga gtctggccca 2700

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta cttctactga accgtccgaa 2760

ggtagcgcac caggttttcc gactattccg ctgtctcgtc tgtttgataa tgctatgctg 2820

cgtgcgcacc gtctgcacca gctggccttt gatacttacc aggaatttga agaagcctac 2880

attcctaaag agcagaagta ctctttcctg caaaacccac agacttctct ctgcttcagc 2940

gaatctattc cgacgccttc caatcgcgag gaaactcagc aaaagtccaa tctggaacta 3000

ctccgcattt ctctgcttct gattcagagc tggctagaac cagtgcaatt tctgcgttcc 3060

gtcttcgcca atagcctagt ttatggcgca tccgacagca acgtatacga tctcctgaaa 3120

gatctcgagg aaggcattca gaccctgatg ggtcgtctcg aggatggctc tccgcgtact 3180

ggtcagatct tcaagcagac ttactctaaa tttgatacta acagccacaa tgacgatgcg 3240

cttctaaaaa actatggtct gctgtattgt tttcgtaaag atatggacaa agttgaaacc 3300

ttcctgcgta ttgttcagtg tcgttccgtt gagggcagct gtggtttcta aggtgcgccg 3360

ctgggcctgc gcctgcgcgg cggcggtggt acctctgaaa gcgcaactcc tgagtctggc 3420

ccaggtagcg aacctgctac ctccggctct gagactccag gtacctctga aagcgcaacc 3480

ccggaatctg gtccaggtag cgaacctgca acctctggct ctgaaacccc aggtacctct 3540

gaaagcgcta ctcctgaatc tggcccaggt acttctactg aaccgtccga gggcagcgca 3600

ccaggtagcc ctgctggctc tccaacctcc accgaagaag gtacctctga aagcgcaacc 3660

cctgaatccg gcccaggtag cgaaccggca acctccggtt ctgaaacccc aggtacttct 3720

gaaagcgcta ctcctgagtc cggcccaggt agcccggctg gctctccgac ttccaccgag 3780

gaaggtagcc cggctggctc tccaacttct actgaagaag gtacttctac cgaaccttcc 3840

gagggcagcg caccaggtac ttctgaaagc gctacccctg agtccggccc aggtacttct 3900

gaaagcgcta ctcctgaatc cggtccaggt acttctgaaa gcgctacccc ggaatctggc 3960

ccaggtagcg aaccggctac ttctggttct gaaaccccag gtagcgaacc ggctacctcc 4020

ggttctgaaa ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 4080

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 4140

ccaggtagcg aacctgcaac ctctggctct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 4200

cctgaatctg gcccaggtac ttctactgaa ccgtccgagg gcagcgcacc a 4251

<210> 829
<211> 973
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 829
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

```
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320
```

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575
```

```
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815

Phe Gly Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val Gly Gly Gly Gly Ser Glu
            820                 825                 830
```

```
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        835                 840                 845

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
                885                 890                 895

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            900                 905                 910

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
        915                 920                 925

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
945                 950                 955                 960

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                965                 970
```

<210> 830
<211> 2922
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 830

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact       60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct      120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag      180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc      240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct      300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct      360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct      420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg      480
```

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtctg 2460

accccgcgca gcctgctggt gggcggcggt ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa 2520

accccaggta cttctgaaag cgctactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 2580

tctggctctg aaaccccagg tagcccggca ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc 2640

tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa 2700

accccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgaaactc caggtagcga accggctact 2760

tccggttctg aaactccagg tacctctacc gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact 2820

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 2880

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac ca 2922

<210> 831
<211> 973
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 831
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380
```

```
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640
```

```
Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815

Phe Gly Gly Gly Lys Leu Thr Arg Val Val Gly Gly Gly Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        835                 840                 845

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
```

885 890 895

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
900 905 910

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
915 920 925

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
930 935 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
945 950 955 960

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
965 970

<210> 832
<211> 2922
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 832
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggc 2460

ggcaaactga cccgcgtggt gggcggcggt ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa 2520

accccaggta cttctgaaag cgctactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 2580

tctggctctg aaaccccagg tagcccggca ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc 2640

tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa 2700

accccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgaaactc caggtagcga accggctact 2760

tccggttctg aaactccagg tacctctacc gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact 2820

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 2880

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac ca 2922

<210> 833
<211> 973
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 833

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190
```

```
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445
```

```
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
```

```
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815

Phe Gly Gly Gly Leu Gly Pro Val Ser Gly Val Pro Gly Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        835                 840                 845

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
                885                 890                 895

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            900                 905                 910

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
        915                 920                 925

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940
```

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
945 950 955 960

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
965 970

<210> 834
<211> 2922
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 834
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggc 2460

ggcctgggcc cggtgagcgg cgtgccgggt ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa 2520

accccaggta cttctgaaag cgctactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 2580

tctggctctg aaaccccagg tagcccggca ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc 2640

tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa 2700

accccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgaaactc caggtagcga accggctact 2760

tccggttctg aaactccagg tacctctacc gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact 2820

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 2880

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac ca 2922

<210> 835
<211> 973
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 835

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255
```

```
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
```

```
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750
```

```
Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815

Phe Gly Ala Pro Leu Gly Leu Arg Leu Arg Gly Gly Gly Gly Ser Glu
            820                 825                 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        835                 840                 845

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
                885                 890                 895

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            900                 905                 910

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
        915                 920                 925

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
945                 950                 955                 960

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                965                 970
```

<210> 836
<211> 2922
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический

полинуклеотид

<400> 836

atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtgcg 2460

ccgctgggcc tgcgcctgcg cggcggcggt ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa 2520

accccaggta cttctgaaag cgctactcct gagtctggcc caggtagcga acctgctacc 2580

tctggctctg aaaccccagg tagcccggca ggctctccga cttccaccga ggaaggtacc 2640

tctactgaac cttctgaggg tagcgctcca ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa 2700

accccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgaaactc caggtagcga accggctact 2760

tccggttctg aaactccagg tacctctacc gaaccttccg aaggcagcgc accaggtact 2820

tctgaaagcg caacccctga atccggtcca ggtagcgaac cggctacttc tggctctgag 2880

actccaggta cttctaccga accgtccgaa ggtagcgcac ca 2922

<210> 837
<211> 1117
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 837
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60

```
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
```

```
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560
```

```
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815
```

```
Phe Gly Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val Gly Gly Gly Gly Thr Ser
            820                 825                 830

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        835                 840                 845

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                885                 890                 895

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            900                 905                 910

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
        915                 920                 925

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
945                 950                 955                 960

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                965                 970                 975

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            980                 985                 990

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
        995                 1000                1005

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1010                1015                1020

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1025                1030                1035

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Pro Ala Gly  Ser Pro Thr
    1040                1045                1050

Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1055                1060                1065
```

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1070 1075 1080

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1085 1090 1095

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1100 1105 1110

Gly Ser Ala Pro
1115

<210> 838
<211> 3354
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 838
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctacccct tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtctg 2460

accccgcgca gcctgctggt gggcggcggt ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct 2520

ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca 2580

accccggaat ctggtccagg tagcgaacct gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc 2640

tctgaaagcg ctactcctga atctggccca ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc 2700

gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca 2760

acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact 2820

tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc 2880

gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact tctactgaag aaggtacttc taccgaacct 2940

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact 3000

tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct 3060

ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt tctgaaaccc caggtagcga accggctacc 3120

tccggttctg aaactccagg tagcccagca ggctctccga cttccactga ggaaggtact 3180

tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc 3240

gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct 3300

actcctgaat ctggcccagg tacttctact gaaccgtccg agggcagcgc acca 3354

<210> 839
<211> 1117
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 839

Met	Ala	Glu	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Pro
1				5				10					15		
Gly	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Ser	Ser	Pro	Gly	Ser	Ser	Thr	Pro	Ser	Gly
			20					25					30		
Ala	Thr	Gly	Ser	Pro	Gly	Ala	Ser	Pro	Gly	Thr	Ser	Ser	Thr	Gly	Ser
		35					40					45			
Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser
	50					55					60				
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser
65					70					75					80
Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu
				85					90					95	
Glu	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser
			100					105					110		
Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr
		115					120					125			
Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr
	130					135					140				
Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser	Pro
145					150					155					160

```
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
```

```
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655
```

```
Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815

Phe Gly Gly Gly Lys Leu Thr Arg Val Val Gly Gly Gly Gly Thr Ser
            820                 825                 830

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        835                 840                 845

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                885                 890                 895

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            900                 905                 910
```

```
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
        915                 920                 925

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
945                 950                 955                 960

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                965                 970                 975

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            980                 985                 990

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
        995                 1000                1005

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1010                1015                1020

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1025                1030                1035

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Pro Ala Gly  Ser Pro Thr
    1040                1045                1050

Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1055                1060                1065

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1070                1075                1080

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1085                1090                1095

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1100                1105                1110

Gly Ser  Ala Pro
    1115
```

<210> 840
<211> 3354
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 840

atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggc 2460

ggcaaactga cccgcgtggt gggcggcggt ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct 2520

ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca 2580

accccggaat ctggtccagg tagcgaacct gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc 2640

tctgaaagcg ctactcctga atctggccca ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc 2700

gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca 2760

acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact 2820

tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc 2880

gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact tctactgaag aaggtacttc taccgaacct 2940

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact 3000

tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct 3060

ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt tctgaaaccc caggtagcga accggctacc 3120

tccggttctg aaactccagg tagcccagca ggctctccga cttccactga ggaaggtact 3180

tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc 3240

gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct 3300

actcctgaat ctggcccagg tacttctact gaaccgtccg agggcagcgc acca 3354

<210> 841
<211> 1117
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
полипептид

<400> 841

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255
```

```
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
```

```
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        595                 600                 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
    610                 615                 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625                 630                 635                 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
                645                 650                 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
            660                 665                 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
        675                 680                 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
    690                 695                 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705                 710                 715                 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
                725                 730                 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
            740                 745                 750
```

```
Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
        755                 760                 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
    770                 775                 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785                 790                 795                 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
                805                 810                 815

Phe Gly Gly Gly Leu Gly Pro Val Ser Gly Val Pro Gly Gly Thr Ser
            820                 825                 830

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        835                 840                 845

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                885                 890                 895

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            900                 905                 910

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
        915                 920                 925

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
945                 950                 955                 960

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                965                 970                 975

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            980                 985                 990

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
        995                 1000                1005
```

```
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1010                 1015                 1020

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1025                 1030                 1035

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Pro Ala Gly  Ser Pro Thr
    1040                 1045                 1050

Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1055                 1060                 1065

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1070                 1075                 1080

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1085                 1090                 1095

Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1100                 1105                 1110

Gly Ser  Ala Pro
    1115
```

<210> 842
<211> 3354
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 842

```
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact       60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct      120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag      180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc      240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct      300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct      360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct      420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg      480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc      540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc      600
```

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtggc 2460

ggcctgggcc cggtgagcgg cgtgccgggt ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct 2520

ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca 2580

accccggaat ctggtccagg tagcgaacct gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc 2640

tctgaaagcg ctactcctga atctggccca ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc 2700

gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca 2760

acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact 2820

tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc 2880

gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact tctactgaag aaggtacttc taccgaacct 2940

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact 3000

tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct 3060

ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt tctgaaaccc caggtagcga accggctacc 3120

tccggttctg aaactccagg tagcccagca ggctctccga cttccactga ggaaggtact 3180

tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc 3240

gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct 3300

actcctgaat ctggcccagg tacttctact gaaccgtccg agggcagcgc acca 3354

<210> 843
<211> 1117
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полипептид

<400> 843

```
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1               5                  10                  15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
            20                  25                  30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
        35                  40                  45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
    50                  55                  60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
65                  70                  75                  80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                85                  90                  95
```

```
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
            100                 105                 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
        115                 120                 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
    130                 135                 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145                 150                 155                 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                165                 170                 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            180                 185                 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
        195                 200                 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
    210                 215                 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225                 230                 235                 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
                245                 250                 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            260                 265                 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        275                 280                 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
    290                 295                 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305                 310                 315                 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
                325                 330                 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            340                 345                 350
```

```
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        355                 360                 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    370                 375                 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385                 390                 395                 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                405                 410                 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            420                 425                 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
        435                 440                 445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
    450                 455                 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465                 470                 475                 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
                485                 490                 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            500                 505                 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
        515                 520                 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
    530                 535                 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545                 550                 555                 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
            580                 585                 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
```

595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
610 615 620

Pro Gly Phe Pro Thr Ile Pro Leu Ser Arg Leu Phe Asp Asn Ala Met
625 630 635 640

Leu Arg Ala His Arg Leu His Gln Leu Ala Phe Asp Thr Tyr Gln Glu
645 650 655

Phe Glu Glu Ala Tyr Ile Pro Lys Glu Gln Lys Tyr Ser Phe Leu Gln
660 665 670

Asn Pro Gln Thr Ser Leu Cys Phe Ser Glu Ser Ile Pro Thr Pro Ser
675 680 685

Asn Arg Glu Glu Thr Gln Gln Lys Ser Asn Leu Glu Leu Leu Arg Ile
690 695 700

Ser Leu Leu Leu Ile Gln Ser Trp Leu Glu Pro Val Gln Phe Leu Arg
705 710 715 720

Ser Val Phe Ala Asn Ser Leu Val Tyr Gly Ala Ser Asp Ser Asn Val
725 730 735

Tyr Asp Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Gly Ile Gln Thr Leu Met Gly
740 745 750

Arg Leu Glu Asp Gly Ser Pro Arg Thr Gly Gln Ile Phe Lys Gln Thr
755 760 765

Tyr Ser Lys Phe Asp Thr Asn Ser His Asn Asp Asp Ala Leu Leu Lys
770 775 780

Asn Tyr Gly Leu Leu Tyr Cys Phe Arg Lys Asp Met Asp Lys Val Glu
785 790 795 800

Thr Phe Leu Arg Ile Val Gln Cys Arg Ser Val Glu Gly Ser Cys Gly
805 810 815

Phe Gly Ala Pro Leu Gly Leu Arg Leu Arg Gly Gly Gly Gly Thr Ser
820 825 830

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
835 840 845

```
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    850                 855                 860

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
865                 870                 875                 880

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                885                 890                 895

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
            900                 905                 910

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
        915                 920                 925

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
    930                 935                 940

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
945                 950                 955                 960

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
                965                 970                 975

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
            980                 985                 990

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
        995                 1000                1005

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1010                1015                1020

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1025                1030                1035

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Ser Pro Ala Gly  Ser Pro Thr
    1040                1045                1050

Ser Thr  Glu Glu Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1055                1060                1065

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1070                1075                1080

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1085                1090                1095
```

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1100 1105 1110

Gly Ser Ala Pro
1115

<210> 844
<211> 3354
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический полинуклеотид

<400> 844
atggctgaac ctgctggctc tccaacctcc actgaggaag gtaccccggg tagcggtact 60

gcttcttcct ctccaggtag ctctaccccт tctggtgcaa ccggctctcc aggtgcttct 120

ccgggcacca gctctaccgg ttctccaggt agcccggctg gctctcctac ctctactgag 180

gaaggtactt ctgaaagcgc tactcctgag tctggtccag gtacctctac tgaaccgtcc 240

gaaggtagcg ctccaggtag cccagcaggc tctccgactt ccactgagga aggtacttct 300

actgaacctt ccgaaggcag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 360

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggaa tctggcccag gtagcgaacc ggctacttct 420

ggttctgaaa ccccaggtag cgaaccggct acctccggtt ctgaaactcc aggtagcccg 480

gcaggctctc cgacctctac tgaggaaggt acttctgaaa gcgcaacccc ggagtccggc 540

ccaggtacct ctaccgaacc gtctgagggc agcgcaccag gtacttctac cgaaccgtcc 600

gagggtagcg caccaggtag cccagcaggt tctcctacct ccaccgagga aggtacttct 660

accgaaccgt ccgagggtag cgcaccaggt acctctactg aaccttctga gggcagcgct 720

ccaggtactt ctgaaagcgc taccccggag tccggtccag gtacttctac tgaaccgtcc 780

gaaggtagcg caccaggtac ttctgaaagc gcaacccctg aatccggtcc aggtagcgaa 840

ccggctactt ctggctctga gactccaggt acttctaccg aaccgtccga aggtagcgca 900

ccaggtactt ctactgaacc gtctgaaggt agcgcaccag gtacttctga aagcgcaacc 960

ccggaatccg gcccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg agtccggccc aggtagccct 1020

gctggctctc caacctccac cgaagaaggt acctctgaaa gcgcaacccc tgaatccggc 1080

ccaggtagcg aaccggcaac ctccggttct gaaaccccag gtacctctga aagcgctact 1140

ccggagtctg gcccaggtac ctctactgaa ccgtctgagg gtagcgctcc aggtacttct 1200

actgaaccgt ccgaaggtag cgcaccaggt acttctaccg aaccgtccga aggcagcgct 1260

ccaggtacct ctactgaacc ttccgagggc agcgctccag gtacctctac cgaaccttct 1320

gaaggtagcg caccaggtac ttctaccgaa ccgtccgagg gtagcgcacc aggtagccca 1380

gcaggttctc ctacctccac cgaggaaggt acttctaccg aaccgtccga gggtagcgca 1440

ccaggtacct ctgaaagcgc aactcctgag tctggcccag gtagcgaacc tgctacctcc 1500

ggctctgaga ctccaggtac ctctgaaagc gcaaccccgg aatctggtcc aggtagcgaa 1560

cctgcaacct ctggctctga aaccccaggt acctctgaaa gcgctactcc tgaatctggc 1620

ccaggtactt ctactgaacc gtccgagggc agcgcaccag gtacttctga aagcgctact 1680

cctgagtccg gcccaggtag cccggctggc tctccgactt ccaccgagga aggtagcccg 1740

gctggctctc caacttctac tgaagaaggt agcccggcag gctctccgac ctctactgag 1800

gaaggtactt ctgaaagcgc aaccccggag tccggcccag gtacctctac cgaaccgtct 1860

gagggcagcg caccaggttt tccgactatt ccgctgtctc gtctgtttga taatgctatg 1920

ctgcgtgcgc accgtctgca ccagctggcc tttgatactt accaggaatt tgaagaagcc 1980

tacattccta aagagcagaa gtactctttc ctgcaaaacc cacagacttc tctctgcttc 2040

agcgaatcta ttccgacgcc ttccaatcgc gaggaaactc agcaaaagtc caatctggaa 2100

ctactccgca tttctctgct tctgattcag agctggctag aaccagtgca atttctgcgt 2160

tccgtcttcg ccaatagcct agtttatggc gcatccgaca gcaacgtata cgatctcctg 2220

aaagatctcg aggaaggcat tcagaccctg atgggtcgtc tcgaggatgg ctctccgcgt 2280

actggtcaga tcttcaagca gacttactct aaatttgata ctaacagcca caatgacgat 2340

gcgcttctaa aaaactatgg tctgctgtat tgttttcgta aagatatgga caaagttgaa 2400

accttcctgc gtattgttca gtgtcgttcc gttgagggca gctgtggttt ctaaggtgcg 2460

ccgctgggcc tgcgcctgcg cggcggcggt ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct 2520

ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca 2580

accccggaat ctggtccagg tagcgaacct gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc 2640

tctgaaagcg ctactcctga atctggccca ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc 2700

gcaccaggta gccctgctgg ctctccaacc tccaccgaag aaggtacctc tgaaagcgca 2760

acccctgaat ccggcccagg tagcgaaccg gcaacctccg gttctgaaac cccaggtact 2820

tctgaaagcg ctactcctga gtccggccca ggtagcccgg ctggctctcc gacttccacc 2880

gaggaaggta gcccggctgg ctctccaact tctactgaag aaggtacttc taccgaacct 2940

tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa agcgctaccc ctgagtccgg cccaggtact 3000

tctgaaagcg ctactcctga atccggtcca ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct 3060

ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt tctgaaaccc caggtagcga accggctacc 3120

tccggttctg aaactccagg tagcccagca ggctctccga cttccactga ggaaggtact 3180

tctactgaac cttccgaagg cagcgcacca ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc 3240

gctccaggta gcgaacctgc aacctctggc tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct 3300

actcctgaat ctggcccagg tacttctact gaaccgtccg agggcagcgc acca 3354

<210> 845
<211> 42
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический олигонуклеотид

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(39)

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (7)..(7)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (9)..(9)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (10)..(10)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (12)..(12)
<223> a, c, t, или g

<220>
<223> для подробного объяснения замещений и предпочтительных воплощений смотри описание изобретения

<400> 845
atg gct nvn nvn gct ggc tct cca acc tcc act gag gaa ggt 42
Met Ala Xaa Xaa Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1 5 10

<210> 846
<211> 13
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический пептид

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> 'Xaa' в позиции 3 означает Ala, Pro, Ser, Thr, Gly,

или Glu.

<220>
<221> misc_feature
<222> (4)..(4)
<223> 'Xaa' в позиции 4 означает Ala, Pro, Ser, Thr, Gly,
или Glu.

<220>
<223> для подробного объяснения замещений и предпочтительных воплощений
смотри описание изобретения

<400> 846
Met Ala Xaa Xaa Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1 5 10

<210> 847
<211> 42
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
олигонуклеотид

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(39)

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (7)..(7)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (9)..(9)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (10)..(10)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (12)..(12)
<223> a, c, t, или g

<220>
<223> для подробного объяснения замещений и предпочтительных воплощений
смотри описание изобретения

<400> 847
atg gct nvn nvn gaa agc gca acc cct gag tcc ggt cca ggt 42
Met Ala Xaa Xaa Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1 5 10

<210> 848
<211> 13

<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
пептид

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> 'Xaa' в позиции 3 означает Ala, Pro, Ser, Thr, Gly,
или Glu.

<220>
<221> misc_feature
<222> (4)..(4)
<223> 'Xaa' в позиции 4 означает Ala, Pro, Ser, Thr, Gly,
или Glu.

<220>
<223> для подробного объяснения замещений и предпочтительных воплощений
смотри описание изобретения

<400> 848
Met Ala Xaa Xaa Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1 5 10

<210> 849
<211> 42
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
олигонуклеотид

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(39)

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (7)..(7)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (9)..(9)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (10)..(10)
<223> a, c, t, или g

<220>
<221> модифицированное_основание
<222> (12)..(12)
<223> a, c, t, или g

<220>

<223> для подробного объяснения замещений и предпочтительных воплощений
смотри описание изобретения

<400> 849
atg gct nvn nvn act ccg tct ggt gct acc ggt tcc cca ggt 42
Met Ala Xaa Xaa Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1 5 10

<210> 850
<211> 13
<212> ПРТ
<213> Искусственная последовательность

<220>
<223> Описание искусственной последовательности: Синтетический
пептид

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> 'Xaa' в позиции 3 означает Ala, Pro, Ser, Thr, Gly,
или Glu.

<220>
<221> misc_feature
<222> (4)..(4)
<223> 'Xaa' в позиции 4 означает Ala, Pro, Ser, Thr, Gly,
или Glu.

<220>
<223> для подробного объяснения замещений и предпочтительных воплощений
смотри описание изобретения

<400> 850
Met Ala Xaa Xaa Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1 5 10

ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Гибридный белок, включающий одну или более последовательностей гормона роста (ГР), независимо выбранных из последовательности SEQ ID NO: 1 или последовательности, которая по меньшей мере на 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% идентична последовательности SEQ ID NO: 1, где указанная последовательность ГР присоединена к одной или более последовательностям удлиненного рекомбинантного полипептида (XTEN) по меньшей мере из 200 аминокислотных остатков, где XTEN отличается тем, что:

(а) одна или более последовательностей XTEN включают по меньшей мере 200 смежных аминокислот, которые идентичны по меньшей мере на 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% аминокислотной последовательности сопоставимой длины, выбранной из SEQ ID NO: 63-79;

(б) одна или более последовательностей XTEN лишены предсказанного Т-клеточного эпитопа по данным анализа с применением алгоритма TEPITOPE, где предсказание алгоритма TEPITOPE относительно эпитопов внутри последовательности XTEN основано на величине балла -6 или более;

(в) имеет балл субпоследовательности, как определено в описании, менее чем 10;

(г) сумма остатков глицина (G), аланина (A), серина (S), треонина (T), глутамата (E) и пролина (P) составляет более чем 90% от общего числа аминокислотных остатков XTEN;

где гибридный белок стимулирует продукцию IGF-1 у субъекта, имеет более продолжительный конечный период полувыведения при введении субъекту по сравнению с соответствующим ГР, не имеющим XTEN, при введении субъекту в сопоставимой молярной дозе, и

сродство связывания гибридного белка с рецептором гормона роста уменьшено по сравнению со сродством связывания соответствующего ГР, не имеющего XTEN.

2. Гибридный белок по п.1, включающий несколько последовательностей XTEN, где гибридный белок принимает множественные конфигурации XTEN, представляющие собой

XTEN-ГР-XTEN, ГР-XTEN-XTEN, XTEN-XTEN-ГР, XTEN-ГР-XTEN-XTEN, XTEN-XTEN-ГР-XTEN, ГР-XTEN-ГР-XTEN, XTEN-ГР-XTEN-ГР, XTEN-XTEN-ГР-XTEN-ГР, XTEN-XTEN-ГР-ГР, ГР-XTEN-XTEN-ГР, ГР-ГР-XTEN-XTEN, ГР-ГР-XTEN-XTEN-ГР или ГР-XTEN-ГР-XTEN-ГР.

3. Гибридный белок по п.1 или 2, где последовательности ГР и XTEN связаны через спейсерную последовательность, содержащую от 1 до 50 аминокислотных остатков.

4. Гибридный белок по п.3, где спейсерная последовательность включает расщепляемую последовательность.

5. Гибридный белок по п.1, где XTEN слит с гормоном роста по C- или N-концу гормона роста.

6. Гибридный белок по п.2, включающий XTEN, выбранный из группы, состоящей из SEQ ID NO: 75, 76, 63 и 71.

7. Гибридный белок по п.1 или 2, включающий аминокислотную последовательность, идентичную по меньшей мере на 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% аминокислотной последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 689, 695, 697, 757 и 791.

8. Гибридный белок по п.7, включающий аминокислотную последовательность, выбранную из SEQ ID NO: 689, 695, 697, 757 и 791.

9. Гибридный белок по п.7, включающий аминокислотную последовательность, идентичную по меньшей мере на 90% аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 757.

10. Гибридный белок по п.9, включающий аминокислотную последовательность, идентичную по меньшей мере на 99% аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 757.

11. Гибридный белок по п.9, включающий аминокислотную последовательность SEQ ID NO: 757.

12. Гибридный белок по п.1 или 2, включающий аминокислотную последовательность, кодируемую нуклеиновой кислотой, идентичной по меньшей мере на 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% последовательности нуклеиновой кислоты, выбранной из SEQ ID NO: 670, 672, 674, 676, 678, 680, 682, 684, 686, 688, 690, 692, 694, 696, 698, 700, 702, 704, 706, 708, 710, 712, 714, 716, 718, 720, 722, 724, 726, 728, 730, 732, 734, 736, 738, 740, 742, 744, 746, 748, 750, 752, 754, 756, 758, 760, 762, 764, 766, 768, 770, 772, 774, 776, 778, 780, 782, 784, 786, 788, 790, 792, 794 и 796.

13. Гибридный белок по п.12, где нуклеиновая кислота выбрана из SEQ ID NO: 690, 696, 698, 758 и 792.

14. Гибридный белок по п.12, где нуклеиновая кислота представляет собой SEQ ID NO: 758.

15. Гибридный белок, включающий аминокислотную последовательность, идентичную по меньшей мере на 90% последовательности SEQ ID NO: 1 гормона роста человека, присоединенную к последовательности удлиненного рекомбинантного полипептида XTEN, идентичной по меньшей мере на 90% последовательности SEQ ID NO: 75, где гибридный белок стимулирует продукцию IGF-1 у субъекта, имеет более продолжительный конечный период полувыведения при введении субъекту по сравнению с соответствующим ГР, не имеющим XTEN, при введении субъекту в сопоставимой молярной дозе, и сродство связывания гибридного белка с рецептором гормона роста уменьшено по сравнению со сродством связывания соответствующего ГР, не имеющего XTEN.

16. Гибридный белок по п.15, где указанная последовательность XTEN идентична по меньшей мере на 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% последовательности SEQ ID NO: 75.

17. Гибридный белок по п.15, где указанная последовательность XTEN идентична по меньшей мере на 99% последовательности SEQ ID NO: 75.

18. Гибридный белок по п.15, где указанная последовательность XTEN включает аминокислотную последовательность SEQ ID NO: 75.

19. Гибридный белок по любому из пп.1-18, где сродство связывания уменьшено по меньшей мере в 10 раз.

20. Гибридный белок по любому из пп.1-18, отличающийся тем, что:

(1) когда меньшее молярное количество гибридного белка вводят субъекту по сравнению с соответствующим ГР, не имеющим XTEN, гибридный белок достигает сопоставимого терапевтического эффекта, что и соответствующий ГР, не имеющий XTEN; и

(2) когда гибридный белок вводят субъекту менее часто по сравнению с соответствующим ГР, не имеющим XTEN, который введен субъекту в ином эквивалентном молярном количестве, гибридный белок достигает сопоставимого терапевтического эффекта, что и соответствующий ГР, не имеющий XTEN.

21. Нуклеиновая кислота, кодирующая гибридный белок по п.1 или 2, где нуклеиновая кислота по меньшей мере на 90% идентична последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 670, 672, 674, 676, 678, 680, 682, 684, 686, 688, 690, 692, 694, 696, 698, 700, 702, 704, 706, 708, 710, 712, 714, 716, 718, 720, 722, 724, 726, 728, 730, 732, 734, 736, 738, 740, 742, 744, 746, 748, 750, 752, 754, 756, 758, 760, 762, 764, 766, 768, 770, 772, 774, 776, 778, 780, 782, 784, 786, 788, 790, 792, 794 и 796, или комплементарна ей.

22. Нуклеиновая кислота по п.21, которая идентична по меньшей мере на 90% последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 690, 696, 698, 758 и 792.

23. Нуклеиновая кислота по п.22, которая идентична по меньшей мере на 90% последовательности SEQ ID NO: 758.

24. Нуклеиновая кислота по п.23, которая включает последовательность SEQ ID NO: 758.

25. Способ получения гибридного белка по любому из пп.1-20, включающего ГР, слитый с одним или более удлиненным рекомбинантным полипептидом XTEN, включающий:

(а) предоставление клетки-хозяина, включающей нуклеиновую кислоту по любому из пп.21-24;

(б) культивирование указанной клетки-хозяина при условиях, обеспечивающих экспрессию гибридного белка; и

(в) выделение гибридного белка.

26. Способ по п.25, где один или более XTEN экспрессируемого гибридного белка идентичны по меньшей мере на 90% последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 63-79.

27. Способ по п.25, где нуклеиновая кислота, кодирующая гибридный белок, идентична по меньшей мере на 90% последовательности нуклеиновой кислоты, выбранной из SEQ ID NO: 670, 672, 674, 676, 678, 680, 682, 684, 686, 688, 690, 692, 694, 696, 698, 700, 702, 704, 706, 708, 710, 712, 714, 716, 718, 720, 722, 724, 726, 728, 730, 732, 734, 736, 738, 740, 742, 744, 746, 748, 750, 752, 754, 756, 758, 760, 762, 764, 766, 768, 770, 772, 774, 776, 778, 780, 782, 784, 786, 788, 790, 792, 794, 796, 798, 800, 802, 804, 806, 808, 810, 812, 814, 816, 818, 820, 822, 824, 826, 828, 830, 832, 834, 836, 838, 840, 842 и 844.

28. Способ по п.25, где нуклеиновая кислота представляет собой SEQ ID NO: 758.

29. Способ по п.25, где клетка-хозяин представляет собой прокариотическую клетку.

30. Способ по п.25, где гибридный белок получают из цитоплазмы клетки-хозяина в растворимой форме.

31. Гибридный белок, полученный способом по п.25, где нуклеиновая кислота включает:

(1) последовательность нуклеиновой кислоты, идентичную по меньшей мере на 90% последовательности SEQ ID NO: 758;

(2) последовательность нуклеиновой кислоты, идентичную по меньшей мере на 95% последовательности SEQ ID NO: 758; или

(3) SEQ ID NO: 758.

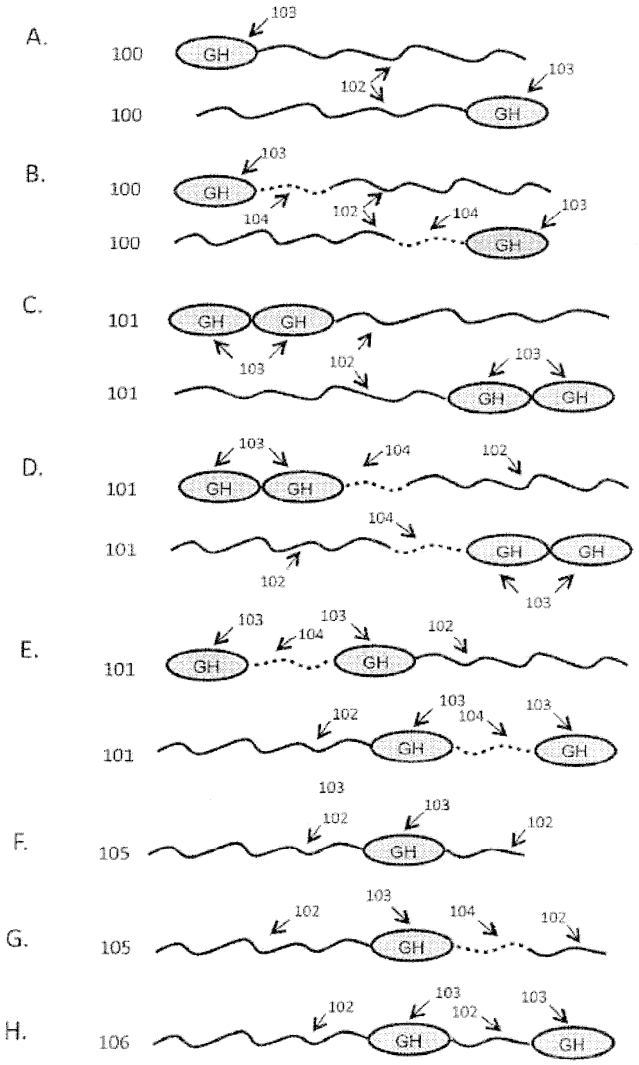
32. Нуклеиновая кислота, включающая нуклеотидную последовательность, кодирующую гибридный белок по п.1 или 15, или комплементарная ей.

33. Экспрессионный вектор, включающий нуклеиновую кислоту по любому из пп.21-24 и 32.

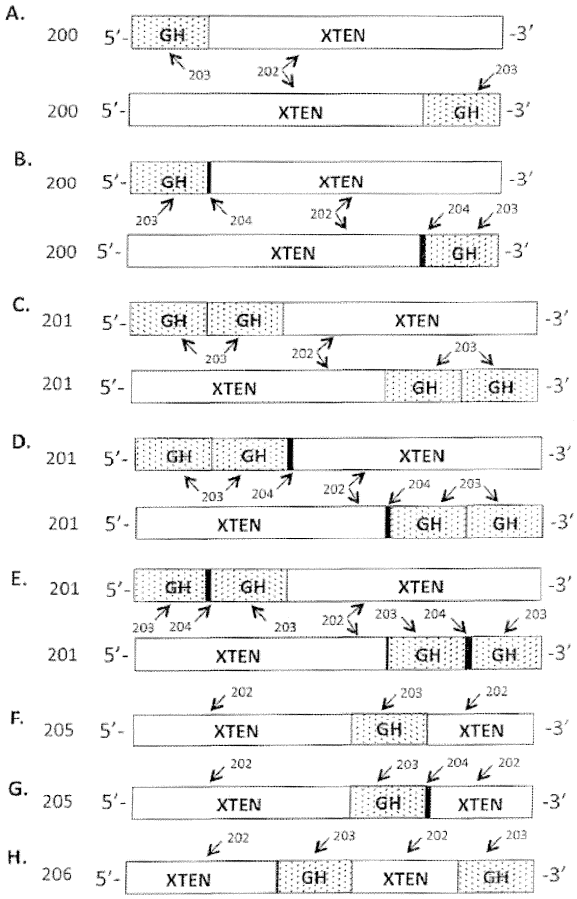
34. Выделенная клетка-хозяин, включающая нуклеиновую кислоту по любому из пп.21-24 и 32.

35. Применение гибридного белка по любому из пп.1-20 в производстве лекарственного средства для лечения дефицита гормона роста, синдрома Тернера, синдрома Прадера-Вилли, хронической почечной недостаточности, задержки внутриутробного развития, идиопатической низкорослости, истощения, связанного со СПИД, ожирения, рассеянного склероза, фибромиалгии, болезни Крона, неспецифического язвенного колита, мышечной дистрофии, низкой мышечной массы и остеопороза, миокардиальной ишемии, низкой плотности костей.

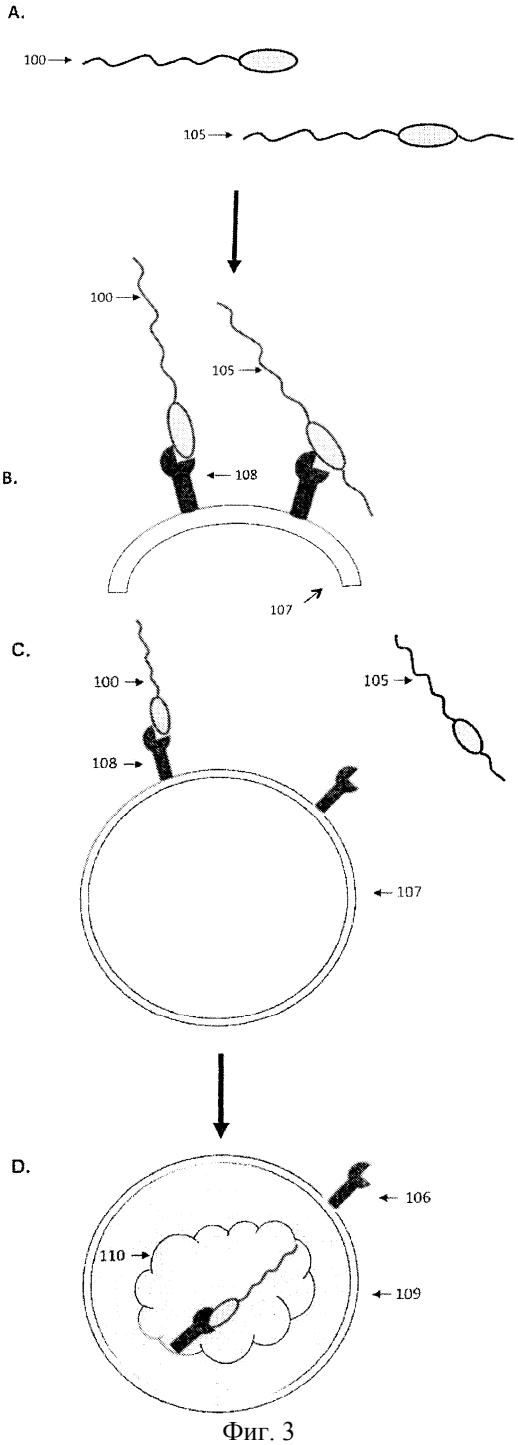
36. Фармацевтическая композиция, содержащая терапевтически эффективное количество гибридного белка по любому из пп.1-20 и фармацевтически приемлемый носитель, для лечения дефицита гормона роста, синдрома Тернера, синдрома Прадера-Вилли, хронической почечной недостаточности, задержки внутриутробного развития, идиопатической низкорослости, истощения, связанного со СПИД, ожирения, рассеянного склероза, фибромиалгии, болезни Крона, неспецифического язвенного колита, мышечной дистрофии, низкой мышечной массы и остеопороза, миокардиальной ишемии, низкой плотности костей.


A.
100
GH
103
102
103
100
GH
B.
100
GH
103
102
104
104
103
100
GH
C.
101
GH
GH
103
102
103
101
GH
GH
D.
103
104
102
101
GH
GH
104
101
102
GH
GH
103
E.
103
104
103
102
101
GH
GH
102
103
104
103
101
GH
GH
F.
103
105
102
103
GH
102
G.
105
102
103
GH
104
102
H.
106
102
103
102
103
GH
GH

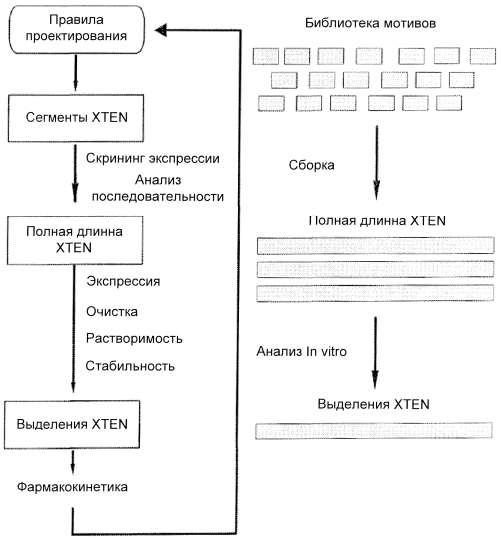
Фиг. 1


A.
200 5′- GH XTEN -3′
203 202 203
200 5′- XTEN GH -3′
B.
200 5′- GH XTEN -3′
203 204 202 204 203
200 5′- XTEN GH -3′
C.
201 5′- GH GH XTEN -3′
203 202 203
201 5′- XTEN GH GH -3′
D.
201 5′- GH GH XTEN -3′
203 204 202 204 203
201 5′- XTEN GH GH -3′
E.
201 5′- GH GH XTEN -3′
203 204 203 202 203 204 203
201 5′- XTEN GH GH -3′
F.
202 203 202
205 5′- XTEN GH XTEN -3′
G.
202 203 204 202
205 5′- XTEN GH XTEN -3′
H.
202 203 202 203
206 5′- XTEN GH XTEN GH -3′

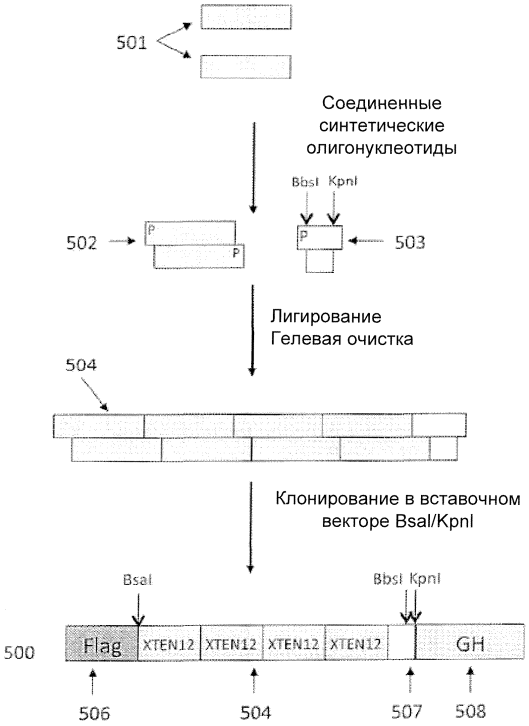
Фиг. 2



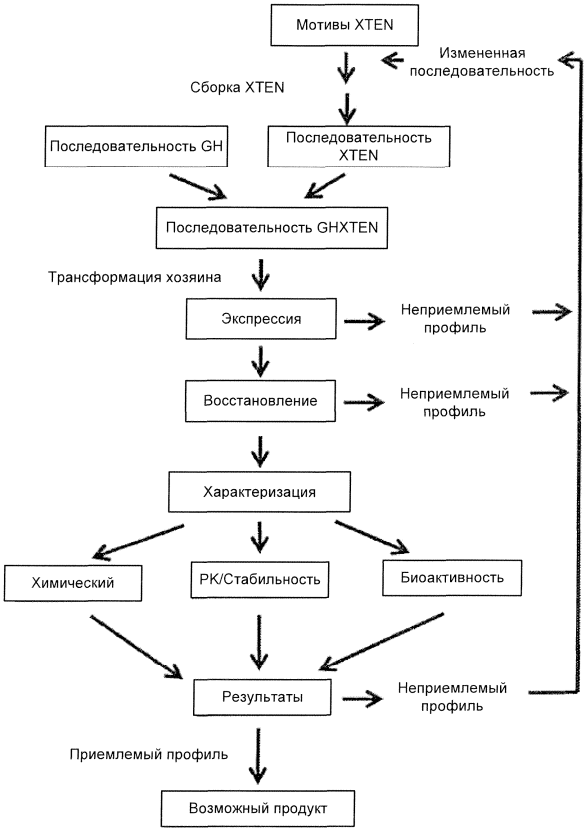
Фиг. 3


Правила проектирования
Сегменты XTEN
Скрининг экспрессии
Анализ последовательности
Полная длинна XTEN
Экспрессия
Очистка
Растворимость
Стабильность
Выделения XTEN
Фармакокинетика
Библиотека мотивов
Сборка
Полная длинна XTEN
Анализ In vitro
Выделения XTEN

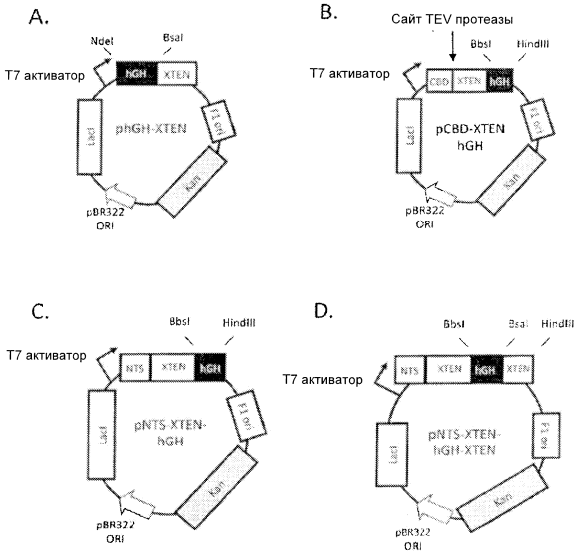
Фиг. 4


501
Соединенные синтетические олигонуклеотиды
BbsI KpnI
502
503
Лигирование
Гелевая очистка
504
Клонирование в вставочном векторе BsaI/KpnI
BsaI
BbsI KpnI
500
Flag
XTEN12
XTEN12
XTEN12
XTEN12
GH
506
504
507
508

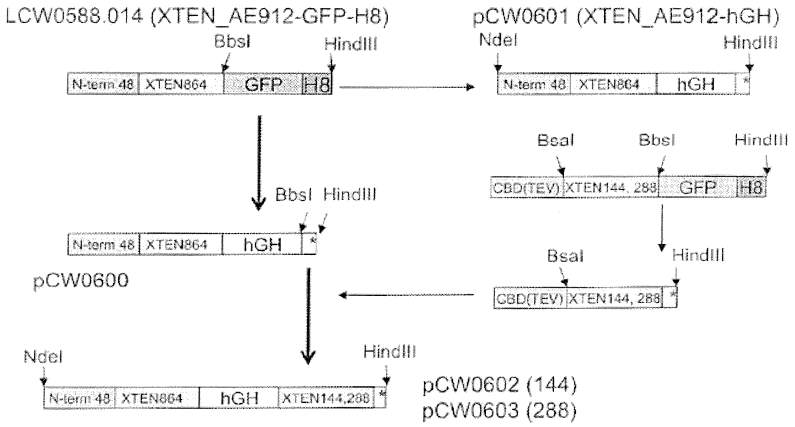
Фиг. 5


Мотивы XTEN
Измененная последовательность
Сборка XTEN
Последовательность GH
Последовательность XTEN
Последовательность GHXTEN
Трансформация хозяина
Экспрессия
Неприемлемый профиль
Восстановление
Неприемлемый профиль
Характеризация
Химический
PK/Стабильность
Биоактивность
Результаты
Неприемлемый профиль
Приемлемый профиль
Возможный продукт

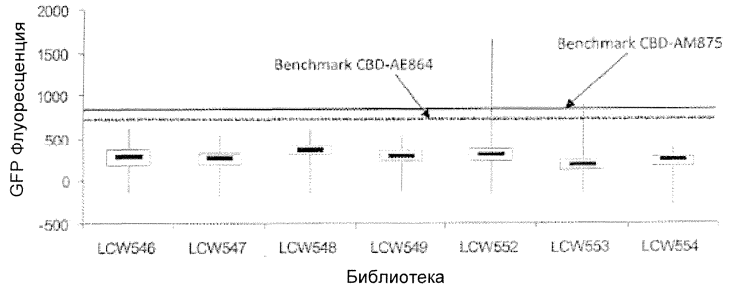
Фиг. 6


A.
NdeI
BsaI
T7 активатор
hGH
XTEN
pHGH-XTEN
LacI
Kan
pBR322 ORI
B.
Сайт TEV протеазы
BbsI
HindIII
T7 активатор
CBD
XTEN
hGH
pCBD-XTEN hGH
LacI
Kan
pBR322 ORI
C.
BbsI
HindIII
T7 активатор
NTS
XTEN
hGH
pNTS XTEN-hGH
LacI
Kan
pBR322 ORI
D.
BbsI
BsaI
HindIII
T7 активатор
NTS
XTEN
hGH
XTEN
pNTS-XTEN-hGH-XTEN
LacI
Kan
pBR322 ORI

Фиг. 7



Фиг. 8



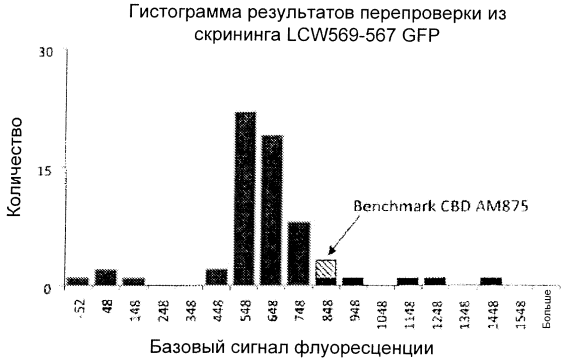
Фиг. 9

```
LCW0569  ATGGCTNNNNNNGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGT
          M  A  X  X  A  G  S  P  T  S  T  E  E
LCW0570  ATGGCTNNNNNNGAAAGCGCAACCCCTGAGTCCGGTCCAGGT
          M  A  X  X  E  S  A  T  P  E  S  G  P
LCW0571  ATGGCTNNNNNNACTCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGT
          M  A  X  X  T  P  S  G  A  T  G  S  P
```

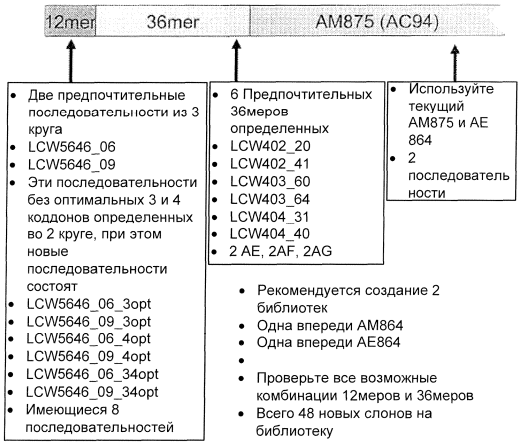
X = APST,	GS	or	GE
TCAG/C/TCAG,	AG/G/TC	or	G/AG/AG
Разнообразие:	16	4	4

* Серия из 2 библиотек основана на 3 лучших клонах из скрининга серии 1
* Включены все 24 коддона для 6 аминокислот G, E, S, P, A, T.
* Каждая новая библиотека составлена из пар 3x3=9 соединенных олигонуклеотидов

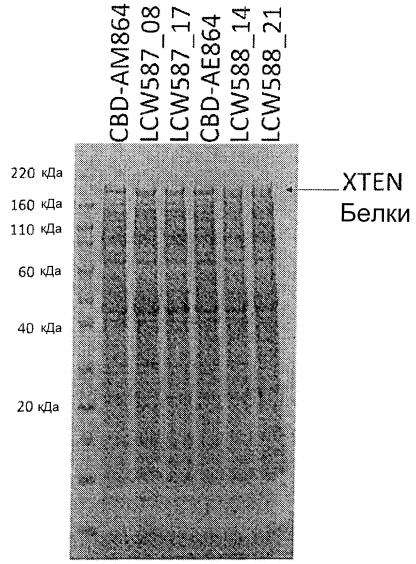
Фиг. 10



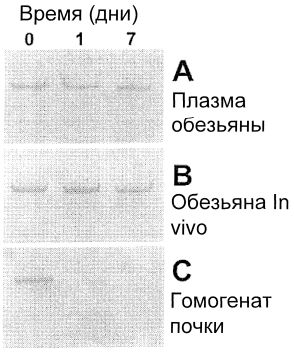
Фиг. 11



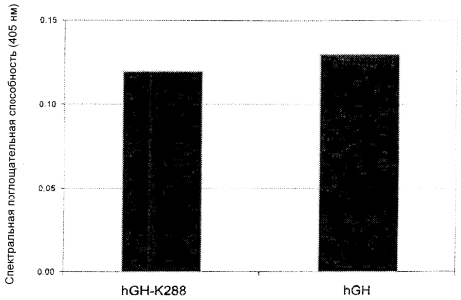
Фиг. 12



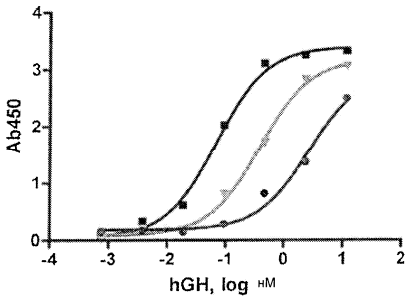
Фиг. 13



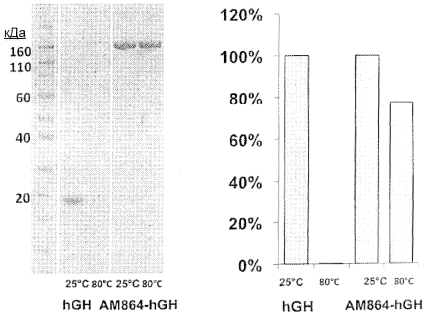
Фиг. 14



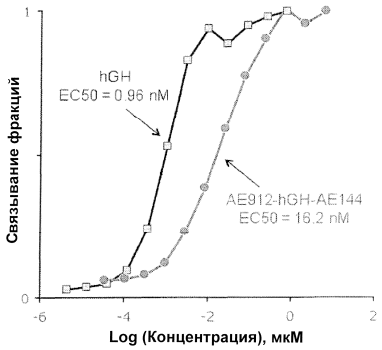
Фиг. 15



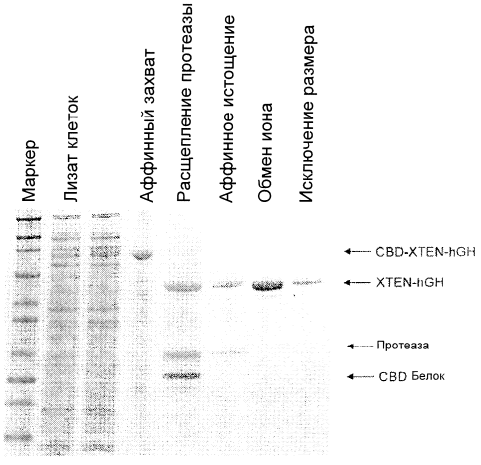
Фиг. 16



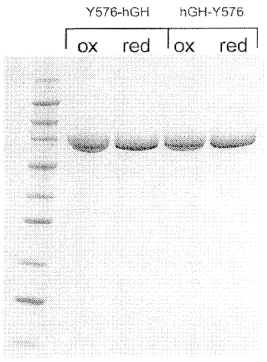
Фиг. 17



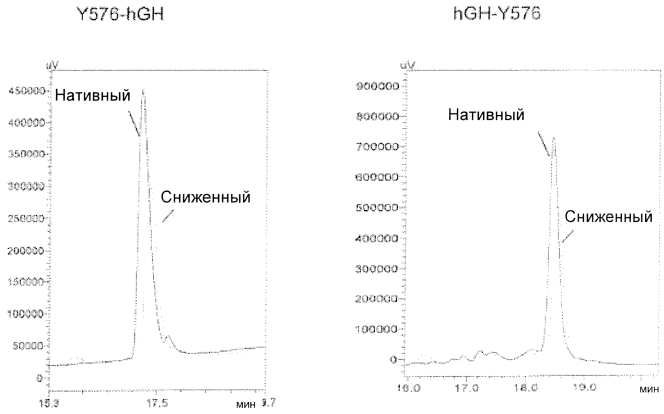
Фиг. 18



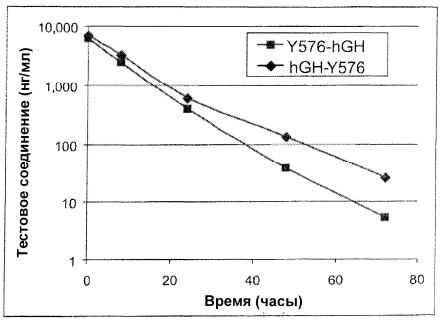
Фиг. 19



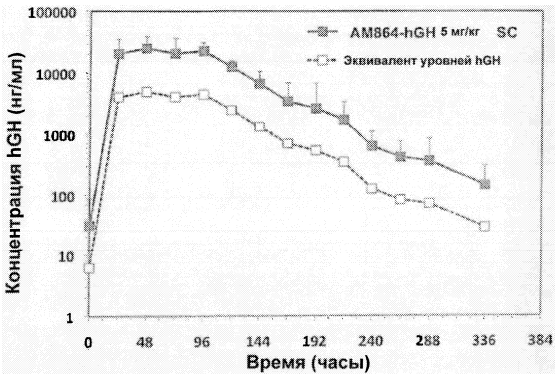
Фиг. 20



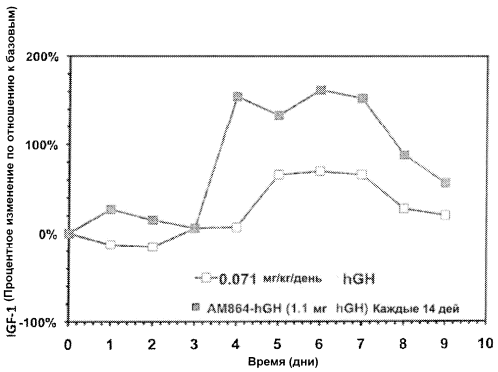
Фиг. 21



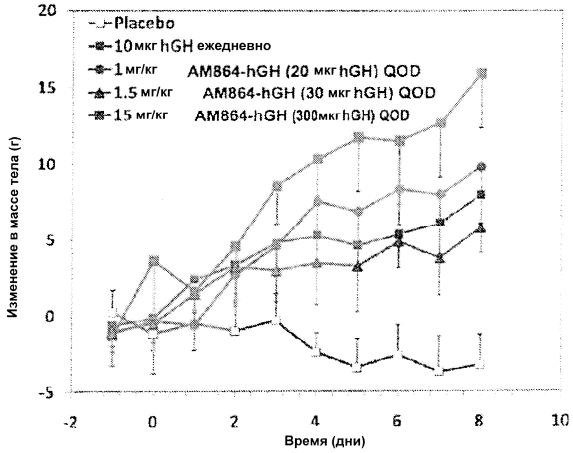
Фиг. 22



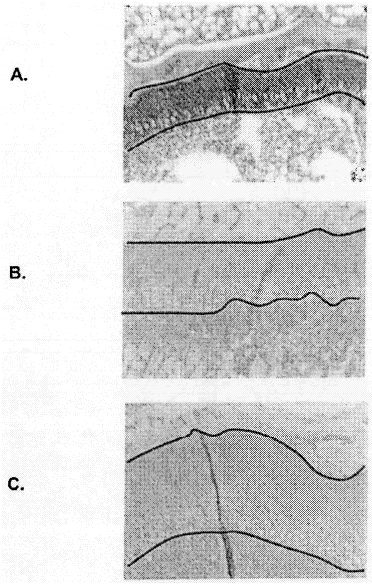
Фиг. 23



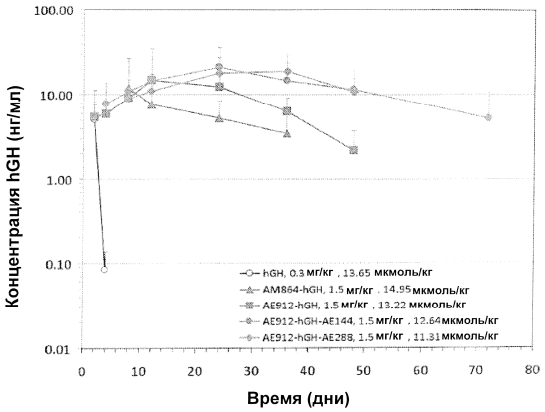
Фиг. 24



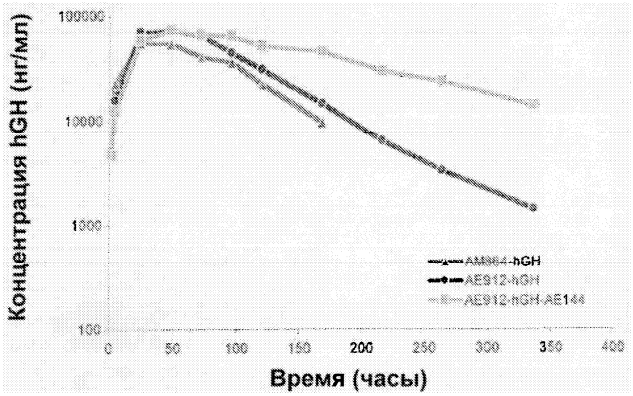
Фиг. 25



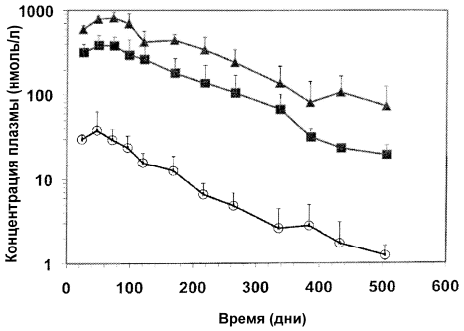
Фиг. 26



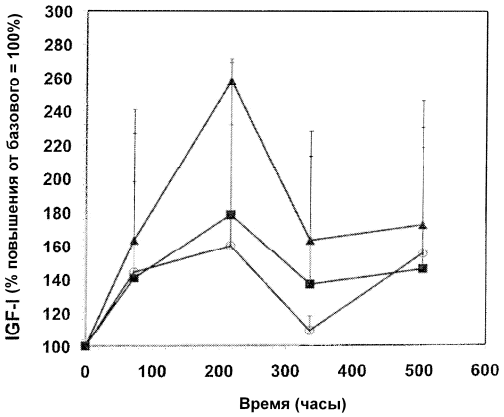
Фиг. 27



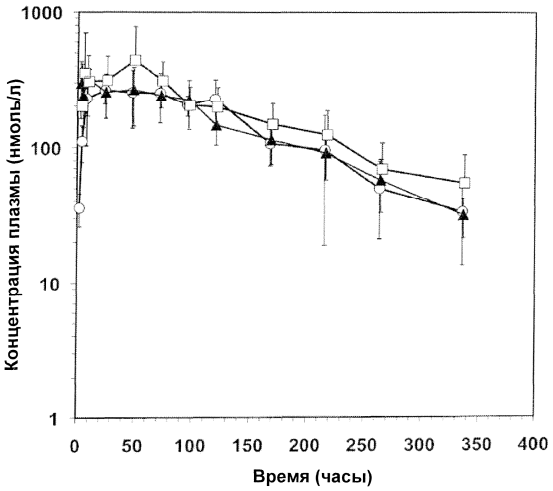
Фиг. 28



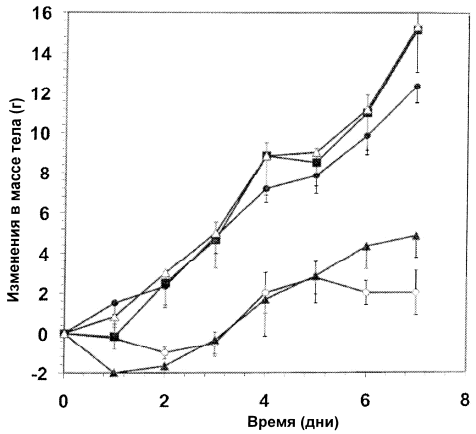
Фиг. 29



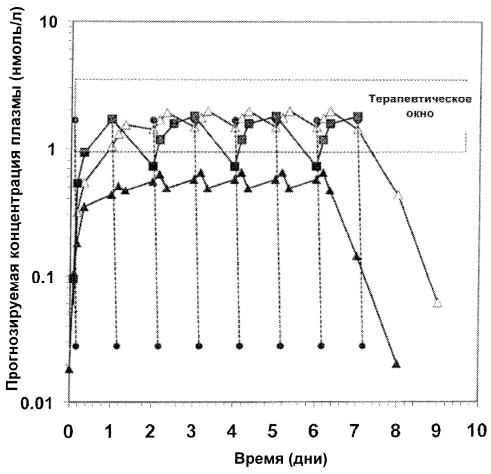
Фиг. 30



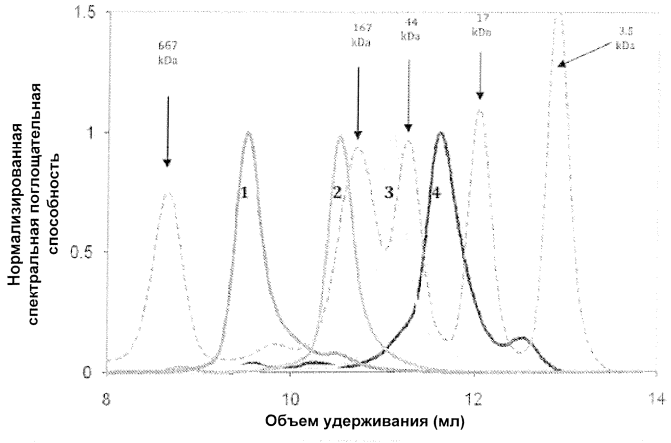
Фиг. 31



Фиг. 32

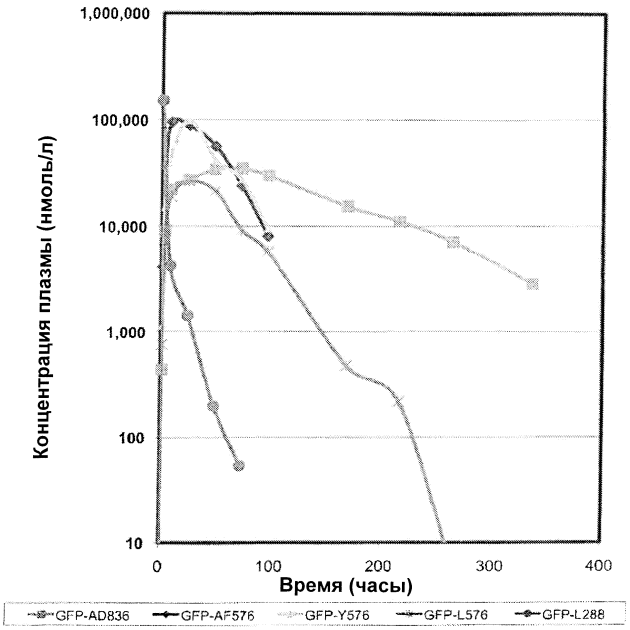


Фиг. 33

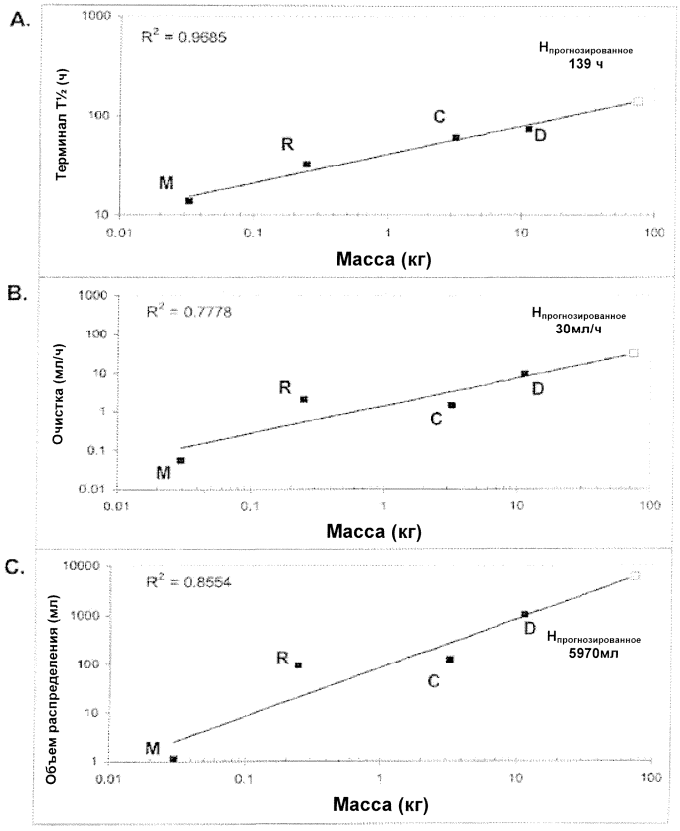


1. Глюкагон -Y288
2. Глюкагон -Y144
3. Глюкагон -Y72
4. Глюкагон -Y36
- - - - = Стандарты

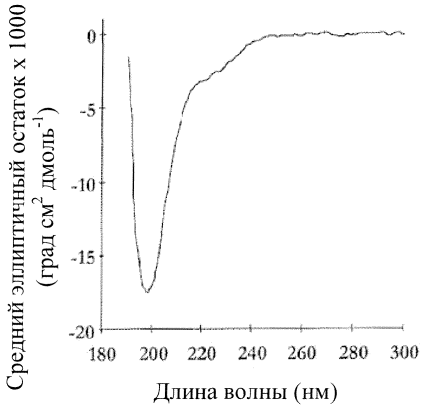
Фиг. 34



Фиг. 35


A.
R^2 = 0.9685
$H_{прогнозированное}$ 139 ч
Терминал T½ (ч)
1000
100
10
0.01
0.1
1
10
100
M
R
C
D
Масса (кг)
B.
R^2 = 0.7778
$H_{прогнозированное}$ 30мл/ч
Очистка (мл/ч)
1000
100
10
1
0.1
0.01
M
R
C
D
Масса (кг)
C.
R^2 = 0.8554
$H_{прогнозированное}$ 5970мл
Объем распределения (мл)
10000
1000
100
10
1
M
R
C
D
Масса (кг)

Фиг. 36


Средний эллиптичный остаток x 1000
(град см^2 дмоль$^{-1}$)
0
-5
-10
-15
-20
180
200
220
240
260
280
300
Длина волны (нм)

Фиг. 37