

(19) 日本国特許庁 (JP)

(12) 特 許 公 報 (B2)

(11) 特許番号

特許第4677187号
(P4677187)

(45) 発行日 平成23年4月27日 (2011. 4. 27)

(24) 登録日 平成23年2月4日 (2011. 2. 4)

(51) Int. Cl.	F I
C 1 2 N 15/09 (2006. 01)	C 1 2 N 15/00 Z N A A
C O 7 K 14/015 (2006. 01)	C O 7 K 14/015
C 1 2 N 5/10 (2006. 01)	C 1 2 N 5/00 1 O 2
C 1 2 N 7/00 (2006. 01)	C 1 2 N 7/00
A 6 1 K 48/00 (2006. 01)	A 6 1 K 48/00

請求項の数 15 (全 358 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号	特願2003-544211 (P2003-544211)	(73) 特許権者	502409813
(86) (22) 出願日	平成14年11月12日 (2002. 11. 12)		ザ・トラステイズ・オブ・ザ・ユニバー シテイ・オブ・ペンシルベニア
(65) 公表番号	特表2005-525086 (P2005-525086A)		アメリカ合衆国ペンシルベニア州 1 9 1 0
(43) 公表日	平成17年8月25日 (2005. 8. 25)		4 フイラデルフィア・スイート 2 0 0 ・チ エスナツトストリート 3 1 6 0
(86) 国際出願番号	PCT/US2002/033629		
(87) 国際公開番号	W02003/042397	(74) 代理人	110000741
(87) 国際公開日	平成15年5月22日 (2003. 5. 22)		特許業務法人小田島特許事務所
審査請求日	平成17年10月25日 (2005. 10. 25)	(72) 発明者	ガオ, グアンピン
(31) 優先権主張番号	60/350, 607		アメリカ合衆国ペンシルベニア州 1 9 0 1
(32) 優先日	平成13年11月13日 (2001. 11. 13)		0 ローズモント・ヨークシャーロード 4 0
(33) 優先権主張国	米国 (US)		8
(31) 優先権主張番号	60/341, 117		
(32) 優先日	平成13年12月17日 (2001. 12. 17)		
(33) 優先権主張国	米国 (US)		

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 新規なアデノ随伴ウイルス (AAV) 7 配列、それを含むベクターおよびそれらの使用

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項 1】

配列番号 2 のアミノ酸 1 ないし 7 3 7 のアミノ酸配列から成る A A V 7 v p 1 タンパク質、またはそれと 9 5 % 同一である機能的 A A V アミノ酸配列、を有する A A V キャプシドを含んでなるアデノ随伴ウイルス (AAV) であって、ここで該 A A V が、A A V 逆方向末端反復配列 (I T R) および宿主細胞中での発現を導く調節配列に操作可能に連結されたヘテロログスな遺伝子を有する、ミニ遺伝子を更に含んでなる、上記 A A V。

【請求項 2】

A A V キャプシドが、配列番号 2 のアミノ酸 1 から 7 3 7 のアミノ酸配列から成る A A V 7 v p 1 タンパク質、と 9 8 % 同一であるアミノ酸配列を有する、請求項 1 に記載の A A V。

【請求項 3】

I T R が A A V 7 とはヘテロログスである A A V からのものである、請求項 1 または 2 に記載の A A V。

【請求項 4】

v p 2 キャプシドタンパク質、アミノ酸 (a a) 1 3 8 から 7 3 7 ; および
v p 3 キャプシドタンパク質、a a 2 0 3 から 7 3 7
からなる群から選択される A A V 7 タンパク質を含んでなり、ここでアミノ酸番号は、A A V 7 キャプシド、配列番号 2 のそれである、単離されたキャプシドタンパク質。

【請求項 5】

10

20

AAV7、配列番号2のアミノ酸1から737のアミノ酸配列を有する新規アデノ随伴ウイルス(AAV)7キャプシドタンパク質をコードする核酸配列を含んでなる分子。

【請求項6】

アデノ随伴ウイルス7キャプシドタンパク質のフラグメントをコードする核酸配列を含んでなる分子であって、該核酸配列が、

v p 1、配列番号1の核酸(n t) 2 2 2 2から4 4 3 5；

v p 2、配列番号1のn t 2 6 3 3から4 4 3 5；

v p 3、配列番号1のn t 2 8 3 1から4 4 3 5；

からなる群から選択される、上記分子。

【請求項7】

前記分子がプラスミドである、請求項5から6のいずれかに記載の分子。

【請求項8】

前記分子が機能的AAV rep遺伝子をさらに含んでなる、請求項5から6のいずれかに記載の分子。

【請求項9】

AAV血清型キャプシドを含んでなる組換えアデノ随伴ウイルス(AAV)の生成方法であって、(a)アデノ随伴ウイルスキャプシドをコードする請求項5から8のいずれかに記載の分子；(b)機能的rep遺伝子；(c)AAV逆方向末端反復配列(ITR)およびトランスジーンを含んでなるミニ遺伝子；ならびに(d)AAVキャプシドタンパク質中へのミニ遺伝子のパッケージングを可能にするのに十分なヘルパー機能、を含有する宿主細胞を培養する工程を含んでなる、上記方法。

【請求項10】

請求項1から3のいずれかに記載のアデノ随伴ウイルスまたは請求項5から8のいずれかに記載の分子を含む宿主細胞培養物。

【請求項11】

請求項1から4のいずれかに記載のAAVおよび生理学的に適合性の担体を含んでなる組成物。

【請求項12】

請求項5から8のいずれかに記載の分子および生理学的に適合性の担体を含んでなる組成物。

【請求項13】

配列番号3のアミノ酸(aa)1から623の、アデノ随伴ウイルス(AAV)7 repタンパク質。

【請求項14】

請求項13に記載の、アデノ随伴ウイルス(AAV)7 repタンパク質をコードする核酸配列を含んでなる分子。

【請求項15】

請求項14に記載の分子を含む宿主細胞培養物。

【発明の詳細な説明】

【背景技術】

【0001】

パルボウイルス科のファミリーの1メンバー、アデノ随伴ウイルス(AAV)は4.7キロ塩基(kb)ないし6kbの一本鎖直鎖状DNAゲノムをもつ小型のエンベロープを持たない二十面体ウイルスである。AAVは、精製されたアデノウイルスのストック中の汚染物質として該ウイルスが発見されたためデPENDウイルス属に割り当てられている。AAVの生活環はAAVゲノムが感染後に宿主染色体中に部位特異的に組込まれる潜伏期、ならびに組込まれたゲノムがアデノウイルスもしくは単純疱疹ウイルスのいずれかの感染後にその後レスキュー、複製され、そして感染性ウイルス中にパッケージングされる感染期を包含する。非病原性の特性、非分裂細胞を包含する広範な感染の宿主範囲および潜在的な部位特異的染色体組込みは、AAVを遺伝子移入のための魅力的なツールにする。

10

20

30

40

50

【0002】

最近の研究はAAVベクターが遺伝子治療に好ましいベヒクルであるかもしれないことを示唆している。今日まで、ヒトもしくは非ヒト霊長類（NHP）から単離されかつ十分に特徴づけられた6種の異なる血清型のAAVが存在する。それらのなかで、ヒト血清型2は遺伝子移入ベクターとして開発された最初のAAVであり；それは多様な標的組織および動物モデルにおける効率的な遺伝子移入実験に広範に使用されている。いくつかのヒト疾患のモデルへのAAV2に基づくベクターの実験的応用の臨床試験が進行中であり、そして嚢胞性線維症および血友病Bのような疾患を包含する。

【0003】

望ましいものは遺伝子送達のためのAAVに基づく構築物である。

10

【発明の開示】

【0004】

[発明の要約]

一局面において、本発明は、ヘルパーウイルスの共感染の非存在下でのAAVの潜伏性および組込みの性質に基づく生物情報学分析、PCRに基づく遺伝子増幅、およびクローニング技術を使用する多様なヒトおよび非ヒト霊長類（NHP）組織の細胞DNAからのAAV配列の新規検出および同定方法を提供する。

【0005】

別の局面において、本発明は、本発明の上述された方法を使用して検出される新規AAV配列の単離方法を提供する。本発明はさらに、キャプシド遺伝子配列およびrep/cap遺伝子連結部の利用可能性にのみ基づく血清学および遺伝子移入研究のためのこれら新規AAV血清型に基づくベクターの生成方法を含んでなる。

20

【0006】

なお別の局面において、本発明は包括的な組のプライマー／プローブおよび定量的リアルタイムPCRを包含する本発明の試薬を使用する血清学、疫学、生物分布および伝播様式の研究の新規実施方法を提供する。

【0007】

なお別の局面において、本発明はRACEおよび他の分子技術を使用する多様な起源の細胞DNAからの新規AAV血清型の完全なかつ感染性のゲノムの単離方法を提供する。

【0008】

さらなる一局面において、本発明は多様な起源のアデノウイルスヘルパーを使用するヒトおよびNHP細胞系からのAAVゲノムの新規血清型のレスキュー方法を提供する。

30

【0009】

なおさらなる一局面において、本発明は新規AAV血清型、それらを含むベクターおよびそれらの使用方法を提供する。

【0010】

これらおよび本発明の他の局面は本発明の以下の詳細な記述から容易に明らかであろう。

[発明の詳細な説明]

本発明において、発明者は、核に侵入しならびにヘルパーウイルスの共感染の非存在下で細胞DNA中に組込み、そして潜在性感染を確立するアデノ随伴ウイルス（AAV）の能力を利用する方法を見出した。本方法はヒトおよび非ヒト霊長類起源の組織ならびに他の供給源からのDNAからのAAVの配列の検出、同定および／もしくは単離のためのポリメラーゼ連鎖反応（PCR）に基づく戦略を利用する。有利には、本方法は下述されるとおり他の組込まれたウイルスおよび非ウイルス配列の検出、同定および／もしくは単離にもまた適する。

40

【0011】

本発明はさらに本発明の方法により同定される核酸配列を提供する。1つのこうしたアデノ随伴ウイルスは新規血清型のものであり、本明細書で血清型7（AAV7）と命名される。本明細書で提供される他の新規アデノ随伴ウイルスの血清型はAAV10、AAV

50

11およびAAV12を包含する。本発明の方法により同定されるなお他の新規AAV血清型が本明細中で提供される。図および配列表（引用することにより組込まれる）を参照されたい。

【0012】

これらのAAV配列のフラグメントもまた提供される。とりわけ望ましいAAVフラグメントのなかに、vp1、vp2、vp3を包含するcapタンパク質、超可変領域、rep78、rep68、rep52およびrep40を包含するrepタンパク質、ならびにこれらのタンパク質をコードする配列がある。これらのフラグメントのそれぞれは多様なベクター系および宿主細胞中で容易に利用されるかもしれない。こうしたフラグメントは単独で、他のAAV配列もしくはフラグメントとともに、または他のAAVもしくは非AAVウイルス配列からの要素とともに使用してよい。とりわけ望ましい一態様において、ベクターは本発明のAAV capおよび／もしくはrep配列を含有する。

【0013】

本明細書に記述されるところのアライメントは、インターネットのウェブサーバーによりアクセス可能な「Clustal W」のような、多様な公的もしくは商業的に利用可能なマルチプルアライメントプログラム（Multiple Sequence Alignment Program）のいずれかを使用して実施する。あるいはVector NTIユーティリティもまた使用される。上述されたプログラム中に含有されるものを包含するヌクレオチド配列の同一性を測定するのに使用可能である当該技術分野で既知の多数のアルゴリズムもまた存在する。別の例として、ポリヌクレオチド配列はGCGバージョン6.1中のプログラムFastaを使用して比較可能である。Fastaはクエリ配列と検索配列との間の最良の重複の領域のアライメントおよび配列の同一性パーセントを提供する。例えば、核酸配列間の配列の同一性パーセントは、GCGバージョン6.1（引用することにより本明細書に組込まれる）中で提供されるところのそのデフォルトのパラメータワードサイズ6およびスコアリングマトリックスのNOPAM因子）を用いるFastaを使用して決定できる。類似のプログラム、例えば「Clustal X」プログラムがアミノ酸配列に利用可能である。一般にこれらのプログラムのいずれもデフォルトの設定で使用するが、とは言え当業者はこれらの設定を必要とされたとおり変更可能である。あるいは、当業者は、言及されるアルゴリズムおよびプログラムにより提供されるもののような同一性もしくはアライメントのレベルを少なくとも提供する別のアルゴリズムもしくはコンピュータプログラムを利用可能である。

【0014】

核酸もしくはそのフラグメントを指す場合の「実質的相同性」もしくは「実質的類似性」という用語は、適切なヌクレオチド挿入もしくは欠失を伴いもう1つの核酸（もしくはその相補鎖）と至適にアライメントされる場合に、アライメントされた配列の最低約95ないし99%のヌクレオチド配列の同一性が存在することを示す。好ましくは、相同性は完全長の配列もしくはその1つの読み取り枠、または長さが最低15ヌクレオチドである別の適するフラグメントにわたる。適するフラグメントの例は本明細書に記述する。

【0015】

アミノ酸もしくはそのフラグメントを指す場合の「実質的相同性」もしくは「実質的類似性」という用語は、適切なアミノ酸挿入もしくは欠失を伴いもう1つのアミノ酸と至適にアライメントされる場合に、アライメントされた配列の最低約95ないし99%のアミノ酸配列の同一性が存在することを示す。好ましくは、相同性は完全長の配列もしくはその1つタンパク質、例えばcapタンパク質、repタンパク質、または長さが最低8アミノ酸、あるいはより望ましくは最低15アミノ酸であるそのフラグメントにわたる。適するフラグメントの例は本明細書に記述する。

【0016】

「高度に保存される」という用語により、最低80%の同一性、好ましくは最低90%の同一性、およびより好ましくは97%を越える同一性を意味する。同一性は、当業者に

より既知のアルゴリズムおよびコンピュータプログラムに頼ることにより当業者により容易に決定される。

【0017】

核酸配列の状況における「配列の同一性パーセント」もしくは「同一の」という用語は、最大の対応についてアライメントされる場合に同一である2種の配列中の残基を指す。配列の同一性の比較の長さはゲノムの完全長、遺伝子コーディング配列の完全長にわたるかもしれないか、または、最低約500ないし5000ヌクレオチドのフラグメントが望ましい。しかしながら、例えば最低約9ヌクレオチド、通常最低約20ないし24ヌクレオチド、最低約28ないし32ヌクレオチド、最低約36もしくはそれ以上のヌクレオチドのより小さいフラグメントのあいだでの同一性もまた望ましいかもしれない。同様に、「配列の同一性パーセント」は、アミノ酸配列についてタンパク質の完全長もしくはそのフラグメントにわたって容易に決定されるかもしれない。適しては、フラグメントは長さ最低約8アミノ酸でありかつ約700アミノ酸までであってよい。適するフラグメントの例は本明細書に記述する。

10

【0018】

AAV配列およびそのフラグメントはrAAVの製造に有用であり、そしてまたアンチセンス送達ベクター、遺伝子治療ベクターもしくはワクチンベクターとしても有用である。本発明はさらに、本発明のAAV配列を含有する核酸分子、遺伝子送達ベクターおよび宿主細胞を提供する。

【0019】

20

本明細書に記述されるところの、本発明のAAVキャプシドタンパク質を含有する本発明のベクターは、中和抗体が他のAAV血清型に基づくベクターならびに他のウイルスベクターの有効性を減少させる応用における使用にとりわけ良好に適する。本発明のrAAVベクターはrAAV再投与および反復遺伝子治療でとりわけ有利である。

【0020】

本発明のこれらおよび他の態様および利点を下により詳細に記述する。本明細および請求の範囲を通じて使用されるところの「含んでなること」および「包含すること」という用語、ならびにそれらの変形は、他の成分、要素、整数、段階などを包含する。逆に、「なること」という用語およびその変形は、他の成分、要素、整数、段階などを除外する。

I. 本発明の方法

30

A. 分子クローニングを介する配列の検出

一局面において、本発明はサンプル中の標的核酸配列の検出および／もしくは同定方法を提供する。本方法は細胞の染色体中に組込まれるウイルス配列、例えばとりわけアデノ随伴ウイルス(AAV)およびレトロウイルスの検出にとりわけ良好に適する。本明細は本明細書で例示されるAAVへの言及をなす。しかしながら、本情報に基づき、当業者はとりわけレトロウイルス[例えばネコ白血病ウイルス(FeLV)、HTLV IおよびHTLV II]ならびにレンチウイルス亜科(Lentivirinae)[例えばヒト免疫不全ウイルス(HIV)、サル免疫不全ウイルス(SIV)、ネコ免疫不全ウイルス(FIV)、ウマ伝染性貧血ウイルスおよびスプマウイルス亜科の(spumavirinae)]で本発明の方法を容易に実施するかもしれない。さらに、本発明の方法は、宿主細胞のゲノム中に組込まれようと組込まれなかつと、他のウイルスおよび非ウイルス配列の検出にもまた使用されてよい。

40

【0021】

本明細書で使用されるところのサンプルは、核酸を含有するいずれかの供給源、例えば組織、組織培養物、細胞、細胞培養物、ならびに、制限なしに、尿および血液を包含する生物学的液体である。これらの核酸配列は、細菌、酵母、ウイルスおよび植物もしくは動物のような高等生物体を包含するいずれかの供給源からのプラスミド、天然のDNAもしくはRNAからのDNAもしくはRNAであってよい。DNAもしくはRNAはSambrook、Molecular Cloning: A Laboratory Manual (ニューヨーク:コールドスプリングハーバーラボラトリー(Cold Sp

50

ring Harbor Laboratory)) により記述されるもののような当業者に既知の多様な技術によりサンプルから抽出する。サンプルの起源および本発明の方法の応用のために核酸を得る方法は本発明の制限でない。場合によっては、本発明の方法はDNAの供給源もしくは供給源から得られた（例えば抽出された）核酸で直接実施可能である。

【0022】

本発明の方法は、DNAを含有するサンプルを、二本鎖核酸配列の第一の領域に特異的な第一の組のプライマーを使用するポリメラーゼ連鎖反応（PCR）を介する増幅にかけてそれにより増幅された配列を得ることを必要とする。

【0023】

本明細書で使用されるところの「領域」のそれぞれは、最低2種の血清型（例えばAAV）もしくは系統（例えばレンチウイルス）の核酸配列のアライメントに基づき予め決定され、また、前記領域のそれぞれは、高度に保存されている5'端、好ましくはしかし必ず可変性である中央、および高度に保存されている3'端を有する配列から構成され、これらのそれぞれは少なくとも2種のアライメントされたAAV血清型の配列に関して保存されるかもしくは可変性である。好ましくは、5'および／もしくは3'端は最低約9、およびより好ましくは最低18塩基対（bp）にわたって高度に保存されている。しかしながら、5'もしくは3'端の配列の一方もしくは双方が18bp以上、25bp以上、30bp以上もしくは5'端で50bp以上にわたって保存されてよい。可変領域に関しては保存された配列に対する要件は存在せず、これらの配列は比較的保存されていてよいか、またはアライメントされた血清型もしくは系統のあいだで90、80もしくは70%未満の同一性を有してよい。

【0024】

領域のそれぞれは長さ約100bpないし約10キロ塩基対にわたってよい。しかしながら、領域の一方が「シグネチャ領域」すなわち増幅された配列を標的供給源からであると正に同定するのに十分に独特である領域であることがとりわけ望ましい。例えば、一態様において、第一の領域は長さが約250bpであり、かつ、既知のAAV配列のあいだで十分に独特であり、それは該増幅された領域をAAV起源のものであると正に同定する。さらに、増幅された配列がそれから発する血清型を同定するのに使用可能であるこの領域内の可変配列は十分に独特である。一旦増幅（かつそれにより検出）されれば、該配列は慣習的制限消化を実施すること、ならびにAAV1、AAV2、AAV3、AAV4、AAV5もしくはAAV6のいずれか中の本領域の制限消化パターンまたはAAV7、AAV10、AAV11、AAV12もしくは本発明により予め決定されかつ提供される本発明により同定される他の新規血清型のいずれかのものとの比較により同定可能である。

【0025】

本明細書で提供される手引きを与えられれば、当業者は他の組込まれたウイルスのなかでこうした領域を容易に同定してこれらの配列の用意のできた検出および同定を可能にし得る。その後、高度に保存された端内に配置された至適の組の包括的プライマーを設計しかつサンプルからの該選択された領域の効率的増幅について試験し得る。本発明の本局面は、標的配列（例えばAAV）の存在の検出のため、および本明細書に記述されるかしくは本明細書に記述される技術を使用して単離されるAAV血清型の制限パターンを包含する標準を使用するAAV血清型の同定のための診断キットに容易に適合される。例えば、PCR産物の迅速同定もしくは分子血清型分類はPCR産物を消化することおよび制限パターンを比較することにより達成し得る。

【0026】

従って、一態様において、AAVの「シグネチャ領域」は、AAV1 [配列番号6] の約bp2800ないし約3200、ならびにAAV2、AAV3、AAV4、AAV5およびAAV6中の対応する塩基対にわたる。より望ましくは、該領域はAAV1 [配列番号6] のbp2886ないし約3143bpならびにAAV2 [配列番号7]、AAV3 [配列番号8] および他のAAV血清型中の対応する塩基対内に位置する約250bpで

ある。図1を参照されたい。サンプル中のAAVの迅速検出を可能にするために、本シグネチャ領域を特異的に増幅するプライマーを利用する。しかしながら、本発明は該AAVシグネチャ領域について本明細書で同定される正確な配列に制限されない。当業者は本シグネチャ領域のより短いフラグメントもしくはより大きなフラグメントを包含するように本領域を容易に変更してよいのである。

【0027】

PCRプライマーは当業者に既知の技術を使用して生成する。PCRプライマーの組のそれぞれは5'プライマーおよび3'プライマーより構成される。例えば本明細書に引用されるSambrookらを参照されたい。「プライマー」という用語はある核酸鎖に相補的であるプライマー伸長産物の合成が誘導される条件下に置かれる場合に合成の開始の点として作用するオリゴヌクレオチドを指す。プライマーは好ましくは一本鎖である。しかしながら、二本鎖プライマーを利用する場合は伸長生成物を製造するために使用する前にその鎖を分離するようにそれを処理する。プライマーは約15ないし25ヌクレオチドもしくはそれ以上、および好ましくは最低18ヌクレオチドであってよい。しかしながらある種の応用にはより短いヌクレオチド、例えば7ないし15ヌクレオチドを利用する。

【0028】

プライマーはそれらのそれぞれの鎖とハイブリダイズするために、増幅されるべき各特定の配列の異なる鎖に対し十分に相補的であるよう選択する。従って、プライマー配列は増幅されている領域の正確な配列を反映する必要はない。例えば、非相補的ヌクレオチドフラグメントをプライマーの5'端に結合してよく、該プライマー配列の残部は該鎖に対し完全に相補的である。あるいは、非相補的塩基もしくはより長い配列をプライマー中に点在させ得るが、但し該プライマー配列はそれとハイブリダイズしかつ他のプライマーの伸長生成物の合成のための鋳型を形成するために、増幅されるべき鎖の配列と十分な相補性を有する。

【0029】

本発明のシグネチャ領域のPCRプライマーは2種もしくはそれ以上のアライメントされた配列（例えば2種もしくはそれ以上のAAV血清型）の高度に保存される配列に基づく。プライマーは、5'端もしくは中央で、2種もしくはそれ以上のアライメントされたAAV血清型の間で正確未満の同一性を適応させ得る。しかしながら、プライマーの3'端の配列は、プライマーの3'端で最低5、好ましくは最低9塩基対、およびより好ましくは最低18塩基対にわたり正確な同一性が存在する2種もしくはそれ以上のアライメントされたAAV血清型の一領域に対応する。従って、プライマーの3'端は最低5ヌクレオチドにわってアライメントされた配列に対する100%同一性をもつ配列から構成される。しかしながら、プライマーの3'端で1、2もしくはそれ以上の縮重ヌクレオチドの場合によっては利用し得る。

【0030】

例えば、AAVのシグネチャ領域のプライマーの組は以下のとおりAAVキャプシド内の独特の領域に基づいて設計した。5'プライマーはAAV2[配列番号7]のnt2867~2891、5'-GGTAATTCTCTCGGA AATTGGCATT3'に基づいた。図1を参照されたい。3'プライマーはAAV2[配列番号7]のnt3096~3122、5'-GACTCATCAACAACAAC TGGGGA TTCTC-3'に基づき設計した。しかしながら、当業者は、AAV1、AAV3、AAV4、AAV5、AAV6の対応する領域に基づき、または本明細書に提供される情報、AAV7、AAV10、AAV11、AAV12もしくは本発明の別の新規AAVに基づきプライマーの組を容易に設計していたかもしれない。加えて、本シグネチャ領域を増幅するためのなお他のプライマーの組は当業者に既知の技術を使用して容易に設計し得る。

B. 標的配列の単離

本明細書に記述されるとおり、本発明は標的の検出を可能にするための標的配列例えばAAV血清型のシグネチャ領域を特異的に増幅する第一のプライマーの組を提供する。さらなる配列が望ましい状況において、例えば新規AAV血清型が同定される場合、シグネ

10

20

30

40

50

チャ領域領域は伸長されるかもしれない。従って、本発明は1種もしくはそれ以上の付加的なプライマーの組をさらに利用してよい。

【0031】

適しては、これらのプライマーの組は、第一のプライマーの組の5'もしくは3'いずれかのプライマーおよび該プライマーの組に独特の第二のプライマーを包含するように設計され、その結果該プライマーの組はシグネチャ領域の5'端もしくは3'端いずれかにアニーリングするシグネチャ領域に対し5'もしくは3'の領域を増幅する。例えば、第一のプライマーの組はシグネチャ領域を増幅するための5'プライマーP1および3'プライマーP2より構成される。シグネチャ領域をその3'端で伸長するために、第二のプライマーの組はプライマーP1および3'プライマーP4から構成され、シグネチャ領域およびシグネチャ領域の下流の連続する配列を増幅する。シグネチャ領域をその5'端で伸長するために、第三のプライマーの組が5'プライマーP5およびプライマーP2から構成され、その結果シグネチャ領域およびシグネチャ領域の上流の連続する配列を増幅する。これらの伸長段階を、必要とされるもしくは所望のとおり反復（もしくは同時に実施）する。その後、これらの増幅段階から生じる産物を慣習的段階を使用して融合して所望の長さの単離された配列を製造する。

【0032】

第二および第三のプライマーの組はアライメントされた配列のあいだで高度に保存される配列を有する領域を増幅するように、シグネチャ領域のプライマーの組でのとおり設計する。「第二」もしくは「第三」のプライマーの組という用語への本明細書での言及は、考察のそれぞれのみのためであり、そしてこれらのプライマーを反応混合物に添加するかもしれない増幅に使用する順序に関係しない。第二のプライマーの組により増幅される領域は増幅に際してそれがその5'端でシグネチャ領域の3'端にアニーリングするように選択する。同様に、第三のプライマーの組により増幅される領域は増幅に際してそれがその3'端でシグネチャ領域の5'端にアニーリングするように選択する。それらが増幅する領域が第二もしくは第三のプライマーの組またはその後のプライマーの組により形成される伸長生成物の5'端もしくは3'端いずれかにアニーリングするような付加的なプライマーの組が設計可能である。

【0033】

例えば、AAVが標的配列である場合はプライマーの第一の組（P1およびP2）を使用してサンプルからシグネチャ領域を増幅する。望ましい一態様において、本シグネチャ領域はAAVキャプシド内に位置する。プライマーの第二の組（P1およびP4）を使用して、AAV 3' ITRの直前であるAAV配列中のある位置までシグネチャ領域の3'端を伸長する、すなわちアンカーとしてシグネチャ領域を使用する場合にAAVキャプシドの3'端全体を含有する伸長生成物を提供する。一態様において、P4プライマーはAAV2 [配列番号7] のnt 4435ないし4462および他のAAV血清型中の対応する配列に対応する。これは約1.6 kbの領域の増幅をもたらし、これは0.25 kbのシグネチャ領域を含有する。プライマーの第三の組（P3およびP2）を使用してrep遺伝子の3'端にあるAAV配列中のある位置までシグネチャ領域の5'端を伸長する、すなわちアンカーとしてシグネチャ領域を使用する場合にAAVキャプシドの5'端全体を含有する伸長生成物を提供する。一態様において、P3プライマーはAAV2 [配列番号7] のnt 1384ないし1409および他のAAV血清型中の対応する配列に対応する。これは約1.7 kbの領域の増幅をもたらし、これは0.25 kbのシグネチャ領域を含有する。場合によっては、プライマーの第四の組を使用してAAVキャプシドの5'端全体を含有する伸長生成物をrep配列もまた包含するようにさらに伸長させる。一態様において、P5と称されるプライマーはAAV2 [配列番号7] のnt 108ないし133および他のAAV血清型中の対応する配列に対応し、かつ、P2プライマーとともに使用される。

【0034】

所望の数の伸長段階の完了後に、アンカーもしくはマーカーとしてシグネチャ領域を利

10

20

30

40

50

用して多様な伸長生成物を融合して無傷の配列を構築する。本明細書に提供される例において、最低でも無傷のAAV cap遺伝子を含有するAAV配列が得られる。実施される伸長段階の数に依存してより大きな配列が得られるかもしれない。

【0035】

適しては、伸長生成物は、当業者に既知の方法を使用して無傷のAAV配列に集成する。例えば、シグネチャ領域内に位置するDraIII部位で切断するDraIIIで伸長生成物を消化して制限フラグメントを提供してよく、これを再連結して無傷のAAV cap遺伝子を（最低でも）含有する生成物を提供する。しかしながら、伸長生成物を無傷の配列に集成するための他の適する技術を利用してよい。全般として、本明細書で引用されるSambrookらを参照されたい。

10

【0036】

上述された複数の伸長段階に対する一代替として、本発明の別の態様は完全長のcap配列の単離を可能にする3.1kbのフラグメントの直接増幅を提供する。NHP組織および血液DNAから3.1kbの完全長のcapフラグメントを直接増幅するために、2個の他の高度に保存された領域を、大きなフラグメントのPCR増幅での使用のためAAVゲノム中で同定した。rep遺伝子の中央に位置する保存された領域内のプライマー（AV1ns：5' GCTGCGTCAACTGGACCAATGAGAAC3'、配列番号6のnt）を、完全長のAAV capを包含するAAV配列の増幅のためのCap遺伝子の下流の別の保存された領域中に位置する3'プライマー（AV2cas：5' CGCAGAGACCAAGTTCAACTGAAACGA3'、配列番号7）とともに利用する。典型的には、増幅後に産物をクローン化しそして配列分析を $\geq 99.9\%$ の正確さを伴い実施する。本方法を使用して、発明者は最低50のキャプシドクローンを単離しそれらをその後特徴づけした。それらのなかで37クローンはアカゲザル組織（rh.1～rh.37）、6クローンはカニクイザル（cynomollogous macaque）（cy.1～cy.6）、2クローンはヒヒ（bb.1およびbb.2）ならびに5クローンはチンパンジー（ch.1～ch.5）由来であった。これらのクローンは、それらが同定された動物の種およびこれら新規の配列が位置を突き止められたその動物の組織と一緒に本明細の別の場所で同定する。

20

C. 新規AAVの代替単離方法

別の局面において、本発明は細胞からの新規AAVの代替の一単離方法を提供する。本方法は、AAVに対するヘルパー機能を提供するベクターに細胞を感染させること；AAVを含有する感染性クローンを単離すること；単離されたAAVを配列決定すること；および単離されたAAVの配列を既知のAAV血清型と比較すること（それにより単離されたAAVおよび既知のAAV血清型の配列中の差異が新規AAVの存在を示す）を必要とする。

30

【0037】

一態様において、ヘルパー機能を提供するベクターは例えばE1a、E1b、E2a、E4ORF6を包含する必須のアデノウイルス機能を提供する。一態様においてヘルパー機能はアデノウイルスにより提供される。アデノウイルスは野性型アデノウイルスであってよく、そしてヒトもしくは非ヒト起源、好ましくは非ヒト霊長類（NHP）起源のものであってよい。タイプAd5〔ジェンバンク（Genbank）受託番号M73260〕を包含する多数のアデノウイルス型のDNA配列がジェンバンク（Genbank）から入手可能である。アデノウイルス配列は血清型2、3、4、7、12および40のような、ならびにさらに現在同定されているヒト型〔例えば上で引用されるHorwitzを参照されたい〕のいずれかを包含するいずれかの既知のアデノウイルス血清型から得てよい。同様に、非ヒト動物（例えばチンパンジー）を感染させることが既知のアデノウイルスもまた本発明のベクター構築物で使用してもよい。例えば米国特許第6,083,716号明細書を参照されたい。野性型アデノウイルスに加え、必要なヘルパー機能を運搬する組換えウイルスもしくは非ウイルスベクター（例えばプラスミド、エピソームなど）を利用してもよい。こうした組換えウイルスは当該技術分野で既知でありかつ公表された技術

40

50

に従って製造してよい。例えばハイブリッドAd/A AVウイルスを記述する米国特許第5, 871, 982号および同第6, 251, 677号明細書を参照されたい。アデノウイルス型の選択は以下の発明を制限することを予期されない。多様なアデノウイルス株がアメリカン タイプ カルチャー コレクション (American Type Culture Collection)、バージニア州マナサスから入手可能であるか、もしくはは要求により多様な商業的および機関の供給源から入手可能である。さらに、多くのこうした株の配列は例えばパブメッド (PubMed) およびジェンバンク (Genbank) を包含する多様なデータベースから入手可能である。

【0038】

別の代替において、感染性A AVはゲノム歩行 (walking) 技術を使用して単離されるかもしれない (Siebertら、1995、Nucleic Acid Research、23:1087-1088、Friezner-Degenら、1986、J. Biol. Chem. 261:6972-6985、BD バイオサイエンス クロンテック (BD Biosciences Clontech)、カリフォルニア州パロアルト)。ゲノム歩行は本発明の方法により同定される新規配列に隣接する配列を同定かつ単離するのにとりわけ良好に適する。例えば、本技術は、本発明の方法を使用して同定される新規A AVキャプシドおよび／もしくはrep配列に基づき新規A AV血清型の逆方向末端反復配列 (ITR) を単離するのに有用であるかもしれない。本技術は本発明により同定かつ単離される他のA AVおよび非A AV配列に隣接する配列を単離するのにもまた有用である。実施例3および4を参照されたい。

【0039】

本発明の方法は、多様な疫学研究、生物分布の研究、A AVベクターおよび他の組込まれたウイルス由来のベクターを介する遺伝子治療のモニタリングに容易に使用されるかもしれない。従って、該方法は、臨床家、研究者および疫学者による使用のための予め包装されたキットでの使用に良好に適する。

II. 診断キット

別の局面において、本発明はサンプル中の既知もしくは未知のアデノ随伴ウイルス (A AV) の存在を検出するための診断キットを提供する。こうしたキットはA AV核酸配列のシグネチャ領域に特異的な5'および3' PCRプライマーの第一の組を含有してよい。あるいは、もしくは加えて、こうしたキットは本明細書で同定される完全長のA AVキャプシド核酸配列を包含する3.1 kbのフラグメントに特異的な5'および3' PCRプライマーの第一の組 (例えばAV1nsおよびAV2casプライマー) を含有し得る。場合によっては、本発明のキットは、本明細書に記述されるところの5'および3'プライマーならびに／もしくはPCRプローブの2もしくはそれ以上の付加的な組をさらに含有するかもしれない。これらのプライマーおよびプローブは、例えば定量的PCRを使用して各A AV血清型のシグネチャ領域を増幅するために本発明に従って使用される。

【0040】

本発明はさらに、本発明の方法により検出されるA AV血清型を同定しかつ／もしくは新規A AVを既知のA AVと識別するのに有用なキットを提供する。こうしたキットは1種もしくはそれ以上の制限酵素、それらの「シグネチャ制限酵素消化分析」を提供するA AV血清型の標準、および／または検出されたA AVの血清型を決定するための他の手段をさらに包含してよい。

【0041】

加えて、本発明のキットは、説明書、陰性および／もしくは陽性対照、容器、サンプルの希釈剤および緩衝剤、シグネチャ比較のための指標図、使い捨て手袋、除染の説明書、アプリケーション棒状物もしくは容器、ならびにサンプル調製器カップ、ならびに媒体、洗浄試薬および濃縮試薬を包含するいかなる所望の試薬も包含しうる。こうした試薬は本明細書に記述される試薬のなかからおよび慣習的な濃縮試薬のなかから容易に選択されうる。望ましい一態様において、洗浄試薬はリン酸緩衝生理的食塩水 (PBS) のような生理学的pHに緩衝されている等張の生理的食塩水溶液であり；溶出試薬は0.4M NaC

1 を含有する P B S ならびに濃縮試薬および装置である。例えば、当業者はポリエチレングリコール (P E G) もしくは NH_4SO_4 のような試薬、またはフィルター装置のような装置が有用であるかもしれないことを認識するであろう。例えば 1 0 0 K メンブレンを伴うフィルター装置は r A A V を濃縮するとみられる。

【 0 0 4 2 】

本発明により提供されるキットは、本明細書に記述される方法を実施するため、ならびにヒトおよび N H P における新規 A A V 血清型の生物分布、疫学、伝播様式の研究に有用である。

【 0 0 4 3 】

従って、本発明の方法およびキットは標的ウイルス配列、とりわけ組込まれたウイルス配列の検出、同定および単離を可能にする。該方法およびキットは新規 A A V 血清型を包含するかもしれない A A V 配列の検出、同定および単離での使用にとりわけ良好に適する。

【 0 0 4 4 】

1 つの注目すべき例において、本発明の方法は、多様な動物からのクローン化されたフラグメント間のプロウイルス配列の不均一性を示した発明者によるクローン化された A A V 配列の分析を助長し、その全部は既知の 6 種の A A V 血清型と異なり、変異の大多数はキャプシドタンパク質の超可変領域に位置していた。A A V 配列の驚くべき相違が一個体のアカゲザルからのリンパ節のような単一組織源から単離されたクローンで示された。この不均一性は制限された数の共感染する腸管外 (p a r e n t e r a l) ウイルス間の広範囲の相同的組換えに部分的による個々の動物内での A A V 配列の見かけの進化により最良に説明される。これらの研究はその一系列のキャプシドの超可変領域中で相互と異なる一群の疑似種の形成におそらく至る天然の A A V 感染の経過の間の広範に散在するウイルスの配列進化を示唆する。これは、R N A ウイルスに制限されると以前は考えられていた様式での D N A ウイルスの迅速な分子進化の最初の例である。

【 0 0 4 5 】

本発明の方法により同定されたいくつかの新規 A A V 血清型の配列およびこれらの血清型の特徴づけを提供する。

I I I . 新規 A A V 血清型

A . 核酸配列

本発明の方法により同定された新規 A A V 血清型の核酸配列を提供する。配列番号 1、9 ~ 5 9 および 1 1 7 ~ 1 2 0 (本明細書に引用することにより組込まれる) を参照されたい。また図 1 および配列表も参照されたい。

【 0 0 4 6 】

新規血清型 A A V 7 について、A A V 5 ' I T R、キャプシド、r e p および A A V 3 ' I T R を包含する完全長の配列を配列番号 1 に提供する。

【 0 0 4 7 】

本発明の他の新規 A A V 血清型について、本発明の方法により単離されるおよそ 3 . 1 k b のフラグメントが提供される。本フラグメントは完全長のキャプシドタンパク質をコードする配列および r e p タンパク質をコードする配列の全部もしくは一部を含有する。これらの配列は下で同定されるクローンを包含する。

【 0 0 4 8 】

なお他の新規 A A V 血清型について、キャプシドタンパク質をコードするシグネチャ領域が提供される。例えば、本発明の A A V 1 0 の核酸配列は図 1 に具体的に説明されるものを包含する [2 5 5 塩基にわたる配列番号 1 1 7 を参照されたい] 。本発明の A A V 1 1 核酸配列は図 1 に具体的に説明される D N A 配列を包含する [2 5 8 塩基にわたる配列番号 1 1 8 を参照されたい] 。本発明の A A V 1 2 の核酸配列は図 1 に具体的に説明される D N A 配列を包含する [2 5 5 塩基よりなる配列番号 1 1 9 を参照されたい] 。上述された方法論を使用して、さらなる A A V 1 0、A A V 1 1 および A A V 1 2 配列が容易に同定可能であり、そして A A V 7 および本明細書の他の新規血清型について記述されたも

のを包含する多様な目的上使用可能である。

【0049】

図1は以前に公表されたAAV血清型すなわちAAV1〔配列番号6〕、AAV2〔配列番号7〕およびAAV3〔配列番号8〕とのアライメントにおける本発明の非ヒト霊長類（NHP）AAV核酸配列を提供する。これら新規NHP配列は以下の表1中に提供されるもの（クローン番号により同定される）を包含する：

【0050】

【表1】

表1

AAV Cap 配列	クローン番号	供給源		
		種	組織	配列番号 (DNA)
Rh.1	クローン9 (AAV9)	アカゲサル	心	5
Rh.2	クローン43.1	アカゲサル	MLN	39
Rh.3	クローン43.5	アカゲサル	MLN	40
Rh.4	クローン43.12	アカゲサル	MLN	41
Rh.5	クローン43.20	アカゲサル	MLN	42
Rh.6	クローン43.21	アカゲサル	MLN	43
Rh.7	クローン43.23	アカゲサル	MLN	44

【0051】

【表 2】

表1(続き)

Rh.8	クローン 43.25	アカケサル	MLN	45
Rh.9	クローン 44.1	アカケサル	肝	46
Rh.10	クローン 44.2	アカケサル	肝	59
Rh.11	クローン 44.5	アカケサル	肝	47
Rh.12	クローン 42.1B	アカケサル	MLN	30
Rh.13	42.2	アカケサル	MLN	9
Rh.14	クローン 42.3A	アカケサル	MLN	32
Rh.15	クローン 42.3B	アカケサル	MLN	36
Rh.16	クローン 42.4	アカケサル	MLN	33
Rh.17	クローン 42.5A	アカケサル	MLN	34
Rh.18	クローン 42.5B	アカケサル	MLN	29
Rh.19	クローン 42.6B	アカケサル	MLN	38
Rh.20	クローン 42.8	アカケサル	MLN	27
Rh.21	クローン 42.10	アカケサル	MLN	35
Rh.22	クローン 42.11	アカケサル	MLN	37
Rh.23	クローン 42.12	アカケサル	MLN	58
Rh.24	クローン 42.13	アカケサル	MLN	31
Rh.25	クローン 42.15	アカケサル	MLN	28
Rh.26	クローン 223.2	アカケサル	肝	49
Rh.27	クローン 223.4	アカケサル	肝	50
Rh.28	クローン 223.5	アカケサル	肝	51
Rh.29	クローン 223.6	アカケサル	肝	52
Rh.30	クローン 223.7	アカケサル	肝	53
Rh.31	クローン 223.10	アカケサル	肝	48
Rh.32	クローン C1	アカケサル	脾, 十二指腸, 腎 および肝	19
Rh.33	クローン C3	アカケサル		20
Rh.34	クローン C5	アカケサル		21
Rh.35	クローン F1	アカケサル	肝	22
Rh.36	クローン F3	アカケサル		23
Rh.37	クローン F5	アカケサル		24
Cy.1	クローン 1.3	カニクイサル	血液	14
Cy.2	クローン 13.3B	カニクイサル	血液	15
Cy.3	クローン 24.1	カニクイサル	血液	16
Cy.4	クローン 27.3	カニクイサル	血液	17
Cy.5	クローン 7.2	カニクイサル	血液	18
Cy.6	クローン 16.3	カニクイサル	血液	10

【0052】

【表 3】

表1(続き)				
bb.1	クローン 29.3	ヒト	血液	11
bb.2	クローン 29.5	ヒト	血液	13
Ch.1	クローン A3.3	チンパンジー	血液	57
Ch.2	クローン A3.4	チンパンジー	血液	54
Ch.3	クローン A3.5	チンパンジー	血液	55
Ch.4	クローン A3.7	チンパンジー	血液	56

10

【0053】

新規 NHP クローンは、2 種のチンパンジーアデノウイルスのキャプシドフラグメントを AAV2 rep 構築物へと継ぎ合わせるにより作成した。この新たなクローン A3.1 は Ch.5 [配列番号 20] とともに命名される。加えて、本発明は H6 [配列番号 25] および H2 [配列番号 26] と命名された 2 種のヒト AAV 配列を包含する。

【0054】

本発明の AAV 核酸配列は、図 1 および配列表 [配列番号 1、9～59、117～120] に提供される配列中に提供される鎖に対し相補的である鎖、核酸配列、ならびに図 1 および配列表 [配列番号 1、9～59、117～120] に提供される配列に対応する RNA および cDNA 配列、ならびにそれらの相補鎖をさらに包含する。図 1 および配列表 [配列番号 1、9～59、117～120] の配列の天然の変異体および工作された改変、ならびにそれらの相補鎖もまた本発明の核酸配列に包含される。こうした改変は、例えば当該技術分野で既知である標識、メチル化、および天然に存在するヌクレオチドの 1 個もしくはそれ以上の縮重ヌクレオチドでの置換を包含する。

20

【0055】

図 1 および配列表 [配列番号 1、9～59、117～120] を包含する本発明の配列に対し 85% 以上、好ましくは最低約 90%、より好ましくは最低約 95% および最も好ましくは最低約 98 ないし 99% 同一もしくは相同である核酸配列が本発明にさらに包含される。これらの用語は本明細書で定義されるとおりである。

30

【0056】

本明細書に記述される方法により同定される新規 AAV 配列のフラグメントもまた本発明内に包含される。適するフラグメントは長さが最低 15 ヌクレオチドであり、そして機能的フラグメント、すなわち生物学的に興味深いフラグメントを包含する。一態様において、これらのフラグメントは図 1 および配列表 [配列番号 1、9～59、117～120] の新規配列のフラグメント、それらの相補鎖、それらに相補的な cDNA および RNA である。

【0057】

適するフラグメントの例を AAV1、AAV2 もしくは AAV7 上のこれらのフラグメントの位置に関して提供する。しかしながら、本明細書で提供されるアライメント（デフォルトの設定で Clustal W プログラムを使用して得られる）もしくは本発明の他の新規血清型とのアライメントを生成させるための類似の技術を使用して、当業者は所望のフラグメントの正確なヌクレオチドの開始および終止コドンを経易に同定可能である。

40

【0058】

適するフラグメントの例は、選択的スプライス変異体である AAV キャプシドの 3 種の可変性タンパク質 (vp)、すなわち vp1 [例えば AAV7、配列番号 1 の nt 825 ないし 3049] ; vp2 [例えば AAV7、配列番号 1 の nt 1234～3049] ; および vp3 [例えば AAV7、配列番号 1 の nt 1434～3049] をコードする配

50

10

20

30

40

50

を使用して生成される人工的 A A V 血清型を包含する。

【0061】

本明細書で使用されるところの人工的 A A V 血清型は、制限なしに、天然に存在しないキャプシドタンパク質をもつ A A V を包含する。こうした人工的キャプシドは、別の A A V 血清型（既知もしくは新規）、同一の A A V 血清型の非連続的部分、非 A A V ウイルス供給源または非ウイルス供給源から得られるかもしれない異種配列とともに本発明の新規 A A V 配列（例えば v p 1 キャプシドタンパク質のフラグメント）を使用していずれかの適する技術により生成されるかもしれない。人工的 A A V 血清型は、制限なしに、キメラ A A V キャプシド、組換え A A V キャプシドもしくは「ヒト化」 A A V キャプシドであってよい。

10

B. A A V アミノ酸配列、タンパク質およびペプチド

本発明は、例えば A A V 7 [A A V 7、配列番号 1 の n t 8 2 5 ないし 3 0 4 9] 本明細書に提供される他の新規血清型を包含する本明細書で同定される新規 A A V 血清型の核酸配列によりコードされるタンパク質およびそれらのフラグメントを提供する。従って：H 6 [配列番号 2 5]、H 2 [配列番号 2 6]、4 2-2 [配列番号 9]、4 2-8 [配列番号 2 7]、4 2-1 5 [配列番号 2 8]、4 2-5 b [配列番号 2 9]、4 2-1 b [配列番号 3 0]；4 2-1 3 [配列番号 3 1]、4 2-3 a [配列番号 3 2]、4 2-4 [配列番号 3 3]、4 2-5 a [配列番号 3 4]、4 2-1 0 [配列番号 3 5]、4 2-3 b [配列番号 3 6]、4 2-1 1 [配列番号 3 7]、4 2-6 b [配列番号 3 8]、4 3-1 [配列番号 3 9]、4 3-5 [配列番号 4 0]、4 3-1 2 [配列番号 4 1]、4 3-2 0 [配列番号 4 2]、4 3-2 1 [配列番号 4 3]、4 3-2 3 [配列番号 4 4]、4 3-2 5 [配列番号 4 5]、4 4. 1 [配列番号 4 7]、4 4. 5 [配列番号 4 7]、2 2 3. 1 0 [配列番号 4 8]、2 2 3. 2 [配列番号 4 9]、2 2 3. 4 [配列番号 5 0]、2 2 3. 5 [配列番号 5 1]、2 2 3. 6 [配列番号 5 2]、2 2 3. 7 [配列番号 5 3]、A 3. 4 [配列番号 5 4]、A 3. 5 [配列番号 5 5]、A 3. 7 [配列番号 5 6]、A 3. 3 [配列番号 5 7]、4 2. 1 2 [配列番号 5 8] および 4 4. 2 [配列番号 5 9] を包含する本発明の新規血清型のキャプシドタンパク質は、上に列挙されたクローンに提供される読み取り枠から慣習的技術を使用して容易に生成し得る。

20

【0062】

本発明はさらに、本発明の新規 A A V 血清型の配列を使用して生成される A A V 血清型を包含し、それらは当業者に既知の合成、組換えもしくは他の技術を使用して生成される。本発明は、本発明の新規 A A V 核酸配列から発現される新規 A A V アミノ酸配列、ペプチドおよびタンパク質に制限されず、そして例えば化学合成、他の合成技術もしくは他の方法によりを包含する当該技術分野で既知の他の方法により生成されるアミノ酸配列、ペプチドおよびタンパク質を包含する。例えば、C 1 [配列番号 6 0]、C 2 [配列番号 6 1]、C 5 [配列番号 6 2]、A 3-3 [配列番号 6 6]、A 3-7 [配列番号 6 7]、A 3-4 [配列番号 6 8]、A 3-5 [配列番号 6 9]、3. 3 b [配列番号 6 2]、2 2 3. 4 [配列番号 7 3]、2 2 3-5 [配列番号 7 4]、2 2 3-1 0 [配列番号 7 5]、2 2 3-2 [配列番号 7 6]、2 2 3-7 [配列番号 7 7]、2 2 3-6 [配列番号 7 8]、4 4-1 [配列番号 7 9]、4 4-5 [配列番号 8 0]、4 4-2 [配列番号 8 1]、4 2-1 5 [配列番号 8 4]、4 2-8 [配列番号 8 5]、4 2-1 3 [配列番号 8 6]、4 2-3 A [配列番号 8 7]、4 2-4 [配列番号 8 8]、4 2-5 A [配列番号 8 9]、4 2-1 B [配列番号 9 0]、4 2-5 B [配列番号 9 1]、4 3-1 [配列番号 9 2]、4 3-1 2 [配列番号 9 3]、4 3-5 [配列番号 9 4]、4 3-2 1 [配列番号 9 6]、4 3-2 5 [配列番号 9 7]、4 3-2 0 [配列番号 9 9]、2 4. 1 [配列番号 1 0 1]、4 2. 2 [配列番号 1 0 2]、7. 2 [配列番号 1 0 3]、2 7. 3 [配列番号 1 0 4]、1 6. 3 [配列番号 1 0 5]、4 2. 1 0 [配列番号 1 0 6]、4 3-3 B [配列番号 1 0 7]、4 2-1 1 [配列番号 1 0 8]、F 1 [配列番号 1 0 9]、F 5 [配列番号 1 1 0]、F 3 [配列番号 1 1 1]、4 2-6 B [配列番号 1 1 2] および／もしくは 4 2-1 2 [配列番号 1 1 3] のいずれの配列も多様な技術を使用して容

30

40

50

易に生成されるにより。

【0063】

適する製造技術は当業者に公知である。例えばSambrookら、Molecular Cloning: A Laboratory Manual、コールド スプリングハーバー プレス (Cold Spring Harbor Press) (ニューヨーク州コールドスプリングハーバー) を参照されたい。あるいは、ペプチドは公知の固相ペプチド合成方法 (Merrifield, J. Am. Chem. Soc., 85: 2149 (1962); StewartとYoung, Solid Phase Peptide Synthesis (フリーマン (Freeman)、サンフランシスコ、1969) pp. 27-62) によってもまた合成可能である。これらおよび他の適する製造方法は当業者の知識内にありかつ本発明の制限でない。

10

【0064】

とりわけ望ましいタンパク質はAAVキャプシドタンパク質を包含し、これらは上で同定されたヌクレオチド配列によりコードされる。本発明のキャプシドタンパク質の多くの配列は図2のアライメントにおよび／もしくは配列表、配列番号2および60ないし115 (引用することにより本明細書に組込まれる) に提供される。AAVキャプシドは選択的スプライス変異体である3種のタンパク質vp1、vp2およびvp3から構成される。これらの図中で提供される完全長の配列はvp1のものである。AAV7キャプシド [配列番号2] の番号づけに基づき、vp2の配列はAAV7のアミノ酸138～737にわたり、かつ、vp3の配列はAAV7のアミノ酸203～737にわたる。この情報を用い、当業者は本発明の他の新規血清型のvp2およびvp3タンパク質の位置を容易に決定し得る。

20

【0065】

キャプシドタンパク質の他の望ましいタンパク質およびフラグメントは超可変領域 (HVR) 間に位置する定常および可変領域ならびにHPV領域それら自身の配列を包含する。AAV2中の配列の相違の領域を決定するために開発されたアルゴリズムは12の超可変領域 (HVR) を生じ、そのうち5種は4種の以前に記述された可変領域と重複するかもしれない。[Chiorinら、J. Virol., 73: 1309-19 (1999); Rutledgeら、J. Virol., 72: 309-319] このアルゴリズムおよび／もしくは本明細書に記述されるアライメント技術を使用して新規AAV血清型のHVRを決定する。例えばAAV2 vp1 [配列番号70] の番号に関して、HVRは以下のとおり位置を突き止められている: HVR1、aa146～152; HVR2、aa182～186; HVR3、aa262～264; HVR4、aa381～383; HVR5、aa450～474; HVR6、aa490～495; HVR7、aa500～504; HVR8、aa514～522; HVR9、aa534～555; HVR10、aa581～594; HVR11、aa658～667; およびHVR12、aa705～719。慣習的方法に従って準備されるアライメントおよび本明細書に提供される新規配列 [例えば図2を参照されたい] を利用して本発明の新規AAV血清型中のHVRの位置を容易に決定し得る。例えば、図2を利用してAAV7 [配列番号2] についてのものを容易に決定可能である。HVR1はaa146～152に位置し; HVR2はaa182～187に位置し; HVR3はaa263～266に位置し、HVR4はaa383～385に位置し、HVR5はaa451～475に位置し; HVR6はAAV7のaa491～496に位置し; HVR7はaa501～505に位置し; HVR8はaa513～521に位置し; HVR9は533～556に位置し; HVR10はaa583～596に位置し; HVR11はaa660～669に位置し; HVR12はaa707～721に位置する。本明細書に提供される情報を使用して本発明の他の新規血清型のHVRを容易に決定し得る。

30

40

【0066】

加えて、キャプシド内で同一のアミノ酸カセットが同定された。これらのカセットは、それらが例えば別の血清型のHVR1カセットで選択された血清型のHVR1カセットを

50

置き換えることにより人工的血清型の構築で有用であるためとりわけ興味深い。同一のこれらのカセットのあるものを図2に示す。Clustal Xのアライメントを提供する図2を参照されたい。これは第一の残基位置について1で開始するルーラーが配列の下に表示されているを有する。ルーラーの上の線は強く保存される位置に印を付けるのに使用されている。3種の記号(*、:、.)が使用されている。「*」は単一の完全に保存された残基を有する位置を示す。「:」は「強い」群が完全に保存されることを示す。「.」は「より弱い」群が完全に保存されることを示す。これらは全部Gonnet Pam250マトリックス中に存在する正に得点する群である。強い群は強い得点 >0.5 と定義され、また、弱い群は弱い得点 <0.5 と定義される。

【0067】

加えて、AAVキャプシドの他の適するフラグメントの例は、AAV2 [配列番号70]の番号づけに関して、aa24~42、aa25~28；aa81~85；aa133~165；aa134~165；aa137~143；aa154~156；aa194~208；aa261~274；aa262~274；aa171~173；aa413~417；aa449~478；aa494~525；aa534~571；aa581~601；aa660~671；aa709~723を包含する。なお他の望ましいフラグメントは、例えばAAV7中で配列番号22のアミノ酸1ないし184、アミノ酸199ないし259；アミノ酸274ないし446；アミノ酸603ないし659；アミノ酸670ないし706；アミノ酸724ないし736；aa185ないし198；aa260ないし273；aa447ないし477；aa495ないし602；aa660ないし669；およびaa707ないし723を包含する。AAV7 [配列番号2]の番号づけに基づくなお他の望ましい領域は、aa185ないし198；aa260ないし273；aa447ないし477；aa495ないし602；aa660ないし669；およびaa707ないし723よりなる群のなかから選択される。Clustal Xプログラムをデフォルトの設定で使用して実施される本明細書に提供されるアライメントを使用して、または他の商業的にもしくは公的に利用可能なアライメントプログラムをデフォルトの設定で使用して、当業者は本発明の新規AAVキャプシドの対応するフラグメントを容易に決定し得る。

【0068】

他の望ましいタンパク質はAAV repタンパク質 [AAV7について配列番号3のaa1ないし623]、ならびにとりわけ例えば配列番号3のaa1ないし171、aa172ないし372、aa373ないし444、aa445ないし623を包含するこれらの機能的フラグメントである。適してはこうしたフラグメントは長さが最低8アミノ酸である。図3を参照されたい。匹敵する領域は、本明細書に記述される技術および当該技術分野で既知であるものを使用して本発明の他の新規AAVのタンパク質中で同定され得る。加えて、他の所望の長さのフラグメントが容易に利用されるかもしれない。こうしたフラグメントは組換え的にもしくは他の適する手段例えば化学合成により製造されるかもしれない。

【0069】

本発明の配列、タンパク質およびフラグメントは組換え製造、化学合成もしくは他の合成手段を包含するいずれの適する手段により製造してもよい。こうした製造方法は当業者の知識内にありかつ本発明の制限でない。

I V. 新規AAVキャプシドをもつrAAVの製造

本発明は本発明により同定される新規野性型AAV血清型を包含し、この野性型AAV血清型の配列はこれらのウイルスが天然で会合されているDNAおよび／もしくは細胞性物質を含まない。別の局面において、本発明は標的細胞への異種遺伝子もしくは他の核酸配列の送達で有用な分子の製造のためのそれらのフラグメントを包含する本発明の新規AAV配列を利用する分子を提供する。

【0070】

本発明の新規AAV血清型の配列を含有する本発明の分子は、宿主細胞に送達されうる

10

20

30

40

50

いかなる遺伝因子（ベクター）、例えばその上で運搬される配列を移入する裸のDNA、プラスミド、ファージ、トランスポゾン、コスミド、エピソーム、非ウイルス送達ベヒクル（例えば脂質に基づく担体）中のタンパク質、ウイルスなども包含する。選択されたベクターはトランスフェクション、電気穿孔法、リポソーム送達、膜融合技術、高速のDNA被覆ベレット、ウイルス感染およびプロトプラスト融合を包含するいかなる適する方法により送達してもよい。本発明のいずれかの態様を構築するのに使用される方法は核酸操作の当業者に既知でありかつ遺伝子工学、組換え工学および合成技術を包含する。例えば Sambrookら、Molecular Cloning: A Laboratory Manual、コールドスプリングハーバープレス（Cold Spring Harbor Press）、ニューヨーク州コールドスプリングハーバーを参照されたい。

10

【0071】

一態様において、本発明のベクターは本発明の新規AAVキャプシド（例えばAAV7キャプシド、AAV7 44-2（rh. 10）、AAV10キャプシド、AAV11キャプシド、AAV12キャプシド）をコードする配列またはこれらのAAVキャプシドの1種もしくはそれ以上のフラグメントを含有する。あるいは、該ベクターはキャプシドタンパク質もしくはそのフラグメントそれ自身を含有してもよい。

【0072】

場合によっては、本発明のベクターはAAV repタンパク質をコードする配列を含有してよい。こうしたrep配列はcap配列を提供している同一のAAV血清型からであってよい。あるいは、本発明は、rep配列がcap配列を提供しているものと異なるAAV血清型からであるベクターを提供する。一態様において、repおよびcap配列は別個の供給源（例えば別個のベクターもしくは宿主細胞およびベクター）から発現される。別の態様においてこれらのrep配列はcap配列と同一の供給源から発現される。本態様において、rep配列は異なるAAV血清型のcap配列に同じ読み枠で融合されてキメラAAVベクターを形成するかもしれない。場合によっては、本発明のベクターはAAV 5' ITRおよびAAV 3' ITRにより隣接される選択されたトランスジェンを含んでなるミニ遺伝子をさらに含有する。

20

【0073】

従って、一態様において、本明細書に記述されるベクターは単一のAAV血清型（例えばAAV7もしくは別の新規AAV）からでありうる無傷のAAVキャプシドをコードする核酸配列を含有する。あるいは、これらのベクターは、異種AAVもしくは非AAVキャプシドタンパク質（またはそれらのフラグメント）に融合されたAAV7（もしくは別の新規AAV）キャプシドの1種もしくはそれ以上のフラグメントを含有する人工的キャプシドをコードする配列を含有する。これらの人工的キャプシドタンパク質はAAV7（もしくは別の新規AAV）キャプシドの非連続的部分または他のAAV血清型のキャプシドから選択される。例えば、例えば超可変領域（すなわちHPV1-12）の1個もしくはそれ以上中のAAV vp1あるいはvp2および／またはvp3の1種もしくはそれ以上のコーディング領域を改変することが望ましいかもしれない。別の例ではvp3タンパク質の開始コドンを変えてGTCにすることが望ましいかもしれない。これらの改変は選択された発現系における発現、収量を増大させかつ／もしくは精製を向上させるため、または別の所望の目的（例えば向性を変えるかもしくは中和抗体エピトープを変える）上であってもよい。

30

40

【0074】

本明細書に記述されるベクター、例えばプラスミドは多様な目的上有用であるが、しかし、AAV配列もしくはそれらのフラグメントを含んでなるキャプシドを含有するrAAVの製造における使用にとりわけ良好に適する。rAAVを包含するこれらのベクター、それらの要素、構成および用途を本明細書に詳細に記述する。

【0075】

一局面において、本発明はAAV血清型7（もしくは別の新規AAV）のキャプシドま

50

たはその一部分を有する組換えアデノ随伴ウイルス（AAV）の生成方法を提供する。こうした方法は、本明細書に定義されるところのアデノ随伴ウイルス（AAV）血清型7（もしくは別の新規AAV）のキャプシドタンパク質またはそのフラグメント；機能的rep遺伝子；最低でもAAV逆方向末端反復配列（ITR）およびトランスジーンから構成されるミニ遺伝子；ならびにミニ遺伝子のAAV7（もしくは別の新規AAV）のキャプシドタンパク質中へのパッケージングを可能にするのに十分なヘルパー機能をコードする核酸配列を含有する宿主細胞を培養することを必要とする。

【0076】

AAVキャプシド中にAAVミニ遺伝子をパッケージングするために宿主細胞中で培養されるのに必要とされる成分は宿主細胞にtransで提供してもよい。あるいは、必要とされる成分（例えばミニ遺伝子、rep配列、cap配列および／もしくはヘルパー機能）のいずれか1種もしくはそれ以上を、当業者に既知の方法を使用して必要とされる成分の1種もしくはそれ以上を含有するよう工作された安定な宿主細胞により提供してもよい。最も適しては、こうした安定な宿主細胞は誘導可能なプロモーターの制御下に必要とされる成分（1種もしくは複数）を含有することができる。しかしながら必要とされる成分（1種もしくは複数）は構成的プロモーターの制御下にあってもよい。適する誘導可能なおよび構成的プロモーターの例は、トランスジーンとの使用に適する調節要素の考察において本明細書に提供される。なお別の代替において、選択された安定な宿主細胞は構成的プロモーターの制御下の選択された成分（1種もしくは複数）および1種もしくはそれ以上の誘導可能なプロモーターの制御下の他の選択された成分（1種もしくは複数）を含有してもよい。例えば、293細胞（構成的プロモーターの制御下にE1ヘルパー機能を含有する）由来であるがしかし誘導可能なプロモーターの制御下にrepおよび／もしくはcapタンパク質を含有する安定な宿主細胞を生成せうる。なお他の安定な宿主細胞が当業者により生成されうる。

【0077】

本発明のrAAVを製造するのに必要とされるミニ遺伝子、rep配列、cap配列およびヘルパー機能は、その上で運搬される配列を移入するいずれかの遺伝因子の形態でパッケージング宿主細胞に送達してよい。選択された遺伝因子は本明細書に記述されるものを包含するいずれの適する方法により送達してもよい。本発明のいずれかの態様を構築するのに使用される方法は核酸操作の当業者に既知でありかつ遺伝子工学、組換え工学および合成技術を包含する。例えばSambrookら、Molecular Cloning: A Laboratory Manual、コールドスプリングハーバープレス（Cold Spring Harbor Press）、ニューヨーク州コールドスプリングハーバーを参照されたい。同様にrAAVビリオンの生成方法は公知でありそして適する方法の選択は本発明に対する制限でない。例えばK. Fisherら、J. Virol.、70: 520-532（1993）および米国特許第5,478,745号明細書を参照されたい。

A. ミニ遺伝子

ミニ遺伝子は、最低でもトランスジーンおよびその調節配列ならびに5'および3' AAV逆方向末端反復配列（ITR）より構成される。キャプシドタンパク質中にパッケージングされかつ選択された宿主細胞に送達されるのはこのミニ遺伝子である。

1. トランスジーン

トランスジーンは、目的のポリペプチド、タンパク質もしくは他の産物をコードする、トランスジーンに隣接するベクター配列に対し異種の核酸配列である。核酸のコーディング配列は宿主細胞中でのトランスジーンの転写、翻訳および／もしくは発現を可能にする様式で調節成分に効果的に連結される。

【0078】

トランスジーン配列の組成は生じるベクターが置かれることができる使用に依存することができる。例えば、1つの型のトランスジーン配列は発現に際して検出可能なシグナルを生じるレポーター配列を包含する。こうしたレポーター配列は、制限なしに、それに向

けられる高親和性抗体が存在するかもしれないもしくは慣習的手段により生じられる可能性のある、 β -ラクタマーゼ、 β -ガラクトシダーゼ (LacZ)、アルカリホスファターゼ、チミジンキナーゼ、緑色蛍光タンパク質 (GFP)、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ (CAT)、ルシフェラーゼ、例えばCD2、CD4、CD8を包含する膜結合型タンパク質、インフルエンザヘマグルチニンタンパク質および当該技術分野で公知の他者、ならびにとりわけヘマグルチニンもしくはMy cからの抗原標識ドメインに適切に融合された膜結合型タンパク質を含んでなる融合タンパク質をコードするDNAを包含する。

【0079】

これらのコーディング配列はそれらの発現を駆動する調節要素と会合される場合に酵素的、X線撮影的、比色的、蛍光もしくは他の分光的アッセイ、蛍光標示細胞分取アッセイ、ならびに酵素免疫測定法 (ELISA)、ラジオイムノアッセイ (RIA) および免疫組織化学を包含する免疫学的アッセイを包含する慣習的手段により検出可能なシグナルを提供する。例えば、マーカー配列がLacZ遺伝子である場合、該シグナルを運搬するベクターの存在は β -ガラクトシダーゼ活性についてのアッセイにより検出される。トランスジーンが緑色蛍光タンパク質もしくはルシフェラーゼである場合、該シグナルを運搬するベクターはルミノメーターで色もしくは光産生により視覚的に測定しうる。

【0080】

しかしながら、望ましくは、トランスジーンはタンパク質、ペプチド、RNA、酵素もしくは触媒的RNAのような生物学および医学で有用である産物をコードする非マーカー配列である。望ましいRNA分子はtRNA、dsRNA、リボソームRNA、触媒的RNAおよびアンチセンスRNAを包含する。有用なRNA配列の一例は処置された動物中で標的とされた核酸配列の発現を失わせる配列である。

【0081】

トランスジーンは遺伝子欠損を是正すなわち改善するのに使用されるかもしれない、これは正常遺伝子が正常レベルより少なく発現される欠損もしくは機能的遺伝子産物が発現されない欠損を包含しうる。好ましい型のトランスジーン配列は宿主細胞中で発現される治療的タンパク質もしくはポリペプチドをコードする。本発明はさらに、例えば多サブユニットタンパク質により引き起こされる遺伝子の欠陥を是正すなわち改善するために複数のトランスジーンを使用することを包含する。ある状況においては、1タンパク質の各サブユニットをコードする、または多様なペプチドもしくはタンパク質をコードするのに異なるトランスジーンが使用されるかもしれない。これはタンパク質サブユニットをコードするDNAの大きさが大きい場合、例えば免疫グロブリン、血小板由来増殖因子もしくはジストロフィンタンパク質について望ましい。細胞に多サブユニットタンパク質を産生させるためには細胞を多様なサブユニットのそれぞれを含有する組換えウイルスに感染させる。あるいは、1タンパク質の多様なサブユニットが同一のトランスジーンによりコードされるかもしれない。この場合、単一のトランスジーンはサブユニットのそれぞれをコードするDNAを包含し、各サブユニットのDNAは配列内リボソーム進入部位 (IRES) により分離される。これは、サブユニットのそれぞれをコードするDNAの大きさが小さい、例えばサブユニットおよびIRESをコードするDNA全体の大きさが5キロ塩基未満である場合に望ましい。IRESに対する代替として、DNAは、転写後事象において自己切断する2Aペプチドをコードする配列により分離されてよい。例えば、M. L. Donnellyら、J. Gen. Virol.、78 (Pt 1) : 13-21 (Jan 1997) ; Furler, S. ら、Gene Ther.、8 (11) : 864-873 (June 2001) ; Klump H. ら、Gene Ther.、8 (10) : 811-817 (May 2001) を参照されたい。この2AペプチドはIRESより有意に小さく、空間が制限因子である場合にそれを使用に十分に適するようにする。しかしながら、選択されたトランスジーンはいかなる生物学的に活性の産物もしくは他の産物、例えば研究に望ましい産物をコードしてもよい。

【0082】

適するトランスジーンは当業者により容易に選択されうる。トランスジーンを選択は本発明の制限であるとみなされない。

2. 調節要素

ミニ遺伝子について上で同定された主要な要素に加え、該ベクターはまた該プラスミドベクターでトランスフェクトされたかもしくは本発明により製造されるウイルスに感染した細胞中でのその転写、翻訳および／もしくは発現を可能にする様式でトランスジーンに操作可能に連結される必要な慣習的調節領域も包含する。本明細書で使用されるところの「操作可能に連結される」配列は、目的の遺伝子と連続する発現制御配列および目的の遺伝子を制御するのに *t r a n s* でもしくは離れて作用する発現制御配列双方を包含する。

【0083】

発現制御配列は、適切な転写開始、終止、プロモーターおよびエンハンサー配列；スプライシングおよびポリアデニル化（ポリA）シグナルのような効率的なRNAプロセッシングシグナル；細胞質のmRNAを安定化する配列；翻訳効率を高める配列（すなわちコザックコンセンサス配列）；タンパク質の安定性を高める配列；ならびに所望の場合はコードされる産物の分泌を高める配列を包含する。天然の、構成的、誘導可能なおよび／もしくは組織特異的であるプロモーターを包含する多数の発現制御配列が当該技術分野で既知でありかつ利用されうる。

【0084】

構成的プロモーターの例は、制限なしに、レトロウイルスのラウス肉腫ウイルス（RSV）のLTRプロモーター（場合によってはRSVエンハンサーを伴う）、サイトメガロウイルス（CMV）プロモーター（場合によってはCMVエンハンサーを伴う）[例えばBoshartら、Cell、41：521-530（1985）を参照されたい]、SV40プロモーター、ジヒドロ葉酸還元酵素プロモーター、 β -アクチンプロモーター、ホスホグリセロールキナーゼ（PGK）プロモーターおよびEF1 α プロモーター[インヴィトロジェン（Invitrogen）]を包含する。

【0085】

誘導可能なプロモーターは遺伝子発現の調節を可能にしかつ外因性に供給される化合物、温度のような環境因子、もしくは特定の生理学的状態の存在、例えば急性期、細胞の特定の分化状態により、または複製細胞中でのみ調節され得る。誘導可能なプロモーターおよび誘導可能な系は、制限なしに、インヴィトロジェン（Invitrogen）、クロンテック（Clontech）およびアライアド（Ariad）を包含する多様な商業的供給源から入手可能である。多くの他の系が記述されておりそして当業者により容易に選択可能である。外因性に供給されるプロモーターにより調節される誘導可能なプロモーターの例は、亜鉛で誘導可能なヒツジメタロチオン（MT）プロモーター、デキサメサゾン（Dex）で誘導可能なマウス乳腺癌ウイルス（MMTV）プロモーター、T7ポリメラーゼプロモーター系[第WO 98/10088号明細書]；エクダイソン昆虫プロモーター[Noら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA、93：3346-3351（1996）]、テトラサイクリンで抑制可能な系[Gossenら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA、89：5547-5551（1992）]、テトラサイクリンで誘導可能な系[Gossenら、Science、268：1766-1769（1995）、Harveyら、Curr. Opin. Chem. Biol.、2：512-518（1998）もまた参照されたい]、RU486で誘導可能な系[Wangら、Nat. Biotech.、15：239-243（1997）およびWangら、Gene Ther.、4：432-441（1997）]、ならびにラパマイシンで誘導可能な系[Magariら、J. Clin. Invest.、100：2865-2872（1997）]を包含する。この状況で有用でありうるなお他の型の誘導可能なプロモーターは、特定の生理学的状態、例えば温度、急性期、細胞の特定の分化状態により、もしくは複製細胞中でのみ調節されるものである。

【0086】

別の態様においてトランスジーンの天然のプロモーターを使用することができる。天然

10

20

30

40

50

のプロモーターはトランスジーンの発現が天然の発現を模倣すべきであることが望ましい場合に好ましいかもしれない。天然のプロモーターは、トランスジーンの発現が一時的にもしくは発達の、または組織特異的様式で、あるいは特定の転写刺激に応答して調節されなければならない場合に使用しうる。さらなる一態様において、エンハンサー要素、ポリアデニル化部位もしくはコザックコンセンサス配列のような他の天然の発現調節領域もまた、天然の発現を模倣するのに使用してもよい。

【0087】

トランスジーンの別の態様は組織特異的プロモーターに操作可能に連結されたトランスジーンを包含する。例えば、骨格筋中での発現が望ましい場合は、筋中で活性のプロモーターを使用すべきである。これらは、骨格β-アクチン、ミオシンL鎖2A、ジストロフィン、筋クレアチンキナーゼ、ならびに天然に存在するプロモーターより高い活性をもつ合成の筋プロモーター(Liら、Nat. Biotech.、17:241-245(1999)を参照されたい)をコードする遺伝子からのプロモーターを包含する。組織特異的であるプロモーターの例は、とりわけ、肝(アルブミン、Miyatakeら、J. Virol.、71:5124-32(1997); B型肝炎ウイルスコアプロモーター、Sandigら、Gene Ther.、3:1002-9(1996); α-フェトпротеイン(AFP)、Arbuthnotら、Hum. Gene Ther.、7:1503-14(1996))、骨オステオカルシン(Steinら、Mol. Biol. Rep.、24:185-96(1997)); 骨シアロタンパク質(Chenら、J. Bone Miner. Res.、11:654-64(1996))、リンパ球(CD2、Hansalら、J. Immunol.、161:1063-8(1998); 免疫グロブリンH鎖; T細胞受容体α鎖)、ニューロン特異的エノラーゼ(NSE)プロモーター(Andersenら、Cell. Mol. Neurobiol.、13:503-15(1993))、神経細糸L鎖遺伝子(Piccioliら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA、88:5611-5(1991))およびニューロン特異的vgf遺伝子(Piccioliら、Neuron、15:373-84(1995))のようなニューロンのものについて既知である。

【0088】

場合によっては、治療上有用なトランスジーンを運搬するプラスミドは選択可能なマーカーもまた包含しうるか、またはレポーター遺伝子はとりわけジェネチシン、ヒグロミシン(hygromycin)もしくはピューリマイシン(purimycin)耐性をコードする配列を包含してよい。こうした選択可能なレポーターもしくはマーカー遺伝子(好ましくは本発明の方法によりレスキューされるべきウイルスゲノムの外側に配置される)を、細菌細胞中のプラスミドの存在を知らせるのに使用し得る(アンピシリン耐性のように)。プラスミドの他の成分は複製起点を包含してもよい。これらおよび他のプロモーターおよびベクター要素の選択は慣習的であり、そして多くのこうした配列が利用可能である[例えばSambrookら、およびその中に引用される参考文献を参照されたい]。

【0089】

トランスジーン、プロモーター/エンハンサー、ならびに5'および3' ITRの組合せは本明細書で言及の容易さのため「ミニ遺伝子」と称する。本発明の教示を提供されれば、こうしたミニ遺伝子の設計は慣習的技術を頼ることにより行い得る。

3. パッケージング宿主細胞へのミニ遺伝子の送達

ミニ遺伝子は宿主細胞に送達されるいかなる適するベクター、例えばプラスミド上でも運搬され得る。それらが複製および場合によっては原核生物細胞、哺乳動物細胞もしくは双方中への組込みに適するような本発明で有用なプラスミドを工作してよい。これらのプラスミド(もしくは5' AA V ITR-異種分子-3' ITRを運搬する他のベクター)は真核生物および/もしくは原核生物における該ミニ遺伝子の複製を可能にする配列ならびにこれらの系の選択マーカーを含有する。選択可能なマーカーもしくはレポーター遺伝子はとりわけジェネチシン、ヒグロミシン(hygromycin)もしくはピューリ

マイシン (p u r i m y c i n) 耐性をコードする配列を包含してよい。プラスミドは、細菌細胞中での該ベクターの存在を知らせるのに使用し得るある種の選択可能なレポーターもしくはマーカー遺伝子もまた含有してよい (アンピシリン耐性のような)。プラスミドの他の成分は複製起点およびエプスタイン-バーウイルス核抗原を使用するアンプリコン系のようなアンプリコンを包含してよい。このアンプリコン系もしくは他の類似のアンプリコン成分は細胞中での高コピーのエピソーム複製を可能にする。好ましくは、ミニ遺伝子を運搬する分子をそれが一時的に存在しうる細胞中にトランスフェクトする。あるいは、ミニ遺伝子 (5' A A V I T R-異種分子-3' I T Rを運搬する) は染色体もしくはエピソームとしてのいずれかで宿主細胞のゲノム中に安定に組込まれるかもしれない。ある態様において、ミニ遺伝子は場合によっては頭部から頭部、頭部から尾部もしくは尾部から尾部のコンカテマーで複数コピーで存在しうる。適するトランスフェクション技術は既知でありかつミニ遺伝子を宿主細胞に送達するのに容易に利用しうる。

10

【0090】

一般に、ミニ遺伝子を含んでなるベクターをトランスフェクションにより送達させる場合、ベクターは、約 1×10^4 細胞ないし約 1×10^{13} 細胞および好ましくは約 10^5 細胞に対し約 $5 \mu\text{g}$ から約 $100 \mu\text{g}$ までの DNA、および好ましくは約 10 ないし約 $50 \mu\text{g}$ の DNA の量で送達される。しかしながら宿主細胞に対するベクター DNA の相対量は、選択されたベクター、送達方法および選択された宿主細胞のような因子を考慮に入れて調節してよい。

B. r e p および c a p 配列

20

ミニ遺伝子に加え、宿主細胞は、宿主細胞中での新規 A A V キャプシドタンパク質 (例えば A A V 7 もしくは他の新規 A A V キャプシド、またはこれらのキャプシドの 1 種もしくはそれ以上のフラグメントを含んでなる人工的キャプシドタンパク質) の発現を駆動する配列、およびミニ遺伝子中に見出される A A V I T R の血清型と同一の血清型の r e p 配列を含有する。A A V の c a p および r e p 配列は上述されたところの A A V 供給源から独立に得てよく、そして上述されたところの当業者に既知のいずれかの様式で宿主細胞中に導入してよい。加えて、本発明の新規 A A V キャプシドをシュードタイピングする (p s e u d o t y p i n g) 場合に、必須の r e p タンパク質のそれぞれをコードする配列は同一の A A V 血清型により供給されうるか、もしくは r e p タンパク質をコードする配列を異なる A A V 血清型 (例えば A A V 1、A A V 2、A A V 3、A A V 4、A A 5、A A V 6 もしくは本明細書で同定される新規血清型の 1 つ) により供給しうる。例えば、r e p 7 8 / 6 8 配列は A A V 2 からでありうる一方、r e p 5 2 / 4 0 配列は A A V 1 からかもしれない。

30

【0091】

一態様において、宿主細胞は上述されたもののような適するプロモーターの制御下にキャプシドタンパク質を安定に含有する。最も望ましくは、本態様においてキャプシドタンパク質は誘導可能なプロモーターの制御下に発現される。別の態様においてキャプシドタンパク質は t r a n s で宿主細胞に供給される。宿主細胞に t r a n s で送達される場合、キャプシドタンパク質は該宿主細胞中での選択されたキャプシドタンパク質の発現を指図するのに必要な配列を含有するプラスミドを介して送達してよい。最も望ましくは、宿主細胞に t r a n s で送達される場合、キャプシドタンパク質を運搬するプラスミドは r A A V のパッケージングに必要とされる他の配列、例えば r e p 配列もまた運搬する。

40

【0092】

別の態様において、宿主細胞は上述されたもののような適するプロモーターの制御下に r e p 配列を安定に含有する。最も望ましくは、本態様において必須の r e p タンパク質は誘導可能なプロモーターの制御下に発現される。別の態様において r e p タンパク質は t r a n s で宿主細胞に供給される。宿主細胞に t r a n s で送達される場合、r e p タンパク質は宿主細胞中での選択された r e p タンパク質の発現を指図するのに必要な配列を含有するプラスミドを介して送達してよい。最も望ましくは、宿主細胞に t r a n s で送達される場合、キャプシドタンパク質を運搬するプラスミドは r A A V をパッケージン

50

グするのに必要とされる他の配列、例えば *rep* および *cap* 配列もまた運搬する。

【0093】

従って、一態様において *rep* および *cap* 配列は単一の核酸分子上で宿主細胞にトランスフェクトしてよく、そしてエピソームとして細胞中に安定に存在するかもしれない。別の態様において *rep* および *cap* 配列は細胞のゲノム中に安定に組込まれる。別の態様は宿主細胞中で一過性に発現される *rep* および *cap* 配列を有する。例えば、こうしたトランスフェクションに有用な核酸分子は、5' から 3' へ、プロモーター、プロモーターと *rep* 遺伝子配列の開始部位との間に挟まれた任意のスペーサー、AAV *rep* 遺伝子配列および AAV *cap* 遺伝子配列を含んでなる。

【0094】

場合によっては、*rep* および／もしくは *cap* 配列は宿主細胞中に導入されるべきである他の DNA 配列を含有するベクター上で供給されるかもしれない。例えばベクターはミニ遺伝子を含んでなる rAAV 構築物を含有しうる。該ベクターはヘルパー機能をコードする遺伝子、例えばアデノウイルスタンパク質 E1、E2a および E4ORF6 ならびに VA1 RNA の遺伝子の 1 種もしくはそれ以上を含むかもしれない。

【0095】

好ましくは、本構築物中で使用されるプロモーターは、当業者に既知のもしくは上で論考されたところの構成的、誘導可能なもしくは天然のプロモーターのいずれであってもよい。一態様において AAV P5 プロモーター配列を使用する。これらの配列のいずれかを提供するための AAV の選択は本発明を制限しない。

【0096】

別の好ましい態様において、*rep* のプロモーターは誘導可能なプロモーターであり、これはトランスジーンの調節要素に関して上で論考されるとおりである。*rep* 発現のための 1 つの好ましいプロモーターは T7 プロモーターである。T7 プロモーターにより調節される *rep* 遺伝子、および *cap* 遺伝子を含んでなるベクターは、T7 ポリメラーゼを構成的にもしくは誘導可能にのいずれかで発現する細胞にトランスフェクトもしくは形質転換される。1998 年 3 月 12 日公開の第 WO 98/10088 号明細書を参照されたい。

【0097】

スペーサーはベクターの設計において任意の要素である。スペーサーはプロモーターと *rep* 遺伝子の ATG 開始コドンとの間に挟まれる DNA 配列である。スペーサーはいかなる所望の設計を有してもよく；すなわち、それはヌクレオチドの無作為の配列であってもよい、あるいは、それはマーカー遺伝子のような遺伝子産物をコードしてもよい。スペーサーは開始／終止およびポリ A 部位を典型的に組込む遺伝子を含有してよい。スペーサーは原核生物もしくは真核生物からの非コーディング DNA 配列、反復性の非コーディング配列、転写制御を伴わないコーディング配列もしくは転写制御を伴うコーディング配列であってもよい。スペーサー配列の 2 つの例示的供給源は λファージラダー配列もしくは酵母ラダー配列であり、これらはとりわけ例えばギブコ (Gibco) もしくはインヴィトロジェン (Invitrogen) から商業的に入手可能である。スペーサーは、*rep* 52、*rep* 40 および *cap* 遺伝子産物を正常レベルで発現されるまま残し、*rep* 78 および *rep* 68 遺伝子産物の発現を低下させるのに十分ないかなる大きさのものであってもよい。スペーサーの長さは従って約 10 bp から約 10.0 kbp まで、好ましくは約 100 bp ないし約 8.0 kbp の範囲の範囲にわたってよい。組換えの可能性を低下させるために、スペーサーは好ましくは長さが 2 kbp 未満であるが；しかしながら本発明はそうに制限されない。

【0098】

rep および *cap* を提供する分子 (1 種もしくは複数) が宿主細胞中に一過性に (すなわちトランスフェクションにより) 存在しうるとは言え、*rep* および *cap* タンパク質の一方もしくは双方ならびにそれらの発現を制御するプロモーター (1 種もしくは複数) が例えばエピソームとしてもしくは宿主細胞の染色体中への組込みにより宿主細胞中で

10

20

30

40

50

安定に発現されることが好ましい。本発明の態様を構築するのに使用される方法は上の参考文献で記述されたもののような慣習的遺伝子工学もしくは組換え工学技術である。本明細は本明細書に提供される情報を使用して特定の構築物の具体的に説明する例を提供する一方、当業者はスパーサー、P5プロモーター、ならびに最低1種の転写開始および終止シグナルを包含する他の要素ならびにポリアデニル化部位の任意の付加の選択を使用して他の適する構築物を選択かつ設計しうる。

【0099】

本発明の別の態様において、repもしくはcapタンパク質は宿主細胞により安定に提供されるかもしれない。

C. ヘルパー機能

パッケージング宿主細胞は本発明のrAAVをパッケージングするためにヘルパー機能もまた必要とする。場合によってはこれらの機能はヘルペスウイルスにより供給されるかもしれない。最も望ましくは、必要なヘルパー機能はそれぞれ上述されたもののようなヒトもしくは非ヒト霊長類のアデノウイルス供給源から供給され、かつ／またはアメリカンタイプカルチャーコレクション(American Type Culture Collection)(ATCC)、バージニア州マナサス(米国)を包含する多様な供給源から入手可能である。現在好ましい一態様において、宿主細胞はE1a遺伝子産物、E1b遺伝子産物、E2a遺伝子産物および／もしくはE4 ORF6遺伝子産物を提供されかつ／もしくは含有する。宿主細胞はVAI RNAのような他のアデノウイルス遺伝子を含有してもよいがしかしこれらの遺伝子は必要とされない。好ましい一態様において他のアデノウイルス遺伝子もしくは遺伝子機能は宿主細胞中に存在しない。

【0100】

「E1a遺伝子産物を発現するアデノウイルスDNA」により、E1aもしくはいずれかの機能的E1a部分をコードするいかなるアデノウイルス配列も意味している。E2a遺伝子産物を発現するアデノウイルスDNAおよびE4 ORF6遺伝子産物を発現するアデノウイルスDNAは同様に定義される。アデノウイルス遺伝子もしくはその機能的部分のいかなる対立遺伝子もしくは他の改変もまた包含される。こうした改変は、何らかの様式でアデノウイルスの機能を高める慣習的遺伝子工学もしくは突然変異誘発技術、ならびにその天然に存在する対立遺伝子変異体に頼ることにより慎重に導入しうる。こうした改変およびこれらのアデノウイルス遺伝子機能を達成するためのDNAの操作方法は当業者に既知である。

【0101】

アデノウイルスのE1a、E1b、E2aおよび／もしくはE4 ORF6遺伝子産物、ならびにいかなる他の所望のヘルパー機能も、細胞中でのそれらの発現を可能にするいずれかの手段を使用して提供し得る。これらの産物をコードする配列のそれぞれは別個のベクター上にあってよい、または1種もしくはそれ以上の遺伝子が同一のベクター上にあってよい。ベクターは、プラスミド、コスミドおよびウイルスを包含する当該技術分野で既知もしくは上に開示されたいかなるベクターであってもよい。ベクターの宿主細胞中への導入は、とりわけ、トランスフェクション、感染、電気穿孔法、リボソーム送達、膜融合技術、高速のDNA被覆ベレット、ウイルス感染およびプロトプラスト融合を包含する当該技術分野で既知もしくは上で開示されたところのいずれかの手段により達成しうる。アデノウイルス遺伝子の1種もしくはそれ以上は、宿主細胞のゲノム中に安定に組込まれるか、エピソームとして安定に発現されるか、もしくは一過性に発現されうる。遺伝子産物は全部エピソーム上で一過性に発現されるかもしくは安定に組込まれるかもしれないか、または遺伝子産物のいくつかは安定に発現されるかもしれない一方で他者は一過性に発現される。さらに、アデノウイルス遺伝子のそれぞれのプロモーターは構成的プロモーター、誘導可能なプロモーターもしくは天然のアデノウイルスプロモーターから独立に選択しうる。プロモーターは生物体もしくは細胞の特定の生理学的状態により(すなわち分化状態により、または複製中もしくは静止期の細胞中で)あるいは例えば外因性に添加される因子により調節しうる。

D. 宿主細胞およびパッケージング細胞系

宿主細胞それ自身は、原核生物（例えば細菌）細胞、ならびに昆虫細胞、酵母細胞および哺乳動物細胞を包含する真核生物細胞を包含するいかなる生物学的生物体から選択してもよい。とりわけ望ましい宿主細胞は、制限なしに、A549、WEHI、3T3、10T1/2、BHK、MDCK、COS 1、COS 7、BSC 1、BSC 40、BMT 10、VERO、WI38、HeLa、293細胞（機能的アデノウイルスE1を発現する）、Saos、C2C12、L細胞、HT1080、HepG2、ならびにヒト、サル、マウス、ラット、ウサギおよびハムスターを包含する哺乳動物由来の初代線維芽細胞、肝細胞および筋芽細胞のような細胞を包含するいずれかの哺乳動物種のなかから選択される。細胞を提供する哺乳動物種の実施例は本発明の制限でなく；哺乳動物細胞の型すなわち線維芽細胞、肝細胞、腫瘍細胞などもそうでない。最も望ましい細胞は、E1、E2aおよび／もしくはE4ORF6以外のいかなるアデノウイルス遺伝子も運搬せず；それらはrAAVの製造の間に汚染するウイルスの相同的組換えをもたらす可能性のあるいかなる他のウイルス遺伝子も含有せず；かつ、それはDNAの感染もしくはトランスフェクションおよびトランスフェクトされたDNAの発現が可能である。好ましい一態様において、宿主細胞は細胞中に安定にトランスフェクトされたrepおよびcapを有するものである。

10

【0102】

本発明で有用な1宿主細胞は、repおよびcapをコードする配列で安定に形質転換されかつアデノウイルスのE1、E2aおよびE4ORF6 DNAならびに上述されたところのミニ遺伝子を運搬する構築物でトランスフェクトされる宿主細胞である。B-50（第PCT/US98/19463号明細書）のような安定なrepおよび／もしくはcap発現細胞系または米国特許第5,658,785号明細書に記述されるものもまた同様に使用してよい。別の望ましい宿主細胞はE4ORF6を発現するのに十分である最小限のアデノウイルスDNAを含有する。なお他の細胞系は本発明の新規AAV repおよび／もしくは新規AAV cap配列を使用して構築可能である。

20

【0103】

本発明の宿主細胞の製造は選択されたDNA配列の集成的な技術を利用する。この集成的な技術は慣習的技術を利用して達成しうる。こうした技術は、公知でありかつ上で引用されるSambrookらに記述されるcDNAおよびゲノムクローニング、ポリメラーゼ連鎖反応、合成方法および所望のヌクレオチド配列を提供するいずれかの他の適する方法と組合せたアデノウイルスおよびAAVゲノムの重複オリゴヌクレオチド配列の使用を包含する。

30

【0104】

宿主細胞中への（プラスミドもしくはウイルスとしての）分子の導入は当業者に既知かつ本明細全体で論考されるところの技術を使用してもまた達成しうる。好ましい態様において、標準的トランスフェクション技術、例えばCaPO₄トランスフェクションもしくは電気穿孔法および／またはヒト胚腎細胞系HEK293（transに作用するE1タンパク質を提供する機能的アデノウイルスE1遺伝子を含有するヒト腎細胞系）のような細胞系中へのハイブリッドアデノウイルス/AAVベクターによる感染が使用される。

40

【0105】

当業者により生成されるこれら新規のAAVに基づくベクターは、AAV7に対する中和抗体がヒト集団で見出されていないため、選択された宿主細胞への遺伝子送達および遺伝子治療患者に有益である。さらに、初期の研究は cynomolgus monkey およびチンパンジー集団で中和抗体を示さず、また、アカゲザル（該血清型が単離された種）でAAV7の15%未満の交差反応性を示す。当業者は、本明細書に提供されるAAV7キャプシドタンパク質を含有する他のrAAVウイルスベクターを、当業者に既知の多様な技術を使用して容易に製造しうる。AAV7配列および別の血清型のAAVキャプシドを含有するなお他のrAAVウイルスベクターを同様に製造しうる。類似の利点が本発明の他の新規AAVに基づくベクターにより賦与される。

50

【0106】

従って、当業者は、本発明のAAV7配列がこれらおよび*in vitro*、*ex vivo*もしくは*in vivo*遺伝子送達のための他のウイルスベクター系における使用に容易に適合され得ることを容易に理解するであろう。同様に、当業者は、多様なrAAVおよび非rAAVベクター系における使用に本発明の新規AAVゲノムの他のフラグメントを容易に選択し得る。こうしたベクター系は例えばレンチウイルス、レトロウイルス、ポックスウイルス、ワクシニアウイルスおよびとりわけアデノウイルス系を包含してよい。これらのベクター系の選択は本発明の制限でない。

【0107】

従って、本発明はさらに本発明の新規AAVの核酸およびアミノ酸配列を使用して生成されたベクターを提供する。こうしたベクターは、治療的分子の送達およびワクチンレジメンにおける使用のために包含する多様な目的上有用である。本発明の新規AAVのキャプシドを含有する組換えAAVが治療的分子の送達にとりわけ望ましい。これらもしくは本発明の新規AAV配列を含有する他のベクター構築物を例えばサイトカインの共送達もしくは免疫原それ自身の送達のためのワクチンレジメンで使用してよい。

V. 組換えウイルスおよびそれらの用途

本明細書に記述される技術を使用して、当業者は本発明の新規血清型のキャプシド、または本発明の方法により同定されるAAV血清型の1種もしくはそれ以上の新規フラグメントを含有する新規キャプシドを有するrAAVを生成しうる。一態様において、単一血清型例えばAAV7〔配列番号2〕からの完全長のキャプシドを利用し得る。別の態様において、別の選択されたAAV血清型からの配列と同じ読み枠で融合された本発明の新規血清型の1種もしくはそれ以上のフラグメントを含有する完全長のキャプシドが生成されるかもしれない。例えば、rAAVは本発明のAAV血清型の新規超可変領域配列の1種もしくはそれ以上を含有しうる。あるいは、本発明の独特のAAV血清型を他のウイルスもしくは非ウイルス配列を含有する構築物中で使用してよい。

【0108】

本発明のある血清型がある用途にとりわけ良好に適するであろうことが当該技術分野の一態様の当業者に容易に明らかであろう。例えば、本発明のAAV7キャプシドに基づくベクターは筋での使用にとりわけ良好に適し；一方で本発明のrh. 10（44-2）キャプシドに基づくベクターは肺での使用にとりわけ良好に適する。こうしたベクターの用途はそのように制限されず、また、当業者はこれらのベクターを他の細胞型、組織もしくは器官への送達に利用しうる。さらに、本発明の他のキャプシドに基づくベクターは、これらまたは他の細胞、組織もしくは器官への送達に使用しうる。

A. トランスジーンを送達

別の局面において、本発明は、選択された宿主細胞を本発明のAAVの配列を用いて生成されたベクターでトランスフェクトもしくは感染させることを必要とする宿主へのトランスジーンを送達方法を提供する。送達方法は当業者に公知でありかつ本発明の制限でない。

【0109】

望ましい一態様において、本発明は宿主へのトランスジーンをAAVに媒介される送達方法を提供する。本方法は、その発現を指図する配列の制御下の選択されたトランスジーンおよびAAVキャプシドタンパク質を含有する組換えウイルスベクターで選択された宿主細胞をトランスフェクトもしくは感染させることを必要とする。

【0110】

場合によっては、宿主からのサンプルを選択されたAAV血清型に対する抗体の存在について最初にアッセイしてよい。中和抗体を検出するための多様なアッセイ形式が当業者に公知である。こうしたアッセイの選択は本発明の制限でない。例えばFisherら、*Nature Med.*、3（3）：306-312（March 1997）およびW. C. Manningら、*Human Gene Therapy*、9：477-485（March 1、1998）を参照されたい。本アッセイの結果を使用して、例えばそ

のキャプシド血清型に特異的な中和抗体の非存在により特定の血清型のキャプシドタンパク質を含有するどのAAVベクターが送達に好ましいかが決定されるかもしれない。

【0111】

本方法の一局面において、選択されたAAVキャプシドタンパク質を含むベクターの送達は異なる血清型のAAVキャプシドタンパク質を含むベクターを介する遺伝子の送達に先行してももしくは後に続いてよい。同様に、本発明の他の新規AAVキャプシドタンパク質を含むベクターの送達は、異なる血清型のAAVキャプシドタンパク質を含むベクターを介する遺伝子の送達に先行してもしくは後に続いてよい。従って、rAAVベクターを介する遺伝子送達を選択された宿主細胞への反復遺伝子送達に使用してもよい。望ましくは、後に投与されるrAAVベクターは第一のrAAVベクターと同一のトランスジーンを運搬するがしかし後に投与されるベクターは第一のベクターと異なる血清型のキャプシドタンパク質を含有する。例えば、第一のベクターがAAV7キャプシドタンパク質〔配列番号2〕を有する場合は、後に投与されるベクターは、AAV1、AAV2、AAV3A、AAV3B、AAV4、AAV6、AAV10、AAV11およびAAV12、または、限定されるものでないが：A3.1、H2、H6、C1、C2、C5、A3-3、A3-7、A3-4、A3-5、3.3b、223.4、223-5、223-10、223-2、223-7、223-6、44-1、44-5、44-2、42-15、42-8、42-13、42-3A、42-4、42-5A、42-1B、42-5B、43-1、43-12、43-5、43-21、43-25、43-20、24.1、42.2、7.2、27.3、16.3、42.10、42-3B、42-11、F1、F5、F3、42-6Bおよび／もしくは42-12を挙げることができる本明細書で同定される他の新規AAVキャプシドのいずれかを包含する他の血清型のなかから選択されるキャプシドタンパク質を有してよい。

【0112】

上述された組換えベクターは公開された方法に従って宿主細胞に送達しうる。好ましくは生理学的に適合性の担体に懸濁されるrAAVはヒトもしくは非ヒト哺乳動物患者に投与してよい。適する担体は、移入ウイルスが向けられる適応症を考慮して当業者により容易に選択されうる。例えば、1つの適する担体は生理的食塩水を包含し、これは多様な緩衝溶液とともに処方してよい（例えばリン酸緩衝生理的食塩水）。他の例示的担体は滅菌生理的食塩水、乳糖、ショ糖、リン酸カルシウム、ゼラチン、デキストラン、寒天、ペクチン、ラッカセイ油、ゴマ油および水を包含する。担体の選択は本発明の制限でない。

【0113】

場合によっては、本発明の組成物はrAAVおよび担体（1種もしくは複数）に加えて保存剤もしくは化学物質安定剤のような他の慣習的製薬学的成分を含有してよい。適する例示的保存剤はクロロブタノール、ソルビン酸カリウム、ソルビン酸、二酸化イオウ、没食子酸プロピル、パラベン、エチルバニリン、グリセリン、フェノールおよびパラクロロフェノールを包含する。適する化学物質安定剤はゼラチンおよびアルブミンを包含する。

【0114】

ウイルスベクターは、細胞をトランスフェクトしかつ医学分野の当業者により測定し得る過度の有害な影響を伴わないかもしくは医学的に許容できる生理学的影響を伴う治療上の利益を提供するのに十分なレベルの遺伝子移入および発現を提供するのに十分な量で投与される。慣習的なかつ製薬学的に許容できる投与経路は、限定されるものでないが選択された器官への直接送達（例えば肝への門脈内送達）、経口、吸入（鼻内および気管内送達を包含する）、眼内、静脈内、筋肉内、皮下、皮内ならびに他の非経口の（parental）投与経路を挙げることができる。投与経路は所望の場合は組合せてよい。

【0115】

ウイルスベクターの投薬量は治療されている状態、患者の年齢、重量および健康状態のような因子に主として依存することができ、そして従って患者間で変動しうる。例えば、ウイルスベクターの治療上有効なヒト投薬量は一般に約 1×10^9 から 1×10^{16} ゲノムまでのウイルスベクターの濃度を含有する約1mlから約100mlまでの溶液の範囲に

ある。好ましいヒト投薬量は約 1×10^{13} ないし 1×10^{16} AAVゲノムであってよい。投薬量はいかなる副作用に対しても治療上の利益の均衡を図るように調節することができ、そしてこうした投薬量は組換えベクターを使用する治療上の応用に依存して変動してよい。トランスジーンが発現のレベルをモニターしてミニ遺伝子を含むウイルスベクター、好ましくはAAVベクターをもたらし投薬量の頻度を決定し得る。場合によっては、治療の目的上記述されるものに類似の投薬レジメンを本発明の組成物を使用する免疫感作に利用してよい。

【0116】

本発明のAAVを含むベクターによる送達のための治療的産物および免疫原性産物の例を下に提供する。これらのベクターを本明細書に記述されるところの多様な治療もしくはワクチンレジメンに使用してよい。加えて、これらのベクターは所望の治療および／もしくはワクチンレジメンで1種もしくはそれ以上の他のベクターもしくは有効成分とともに送達してよい。

B. 治療的トランスジーン

トランスジーンによりコードされる有用な治療的産物は、制限なしに、インスリン、グルカゴン、成長ホルモン（GH）、副甲状腺ホルモン（PTH）、成長ホルモン放出因子（GRF）、卵胞刺激ホルモン（FSH）、黄体化ホルモン（LH）、ヒト絨毛性ゴナドトロピン（hCG）、血管内皮増殖因子（VEGF）、アンジオポエチン、アンジオスタチン、顆粒球コロニー刺激因子（G-CSF）、エリスロポエチン（EPO）、結合組織増殖因子（CTGF）、塩基性線維芽細胞増殖因子（bFGF）、酸性線維芽細胞増殖因子（aFGF）、上皮増殖因子（EGF）、トランスフォーミング増殖因子 α （TGF α ）、血小板由来増殖因子（PDGF）、インスリン成長因子IおよびII（IGF-IおよびIGF-II）、TGF β 、アクチビン、インヒビンを包含するトランスフォーミング増殖因子 β スーパーファミリーのいずれか1つ、もしくは骨形態形成タンパク質（BMP）BMP1～15のいずれか、成長因子、神経成長因子（NGF）、脳由来神経栄養因子（BDNF）、ニューロトロフィンNT-3およびNT-4/5、毛様体神経栄養因子（CNTF）、膠細胞系由来神経栄養因子（GDNF）、ニューツリン、アグリンのヘレグリン（heregulin）／ニューレグリン／ARIA/neu分化因子（NDF）ファミリーのいずれか1つ、セマフォリン／コラプシン、ネツリン-1およびネツリン-2、肝細胞増殖因子（HGF）、エフリン、ノギン、ソニックヘッジホッグおよびチロシン加水分解酵素のファミリーのいずれか1つを包含するホルモンならびに増殖および分化因子を包含する。

【0117】

他の有用なトランスジーン産物は、制限なしに、トロンボポエチン（TPO）、インターロイキン（IL）IL-1からIL-25（IL-2、IL-4、IL-12およびIL-18を包含する）、単球走化性因子、白血病阻害因子、顆粒球-マクロファージコロニー刺激因子、Fasリガンド、腫瘍壊死因子 α および β 、インターフェロン α 、 β および γ 、幹細胞因子、flk-2/flt3リガンドを包含する免疫系を調節するタンパク質を包含する。免疫系により産生される遺伝子産物もまた本発明で有用である。これらは、制限なしに、免疫グロブリンIgG、IgM、IgA、IgDおよびIgE、キメラ免疫グロブリン、ヒト化抗体、一本鎖抗体、T細胞受容体、キメラT細胞受容体、一本鎖T細胞受容体、クラスIおよびクラスII MHC分子ならびに工作された免疫グロブリンおよびMHC分子を包含する。有用な遺伝子産物は補体調節タンパク質、膜補助因子タンパク質（MCP）、崩壊促進因子（DAF）、CR1、CF2およびCD59のような補体調節タンパク質もまた包含する。

【0118】

なお他の有用な遺伝子産物はホルモン、成長因子、サイトカイン、リンホカイン、制御タンパク質および免疫系タンパク質の受容体のいずれか1つを包含する。本発明は低密度リポタンパク質（LDL）受容体、高密度リポタンパク質（HDL）受容体、超低密度リポタンパク質（VLDL）受容体およびスカベンジャー受容体を包含するコレステロール

10

20

30

40

50

調節のための受容体を包含する。本発明は、グルココルチコイド受容体およびエストロゲン受容体、ビタミンD受容体および他の核受容体を包含するステロイドホルモン受容体スーパーファミリーのメンバーのような遺伝子産物もまた包含する。加えて、有用な遺伝子産物は、j u n、f o s、m a x、m a d、血清応答因子（S R F）、A P-1、A P 2、m y b、M y o Dおよびミオゲニン、E T Sボックス含有タンパク質、T F E 3、E 2 F、A T F 1、A T F 2、A T F 3、A T F 4、Z F 5、N F A T、C R E B、H N F-4、C / E B P、S P 1、C C A A Tボックス結合タンパク質、インターフェロン調節因子（I R F-1）、ウィルムス腫瘍タンパク質、E T S結合タンパク質、S T A T、G A T Aボックス結合タンパク質、例えばG A T A-3ならびに翼状らせん（w i n g e d h e l i x）タンパク質のフォークヘッドファミリーのような転写因子を包含する。

10

【0119】

他の有用な遺伝子産物は、カルバモイル合成酵素I、オルニチントランスカルバミラーゼ、アルギノコハク酸合成酵素、アルギノコハク酸分解酵素、アルギナーゼ、フマリルアセト酢酸加水分解酵素、フェニルアラニン水酸化酵素、 α -1アンチトリプシン、グルコース-6-ホスファターゼ、ボルホビリノーゲン脱アミノ酵素、第V I I I因子、第I X因子、シスタチオン β 合成酵素、分枝鎖ケト酸脱炭酸酵素、アルブミン、イソバレリルc o A脱水素酵素、プロピオニルC o Aカルボキシラーゼ、メチルマロニルC o A転位酵素、グルタリルC o A脱水素酵素、インスリン、 β -グルコシダーゼ、ピルビン酸カルボン酸（p y r u v a t e c a r b o x y l a t e）、肝ホスホリラーゼ、ホスホリラーゼキナーゼ、グリシン脱炭酸酵素、H-プロテイン、T-プロテイン、嚢胞性線維症膜貫通調節物質（C F T R）配列およびジストロフィンc D N A配列を包含する。なお他の有用な遺伝子産物は、酵素置換療法（不十分な酵素活性から生じる多様な状態で有用である）で有用でありうるような酵素を包含する。例えば、マンノース-6-リン酸を含有する酵素はリソゾーム蓄積症（例えば適する遺伝子は β -グルクロニダーゼ（G U S B）をコードするものを包含する）の治療で利用されるかもしれない。

20

【0120】

他の有用な遺伝子産物は、挿入、欠失もしくはアミノ酸置換を含有する天然に存在しないアミノ酸配列を有するキメラもしくはハイブリッドポリペプチドのような天然に存在しないポリペプチドを包含する。例えば、一本鎖の工作された免疫グロブリンはある種の免疫無防備状態の患者において有用であり得る。他の型の天然に存在しない遺伝子配列は、

30

【0121】

遺伝子の発現の低下および／もしくは調節は癌および乾癬がそうであるように過剰増殖性細胞を特徴とする過剰増殖状態の治療にとりわけ望ましい。標的ポリペプチドは正常細胞に比較して過剰増殖性細胞中で独占的にもしくはより高レベルで産生されるポリペプチドを包含する。標的抗原はm y b、m y c、f y nのような癌遺伝子ならびにトランスロケーション遺伝子b c r / a b l、r a s、s r c、P 5 3、n e u、t r kおよびE G R Fによりコードされるポリペプチドを包含する。標的抗原としての癌遺伝子産物に加え、抗癌処置および保護レジメンの標的ポリペプチドは、B細胞リンパ腫により作成される

40

抗体の可変領域およびT細胞リンパ腫のT細胞受容体の可変領域を包含し、これらはいくつかの態様において自己免疫疾患の標的抗原としてもまた使用される。モノクローナル抗体17-1Aにより認識されるポリペプチドおよび葉酸結合ポリペプチドを包含する腫瘍細胞中でより高レベルで見出されるポリペプチドのような他の腫瘍関連ポリペプチドを標的ポリペプチドとして使用し得る。

【0122】

他の適する治療的ポリペプチドおよびタンパク質は、細胞受容体および「自己」に向けられる抗体を産生する細胞を包含する自己免疫と関連する標的に対する広範な保護免疫応答を賦与することにより自己免疫疾患および障害に罹っている個体を治療するのに有用であるかもしれないものを包含する。T細胞媒介性自己免疫疾患は慢性関節リウマチ（R A

50

）、多発性硬化症（MS）、シェーグレン症候群、サルコイドーシス、インスリン依存型糖尿病（IDDM）、自己免疫性甲状腺炎、反応性関節炎、強直性脊椎炎、強皮症、多発性筋炎、皮膚筋炎、乾癬、血管炎、ヴェグナー肉芽腫、クローン病および潰瘍性大腸炎を包含する。これらの疾患のそれぞれは内因性抗原に結合しかつ自己免疫疾患に関連する炎症カスケードを開始するT細胞受容体（TCR）を特徴とする。

C. 免疫原性トランスジーン

あるいは、もしくは加えて、本発明のベクターは、本発明のAAV配列および選択された免疫原に対する免疫応答を誘導するペプチド、ポリペプチドもしくはタンパク質をコードするトランスジーンを含有してよい。例えば、免疫原は多様なウイルスファミリーから選択しうる。それに対する免疫応答が望ましいとみられる望ましいウイルスファミリーの例は、ライノウイルス属（普遍的感冒症例の約50%の原因である）を包含するピコルナウイルスファミリー；ポリオウイルス、コクサッキーウイルス、ECHOウイルス、およびA型肝炎ウイルスのようなヒトエンテロウイルスを包含するエンテロウイルス属；ならびに主として非ヒト動物における口蹄疫の原因であるアフトウイルス（*apthovirus*）属を包含する。ウイルスのピコルナウイルスファミリー内の標的抗原はVP1、VP2、VP3、VP4およびVP6を包含する。別のウイルスファミリーはウイルスのノーウォーク（*Norwalk*）グループ（流行性胃腸炎の重要な原因病原体である）を包含するカリシウイルス（*calicivirus*）ファミリーを包含する。ヒトおよび非ヒト動物において免疫応答を誘導するための抗原に標的を定める使用に望ましいなお別のウイルスファミリーは、アルファウイルス属（シンドビスウイルス、ロスリバーウイルスならびにベネズエラ、東部および西部ウマ脳炎を包含する）ならびにルベラウイルスを包含するルビウイルスを包含するトガウイルスファミリーである。フラビウイルス科（*flaviviridae*）ファミリーはデング熱、黄熱病、日本脳炎、セントルイス脳炎およびダニ媒介性脳炎を包含する。他の標的抗原はC型肝炎もしくはコロナウイルスファミリーから生成されるかもしれない。これらは伝染性気管支炎ウイルス（家禽）、ブタ伝染性胃腸炎ウイルス（ブタ）、ブタ赤血球凝集性脳脊髄炎ウイルス（ブタ）、ネコ伝染性腹膜炎ウイルス（ネコ）、ネコ腸コロナウイルス（ネコ）、イヌコロナウイルス（イヌ）のような多数の非ヒトウイルスならびにヒト呼吸器コロナウイルス（普遍的感冒および／または非A、BもしくはC型肝炎を引き起こすかもしれない）を包含する。コロナウイルスファミリー内の標的抗原は、E1（Mすなわちマトリックスタンパク質ともまた呼ばれる）、E2（Sすなわちスパイクタンパク質ともまた呼ばれる）、E3（HEすなわちヘマグルチンエルテロース（*Hemagglutinin-ectero*）ともまた呼ばれる）糖タンパク質（全部のコロナウイルスに存在するわけでない）もしくはN（ヌクレオキャプシド）を包含する。なお他の抗原は、ベシクロウイルス属（例えば水疱性口内炎ウイルス）および一般的リッサウイルス（例えば狂犬病）を包含するラブドウイルスファミリーに対し標的を定めるとみられる。ラブドウイルスファミリー内で適する抗原はGタンパク質もしくはNタンパク質由来であるかもしれない。マールブルグおよびエボラウイルスのような出血熱ウイルスを包含するフィロウイルス科（*filoviridae*）ファミリーが抗原の適する供給源となりうる。パラミクソウイルスファミリーはパラインフルエンザウイルス1型、パラインフルエンザウイルス3型、ウシパラインフルエンザウイルス3型、ルブラウイルス（流行性耳下腺炎ウイルス、パラインフルエンザウイルス2型、パラインフルエンザウイルス4型、ニューカッスル病ウイルス（ニワトリ）、牛疫、麻疹ウイルス属（*morbillivirus*）（麻疹（*measles*）およびイヌジステンパーを包含する）ならびに肺炎ウイルス属（*pneumovirus*）（RSウイルスを包含する）を包含する。インフルエンザウイルスはオルトミクソウイルスファミリー内に分類されかつ抗原の適する供給源である（例えばHAタンパク質、N1タンパク質）。ブンヤウイルスファミリーはブンヤウイルス属（カリフォルニア脳炎、ラクロス）、フレボウイルス属（リフトバレー熱）、ハンタウイルス属（プレマラ（*prema*）はヘマハギン（*hemahagin*）熱ウイルスである）、ナイロウイルス属（ナイロビ羊病）および多様な割り当てられていないブンガウイルス属を包含する。アレナウイルスフ

10

20

30

40

50

ファミリーはLCMおよびラッサ熱ウイルスに対する抗原の供給源を提供する。レオウイルスファミリーはレオウイルス属、ロタウイルス属（小児で急性胃腸炎を引き起こす）、オルビウイルス属およびコルティウイルス属（*cultivirus*）（コロラドダニ熱、レボンボ（*Lebombo*）（ヒト）、ウマ脳症、ブルータング）を包含する。

【0123】

レトロウイルスファミリーは、ネコ白血病ウイルス、HTLV IおよびHTLV IIのようなヒトおよび家畜の疾患を包含するオンコウイルス亜科のもの（*oncorivirinal*）、レンチウイルス亜科のもの（*lentivirinal*）（ヒト免疫不全ウイルス（HIV）、サル免疫不全ウイルス（SIV）、ネコ免疫不全ウイルス（FIV）、ウマ伝染性貧血ウイルスおよびスプマウイルス亜科のもの（*spumavirinal*）を包含する）を包含する。HIVとSIVとの間に多くの適する抗原が記述されておりかつ容易に選択し得る。適するHIVおよびSIV抗原の例は、制限なしに、*gag*、*pol*、*Vif*、*Vpx*、*VPR*、*Env*、*Tat*および*Rev*タンパク質ならびにそれらの多様なフラグメントを包含する。加えてこれらの抗原に対する多様な改変が記述されている。この目的上適する抗原は当業者に既知である。例えば、他のタンパク質のなかから *gag*、*pol*、*Vif*、および *Vpr*、*Env*、*Tat*ならびに *Rev* をコードする配列を選択してよい。例えば米国特許第5,972,596号明細書に記述される改変 *gag* タンパク質を参照されたい。D. H. Barouchら、*J. Virol.*、75（5）：2462-2467（March 2001）およびR. R. Amaraら、*Science*、292：69-74（6 April 2001）に記述されるHIVおよびSIVタンパク質もまた参照されたい。これらのタンパク質もしくはそれらのサブユニットは単独でまたは別個のベクターを介する組合せでもしくは単一のベクターから送達してよい。

【0124】

パポーウイルスファミリーはポリオーマウイルス亜科（BKUおよびJCUウイルス）ならびにパピローマウイルス亜科（癌もしくはパピローマの悪性進行と関連する）を包含する。アデノウイルスファミリーは呼吸器疾患および／もしくは腸炎を引き起こすウイルス（EX、AD7、ARD、O. B.）を包含する。パルボウイルスファミリーのネコパルボウイルス（ネコ腸炎）、ネコ汎白血球減少症ウイルス、イヌパルボウイルスおよびブタパルボウイルス。ヘルペスウイルスファミリーは、単純疱疹属（*genera simplexvirus*）（HSV I、HSV II）、水痘ウイルス（偽性狂犬病、水痘带状疱疹）を包含するアルファヘルペスウイルス亜科（*subfamily alpha herpesvirinae*）、ならびにサイトメガロウイルス属（HCMV、ムロメガロウイルス）を包含するベータヘルペスウイルス亜科、ならびにリンパ球潜伏ウイルス属（*lymphocryptovirus*）、EBV（バーキットリンパ腫）、伝染性鼻気管炎、マレック病ウイルスおよびラジノウイルスを包含するガンマヘルペスウイルス亜科を包含する。ポックスウイルスファミリーは、オルトポックスウイルス属（天然痘（*Varicella*）（天然痘（*Smallpox*））および痘疹（牛痘））、パラポックスウイルス属、アビポックスウイルス属、カプリポックスウイルス属、レボリポックスウイルス属、スイポックスウイルス属を包含するコルドポックスウイルス亜科ならびにエントモポックスウイルス亜科を包含する。ヘパドナウイルスファミリーはB型肝炎ウイルスを包含する。抗原の適する供給源となりうる1未分類のウイルスはD型肝炎ウイルスである。なお他のウイルス供給源はトリ伝染性ファブリキウス嚢病ウイルスおよびブタ呼吸器・生殖器症候群ウイルスを包含するかもしれない。アルファウイルスファミリーはウマ動脈炎ウイルスおよび多様な脳炎ウイルスを包含する。

【0125】

本発明は、ヒトおよび非ヒト脊椎動物を感染させる細菌、真菌、寄生性微生物もしくは多細胞性寄生虫を包含する他の病原体に対してヒトもしくは非ヒト動物を免疫するのに有用であるかまたは癌細胞もしくは腫瘍細胞からの免疫原もまた包含しうる。細菌性病原体の例は、肺炎球菌；ブドウ球菌；および連鎖球菌を包含する病原性グラム陽性球菌を包含

10

20

30

40

50

する。病原性グラム陰性球菌は髄膜炎菌；淋菌を包含する。病原性腸管グラム陰性杆菌は腸内細菌科；シュードモナス、アシネトバクテリア (*acinetobacteria*) およびエイケネラ；類鼻疽；サルモネラ；シゲラ；ヘモフィルス；モラクセラ；*H. デュクレイ* (*H. ducreyi*) (軟性下疳を引き起こす)；ブルセラ；野兎病菌 (*Francisella tularensis*) (野兎病を引き起こす)；エルシニア (パスツレラ)；ストレプトバチラス モニリフォルミス (*streptobacillus moniliformis*) およびスピリillum (*spirillum*) を包含し；グラム陽性杆菌はリステリア菌 (*listeria monocytogenes*)；ブタ丹毒菌 (*erysipelothrix rhusiopathiae*)；ジフテリア菌 (*Corynebacterium diphtheria*) (ジフテリア)；コレラ；炭疽菌 (*B. anthracis*) (炭疽菌)；ドノヴァン症 (鼠径部肉芽腫)；およびバルトネラ症を包含する。病原性嫌気性細菌により引き起こされる疾患は、破傷風；ボツリヌス；他のクロストリジア (*clostridia*)；結核；らい；および他のミコバクテリウムを包含する。病原性スピロヘータ疾患は梅毒；トレポネーマ症；フランベシア、ピンタおよび風土病性梅毒；ならびにレプトスピラ症を包含する。高等病原性細菌および病原性真菌により引き起こされる他の感染症は、アクチノミセス症；ノカルジア症；クリプトコッカス症、分芽菌症、ヒストプラズマ症およびコクシジオイデス症；カンジダ症、アスペルギルス症ならびにムコール菌症；スポロトリウム症；パラコクシジオイドミコーシス、ペトリエリジア症 (*petriellidiosis*)、トルロブシス症、菌腫およびクロモミコーシス；ならびに皮膚糸状菌症を包含する。リケッチア感染症は発疹チフス、ロッキー山熱、Q熱およびリケッチア痘を包含する。マイコプラズマおよびクラミジア感染症の例は：肺炎マイコプラズマ (*mycoplasma pneumoniae*)；鼠径リンパ肉芽腫；オウム病；および周産期クラミジア感染症を包含する。病原性真核生物は病原性原生動物および蠕虫を包含し、そしてそれらにより生じられる感染症は：アメーバ症；マラリア；リーシュマニア症；トリパノソーマ症；トキソプラズマ症；ニューモシスチス カリニ (*Pneumocystis carinii*)；トリカンス (*Trichans*)；トキソプラズマ原虫 (*Toxoplasma gondii*)；バベシア症；ランブル鞭毛虫症；旋毛虫症；フィラリア症；住血吸虫症；線虫 (*nematodes*)；吸虫 (*trematodes*) もしくは吸虫類；および条虫 (*cestode*) (サナダムシ (*tapeworm*)) 感染症を包含する。

【0126】

これらの生物体および／もしくはそれらにより産生されるトキシンの多くは疾病予防センター (Centers for Disease Control [CDC)、米国厚生省 (Department of Health and Human Services、USA)) により生物学的攻撃における使用についての潜在性を有する病原体として同定された。例えば、これらの生物学的病原体のいくつかは、炭疽菌 (*Bacillus anthracis*) (炭疽)、ボツリヌス菌 (*Clostridium botulinum*) およびそのトキシン (ボツリヌス中毒)、ペスト菌 (*Yersinia pestis*) (悪疫)、大痘瘡 (*variola major*) (牛痘)、野兎病菌 (*Francisella tularensis*) (野兎病) およびウイルス性出血熱 (その全部は現在カテゴリーA病原体として分類される)；Q熱リケッチア (*Coxiella burnetii*) (Q熱)；ブルセラ属 (*Brucella*) の種 (ブルセラ症)、鼻疽菌 (*Burkholderia mallei*) (鼻疽)、ヒマシ (*Ricinus communis*) およびそのトキシン (リシントキシン)、ウェルシュ菌 (*Clostridium perfringens*) およびそのトキシン (ϵ トキシン)、ブドウ球菌属 (*Staphylococcus*) の種およびそれらのトキシン (エンテロトキシンB) (その全部は現在カテゴリーB病原体として分類される)；ならびにニパン (*Nippan*) ウイルスおよびハンタウイルス (現在カテゴリーCの病原体として分類される) を包含する。加えて、そのように分類されるかもしくは異なって分類される他の生物体が将来同定されかつ／もしくはこうした目的上使用されるかもしれない。ウイルスベク

10

20

30

40

50

ターおよび本明細書に記述される他の構築物がこれらの生物学的病原体への感染もしくはそれらとの他の有害反応を予防かつ／もしくは治療することができるこれらの生物体、ウイルス、それらのトキシンもしくは他の副生成物からの抗原を送達するのに有用であることが容易に理解されるであろう。

【0127】

T細胞の可変領域に対する免疫原を送達するための本発明のベクターの投与はそれらのT細胞を排除するCTLを包含する免疫応答を導き出す。慢性関節リウマチ(RA)において該疾患に関与するT細胞受容体(TCR)のいくつかの特定の可変領域が特徴づけられている。これらのTCRはV-3、V-14、V-17およびV α -17を包含する。従って、これらのポリペプチドの最低1種をコードする核酸配列の送達はRAに関与するT細胞を標的とすることができる免疫応答を導き出すことができる。多発性硬化症(MS)において該疾患に関与するTCRのいくつかの特定の可変領域が特徴づけられている。これらのTCRはV-7およびV α -10を包含する。従って、これらのポリペプチドの最低1種をコードする核酸配列の送達はMSに関与するT細胞を標的とすることができる免疫応答を導き出すことができる。強皮症において該疾患に関与するTCRのいくつかの特定の可変領域が特徴づけられている。これらのTCRはV-6、V-8、V-14およびV α -16、V α -3C、V α -7、V α -14、V α -15、V α -16、V α -28ならびにV α -12を包含する。従って、これらのポリペプチドの最低1種をコードする核酸分子の送達は強皮症に関与するT細胞を標的とすることができる免疫応答を導き出すことができる。

【0128】

場合によっては本発明のAAV配列を含有するベクターは初回抗原刺激－追加免疫レジメンを使用して送達してもよい。多様なこうしたレジメンが当該技術分野で記述されておりかつ容易に選択されうる。例えば2000年3月2日公開の第WO 00/11140号明細書(引用することにより組込まれる)を参照されたい。

【0129】

こうした初回抗原刺激－追加免疫レジメンは、典型的には、免疫系を初回抗原刺激するためのDNA(例えばプラスミド)に基づくベクターの投与ないしタンパク質もしくはこうした抗原をコードする配列を運搬する組換えウイルスのような伝統的抗原を用いる第二の追加免疫投与を必要とする。一態様において、本発明は、前記抗原を運搬するプラスミドDNAベクターを送達すること、次いで例えば本発明のAAV配列を含有するベクターで追加免疫することによる選択された抗原に対する免疫応答の初回抗原刺激および追加免疫方法を提供する。

【0130】

一態様において、該初回抗原刺激－追加免疫レジメンは初回抗原刺激および／もしくは追加免疫ベヒクルからの多タンパク質の発現を必要とする。例えばR. R. Amara、Science、292:69-74(6 April 2001)を参照されたい。これはHIVおよびSIVに対する免疫応答を生成させるのに有用なタンパク質サブユニットの発現のための多タンパク質レジメンを記述する。例えばDNA初回抗原刺激は単一転写物からのGag、Pol、Vif、VPXおよびVprならびにEnv、TatならびにRevを送達しうる。あるいは、SIV Gag、PolおよびHIV-1 Envが送達される。

【0131】

しかしながら、該初回抗原刺激－追加免疫レジメンはHIVのための免疫感作もしくはこれらの抗原の送達に制限されない。例えば、初回抗原刺激は本発明の第一のチンパンジーベクターで送達すること、次いで第二のチンパンジーベクターもしくは抗原それ自身をタンパク質の形態で含有する組成物で追加免疫することを必要とするかもしれない。1つの例において、初回抗原刺激－追加免疫レジメンは該抗原が由来するウイルス、細菌もしくは他の生物体に対する保護免疫応答を提供し得る。別の望ましい態様において、初回抗原刺激－追加免疫レジメンは、治療が投与されている状態の存在の検出のための慣例アッ

セイを使用して測定し得る治療効果を提供する。

【0132】

初回抗原刺激ワクチンは用量依存性の様式で身体中の多様な部位に投与してよく、それは所望の免疫応答の標的とされる抗原に依存する。本発明は注入（1回もしくは複数）の量もしくは部位または製薬学的担体に制限されない。むしろ、初回抗原刺激段階は単回用量あるいは毎時、毎日、毎週もしくは毎月または毎年投与される投薬量を包含する処置レジメンを包含する。一例として、哺乳動物は担体中に約10 μ gないし約50 μ gの間のプラスミドを含有する1もしくは2回の初回抗原刺激注入を受領するかもしれない。初回抗原刺激DNAワクチン組成物の望ましい初回抗原刺激の量もしくは投薬量は約1 μ gないし約10,000 μ gの間のDNAワクチンの範囲にわたる。投薬量は被験体の体重1 kgあたり約1 μ gから1000 μ gのDNAまで変動してもよい。注入の量もしくは部位は、望ましくは、ワクチン接種されている哺乳動物の個性（identity）および状態に基づき選択する。

10

【0133】

哺乳動物への抗原の送達に適するDNAワクチンの投薬量単位は本明細書に記述する。DNAワクチンは等張生理的食塩水、等張塩溶液もしくはこうした投与の当業者に明らかであろう他の処方のような製薬学的もしくは生理学的に許容できる担体中に懸濁もしくは溶解することにより投与のため調製する。適切な担体は当業者に明らかであることができ、また、大部分は投与経路に依存することができる。本発明の組成物は、上述された経路により、生物分解可能な生物適合性ポリマーを使用する持続性製剤中で、もしくはミセル、ゲルおよびリポソームを使用する現場の（on-site）送達により哺乳動物に投与してよい。

20

【0134】

場合によっては、本発明の初回抗原刺激段階は、本明細書で定義されるような適する量のアジュバントを初回抗原刺激DNAワクチン組成物とともに投与することもまた包含する。

【0135】

好ましくは、追加免疫組成物は哺乳動物被験体に初回抗原刺激DNAワクチンを投与した約2ないし約27週後に投与する。追加免疫組成物の投与は初回抗原刺激DNAワクチンにより投与された同一の抗原を含有するもしくは送達することが可能な有効量の追加免疫ワクチン組成物を使用して達成される。追加免疫組成物は同一のウイルス供給源もしくは別の供給源由来の組換えウイルスベクターより構成されてよい。あるいは、「追加免疫組成物」は、初回抗原刺激DNAワクチン中にコードされると同一の抗原をしかしたタンパク質もしくはペプチドの形態で含有する組成物であり得、この組成物は宿主中で免疫応答を誘導する。別の態様において、追加免疫ワクチン組成物は哺乳動物細胞中でのその発現を指図する調節配列の制御下に抗原をコードするDNA配列を含有する組成物、例えば公知の細菌もしくはウイルスベクターのようなベクターを包含する。追加免疫ワクチン組成物の第一の要件は、ワクチン組成物の抗原が該DNAワクチンによりコードされるものと同一の抗原もしくは交差反応性抗原であることである。

30

【0136】

適しては、本発明のベクターは非AAVベクターならびにタンパク質、ペプチドおよび／または他の生物学的に有用な治療的もしくは免疫原性の化合物を使用するレジメンにおける使用にもまた良好に適する。これらのレジメンは保護免疫を誘導することを包含する治療的容態（pose）および免疫感作のための遺伝子送達にとりわけ良好に適する。こうした用途は当業者に容易に明らかであろう。

40

【0137】

さらに、本発明のベクターは生物体は1種もしくはそれ以上のAAV血清型に対する中和抗体を有する場合であってもin vivoもしくはex vivoで選択された宿主細胞に選択されたトランスジーンを送達し得る効率的な遺伝子移入ベヒクルを提供する。一態様において、ベクター（例えばrAAV）および細胞をex vivoで混合し；感

50

染した細胞は慣習的方法論を使用して培養し；そして形質導入された細胞を患者に再注入する。さらに、本発明のベクターは *in vitro* での所望の遺伝子産物の産生にもまた使用されるかもしれない。*in vitro* 産生のためには、所望の産物（例えばタンパク質）は、所望の産物をコードする分子を含有する rAAV での宿主細胞のトランスフェクションおよび発現を可能にする条件下で細胞培養物を培養することの後に所望の培養物から得られるかもしれない。発現された産物はその後所望のとおり精製および単離してよい。トランスフェクション、細胞培養、精製および単離に適する技術は当業者に既知である。

【0138】

以下の実施例は本発明のいくつかの局面および態様を具体的に説明する。

10

【実施例1】

【0139】

新規 AAV 配列の PCR 増幅、クローニングおよび特徴づけ。

【0140】

非ヒト霊長類からの組織を既知の AAV の高度に保存された領域に対するオリゴヌクレオチドに基づく PCR 法を使用して AAV 配列についてスクリーニングした。AAV1 [配列番号6] の 2886 ないし 3143 bp にわたる AAV 配列の伸長を PCR アンプリコンとして選択した。ここでは「シグネチャ領域」と本明細書で命名される各既知の AAV 血清型に独特であるキャプシドタンパク質 (Cap) の超可変領域が、保存された配列により隣接される。後の分析でこのシグネチャ領域は超可変領域3にわたる保存された領域の間に位置することが示された。

20

【0141】

多数の非ヒト霊長類種の末梢血の初期調査はアカゲザル、カニクイザル、チンパンジーおよびヒヒのような種からの動物のサブセットにおける検出可能な AAV を示した。しかしながら、ニホンザル、ブタオザルおよびリスザルを包含する試験された若干の他の種で検出された AAV 配列は存在しなかった。ベクター分布のより徹底的な分析を、剖検で回収されたペンシルバニア大学およびチューレーン (the University of Pennsylvania and Tulane) のコロニーのアカゲザルの組織中で実施した。

A. AAV シグネチャ領域の増幅

30

AAV1-6 ならびにガチョウおよびアヒルから単離された AAV の DNA 配列をデフォルトの設定で「Clustal W」を使用して相互にアライメントした。AAV1-6 についておよび新規 AAV7 についての情報を包含するアライメントを図1に提供する。AAV間の配列の類似性を比較した。

【0142】

一連の研究において、AAV1 [配列番号6] の 2886 bp ないし 3143 bp にわたる 257 bp の領域および AAV2-6 ゲノムのゲノム中の対応する領域 [図1を参照されたい] が発明者により同定された。この領域は AAV キャプシド遺伝子とともに位置し、そして 5' および 3' 双方の端の間に高度に保存された配列を有し、かつ、中央で比較的可変性の配列である。加えてこの領域は DraIII 制限酵素部位 (CACCACGTAA、配列番号15) を含有する。発明者はこの領域が各既知の型の AAV DNA の特異的シグネチャとしてはたらくことを見出した。言い換えれば、PCR 反応、各既知の血清型に特異的であるエンドヌクレアーゼでの消化およびゲル電気泳動分析後に、この領域を使用して、増幅された DNA を血清型1、2、3、4、5、6もしくは別の血清型からであると決定的に同定し得る。

40

【0143】

プライマーを設計し、確認しかつ AAV1、2 および 5 DNA 対照を用いて PCR 条件を至適化した。プライマーは AAV2 の配列に基づいた。すなわち、5' プライマー、1S: AAV2 (配列番号7) の bp 2867~2891 および 3' プライマー、18as、AAV2 (配列番号7) の bp 3095~3121。

50

【0144】

異なるアカゲザルの血液、脳、肝、肺、精巣などを包含する多様な組織からの細胞DNAを上述された戦略を利用して研究した。該結果は、これらのサルの多様な組織からのDNAが強いPCR増幅を生じさせることを示した。PCR産物のさらなる制限分析はそれらがいずれの公表されたAAV配列とも異なるAAV配列から増幅されたことを示した。

【0145】

多様なサル組織のDNAからのPCR産物（大きさ約255bp）をクローン化しかつ配列決定した。これらの新規AAV配列の生物情報学研究はそれらがキャプシド遺伝子の新規AAV配列でありかつ相互に異なることを示した。図1はアライメントにおけるAAV10～12〔それぞれ配列番号117、118および119〕の新規AAVシグネチャ領域を包含する。Clustal W（1.81）プログラムを使用してマルチプルアライメント分析を実施した。AAV1～7およびAAV10～12ゲノムのシグネチャ領域間の配列の同一性パーセントを下に提供する。

【0146】

【表4】

表1. 分析のための配列

配列番号	AAV血清型	大きさ(bp)
1	AAV1	258
2	AAV2	255
3	AAV3	255
4	AAV4	246
5	AAV5	258
6	AAV6	258
7	AAV7	258
10	AAV10	255
11	AAV11	258
12	AAV12	255

【0147】

【表 5】

表3. ヘアワイスアライメント(同一性パーセント)

	AAV2	AAV3	AAV4	AAV5	AAV6	AAV7	AAV10	AAV11	AAV12
AAV1	90	90	81	76	97	91	93	94	93
AAV2		93	79	78	90	90	93	93	92
AAV3			80	76	90	92	92	92	92
AAV4				76	81	84	82	81	79
AAV5					75	78	79	79	76
AAV6						91	92	94	94
AAV7							94	92	92
AAV10								95	93
AAV11									94

10

【0148】

選択された257bpの領域にわたる新規AAV血清型配列を含有する300を超えるクローンを単離かつ配列決定した。これら300超のクローンの生物情報学分析は、この257bpの領域が新規AAV血清型の迅速単離および同定の良好な目印すなわちシグネチャ配列としてはたらくことにおいて決定的に重要であることを示唆する。

20

B. PCR増幅のためのシグネチャ領域の使用。

【0149】

該257bpのシグネチャ領域をPCRアンカーとして使用してrepおよびcap遺伝子の連結領域をカバーするためゲノムの5' (1398~3143bp、配列番号6) およびcap遺伝子配列全体を得るためゲノムの3' (2866bp~4600bp、配列番号6) までPCR増幅を延長した。PCR増幅は、95℃で0.5~1分間の変性、60~65℃で0.5~1分間のアニーリングおよび72℃で1kbあたり1分の伸長を包含する標準的条件を使用して実施し、増幅サイクルの総数は28から42までの範囲にわたった。

【0150】

30

「A」で記述されたところのアライメントされた配列を使用して、2種の他の相対保存された領域が、rep遺伝子の3'端および257bpの領域に対し5'ならびに257bpフラグメントの下流の配列中しかしAAV'3ITRの前に位置する配列中で同定された。2組の新しいプライマーを設計し、また、PCR条件は新規AAV血清型のキャプシド全体およびrep配列の一部の回収について至適化した。より具体的には、5'増幅について5'プライマーAV1NsはGCTGCGTCAACTGGACCAATGAGAAC [AAV1、配列番号6のnt1398~1423] でありかつ3'プライマーは上で同定された18asであった。3'増幅について5'プライマーは上で同定された1sであり、そして3'プライマーはAV2Las、TCGTTTCAGTTGAAC TTGGTCTCTGCG [AAV2、配列番号7のnt4435~4462] であった。

40

【0151】

これらのPCR増幅において、257bpの領域は、本明細書で記述されるとおり得られた5'および3'伸長フラグメントの増幅後のシグネチャ領域中のDraIII部位での融合により完全なキャプシド遺伝子を構築するための重複フラグメントを生成させるためのPCRアンカーおよび目印として使用した。より具体的には、無傷のAAV7 cap遺伝子を生成させるために、3種の増幅産物(a)シグネチャ領域の配列；(b)5'伸長の配列；および(c)3'伸長の配列を製造元の説明書に従ってPCR4-Topo [インヴィトロジェン (Invitrogen)] プラスミドバックボーンにクローン化した。その後、該プラスミドをDraIIIで消化しかつ組換えて無傷のcap遺伝子を形成した。

50

【0152】

この一連の作業でAAV7およびAAV8のキャプシド配列の約80%を単離かつ分析した。別の新規血清型AAV9もまたサル#2から発見された。

【0153】

上述されたPCR条件を使用してAAV7のrep遺伝子配列の残存する部分を単離し、そしてAAVゲノムの108bpないし1461bp（AAV2、配列番号7の番号づけに基づき計算した）を増幅するプライマーを使用してクローン化する。本クローンはITRを伴わない完全なAAV7ゲノムの構築のため配列決定する。

C. 3. 1 kbのCapフラグメントの直接増幅

NHP組織および血液DNAからの3.1 kbの完全長のCapフラグメントを直接増幅するために、2種の他の高度に保存された領域を大型フラグメントのPCR増幅での使用のためAAVゲノム中で同定した。rep遺伝子の中央に位置する保存された領域内のプライマー（AV1ns：5' GCTGCGTCAACTGGACCAATGAGAAC3'、配列番号6のnt1398～1423）を、Cap遺伝子の下流の別の保存された領域中に位置する3'プライマー（AV2cas：5' CGCAGAGACCAAGTTCAACTGAACGA3'、配列番号7）とともに完全長capフラグメントの増幅のため選択した。PCR産物を製造元の説明書（インヴィトロジェン（Invitrogen））に従ってTopoクローン化し、そしてキアゲンゲノミックス（Qiagen genomics）（キアゲンゲノミックス（Qiagen genomics）、ワシントン州シアトル）により配列分析が $\geq 99.9\%$ の正確さを伴い実施された。合計50種のキャプシドクローンを単離かつ特徴づけした。それらのなかで37クローンがアカゲザル組織（rh. 1～rh. 37）、6クローンがカニクイザル（cy. 1～cy. 6）、2クローンがヒヒ（bb. 1およびbb. 2）ならびに5クローンがチンパンジー（ch. 1～ch. 5）由来であった。

【0154】

新規AAVファミリー内の配列の相違が、相同な配列をもつ多様な部分的DNA鋳型間の重複伸長によるPCR媒介性遺伝子スプライシングのようなPCRの人工産物もしくは細菌中での組換え過程の結果でなかったという可能性を排除するために、一連の実験をVP1増幅について同一条件下で全細胞DNAを使用して実施した。最初に無傷のAAV7およびAAV8プラスミドを等モル比で混合し次いで連続希釈した。連続的に希釈した混合物を、ユニバーサルプライマーおよびいずれかのハイブリッドPCR産物が生成されたかどうかをみるためのDNA増幅に使用したものに同一のPCR条件を使用する3.1 kbのVP1フラグメントのPCR増幅の鋳型として使用した。該混合物を細菌に形質転換しそして形質転換体を単離しておそらく細菌細胞中での組換え過程由来のハイブリッドクローンを探した。異なる実験では、われわれはAAV7およびAAV8プラスミドをMsp I、Ava IおよびHae I（その全部は異なる位置で双方のゲノムを複数回切断する）で制限し、消化物を異なる組合せで混合し、そしていずれかのPCR産物が部分的AAV配列の重複配列伸長により生成され得たかどうかを試験するための同一条件下でのVP1フラグメントのPCR増幅にそれらを使用した。別の実験ではシグネチャ領域中に重複をもつゲル精製した5'の1.5 kbのAAV7 VP1フラグメントおよび3'の1.7 kbのAAV8 VP1フラグメントの混合物を連続的に希釈し、そしてタックマン（TaqMan）分析によりAAV配列を含まなかったサル細胞系から抽出した200 ngの細胞DNAの存在および非存在下でのPCR増幅に使用した。これらの実験のいずれも、ゲノムDNAのCap増幅の条件下で効率的なPCR媒介性の重複配列産生を示さなかった（データは示されない）。さらなる確認として、クローン42sが単離されたアカゲザルF953からの腸間膜リンパ節（MLN）DNAからのより短いフラグメントを増幅するための多様な組合せの、異なるHVRに位置しかつF953からのクローン42sの変異体に配列特異的であった3対のプライマーを設計した。完全長のCapクローン中で同定された全部の配列の変動がこれらの短いフラグメント中に見出された（データは示されない）。

10

20

30

40

50

【実施例 2】

【0155】

アデノ随伴ウイルスは自然感染の間に霊長類において実質的進化を受ける

選択された AAV 単離物の配列分析はゲノム全体での相違を示し、それはキャプシドタンパク質の超可変領域中に最も集中されている。疫学的データは全部の既知の血清型が霊長類に固有であることを示すとは言え、臨床単離物の単離は、ヒト乳児の肛門および咽喉スワブからの AAV 2 および AAV 3 ならびにヒトコンジローム様疣贅からの AAV 5 に制限されている。既知の臨床的続発症は AAV 感染と関連しない。

【0156】

AAV の生物学をより良好に理解するための試みにおいて、非ヒト霊長類を自然感染の続発症を特徴づけるためのモデルとして使用した。非ヒト霊長類からの組織を、既知の AAV の高度に保存された領域に対するオリゴヌクレオチドに基づく本発明の PCR 法を使用して AAV 配列についてスクリーニングした（実施例 1 を参照されたい）。AAV 1 [配列番号 6] の 2886 ないし 3143 bp にわたる AAV 配列の一伸長を PCR アンプリコンとして選択し、ここでは保存された配列が本明細書で「シグネチャ領域」と命名される各既知の AAV 血清型に独特である超可変領域により隣接されている。

【0157】

アカゲザル、カニクイザル、チンパンジーおよびヒヒを包含する多数の非ヒト霊長類種の末梢血の初期調査は全部の種からの動物のサブセットにおける検出可能な AAV を示した。ベクター分布のより広範囲の分析を剖検で回収されたペンシルバニア大学およびチューレーン (the University of Pennsylvania and Tulane) のコロニーのアカゲザルの組織中で実施した。これは広範な系列の組織全体で AAV 配列を示した。

【0158】

増幅されたシグネチャ配列をプラスミドにサブクローニングしそして個々の形質転換体を配列分析にかけた。これは多様な動物由来のクローンのヌクレオチド配列中の実質的変動を示した。シグネチャ配列中の変動は個々の動物内で得られたクローンでもまた示された。独特のシグネチャ配列が同定された 2 動物から収集した組織（すなわち 98E044 からの結腸および 98E056 からの心臓）を、高度に保存された配列に対するオリゴヌクレオチドを使用する PCR により増幅された配列を拡大することによりさらに特徴づけた。こうして、完全なプロウイルス構造を、本明細書で記述されるとおり双方の組織からのウイルスゲノムについて再構築した。これらのプロウイルスは他の既知の AAV と異なり、最大の配列の相違は Cap 遺伝子の領域中に示される。

【0159】

追加実験を実施して、非ヒト霊長類組織に固有の AAV 配列が、レスキューされることが可能でありかつビリオンを形成する感染性ウイルスのプロウイルスゲノムを表したことを確認した。AAV 8 のシグネチャ配列が検出された動物 98E056 の肝組織からのゲノム DNA を、AAV 配列内に部位を有しないエンドヌクレアーゼで消化し、そしてヘルパー機能の供給源としてのヒトアデノウイルス血清型 5 の E1 が欠失されたゲノムを含有するプラスミドを 293 細胞中にトランスフェクトした。生じるライセートを 293 細胞上で 1 回継代し、そしてライセートを回収しかつ Cap タンパク質に対する広範に反応するポリクローナル抗体を使用して AAV Cap タンパク質の存在について、ならびに AAV 8 が由来した PCR 増幅された AAV プロウイルスからの DNA 配列の存在および豊富さについて分析した。エンドヌクレアーゼで制限した心 DNA およびアデノウイルスヘルパープラスミドのトランスフェクションは、ウェスタンブロット分析による Cap タンパク質の検出および 293 細胞あたり 10^4 AAV 8 ベクターゲノムの存在により示されるとおり多量の AAV 8 ウイルスを生じた。ライセートを大スケール調製から生成させそして AAV をセシウム沈降により精製した。精製された調製物は AAV 血清型 2 のものに同一に見える 26 nm の二十面体構造を示した。アデノウイルスヘルパー単独でのトランスフェクションは AAV タンパク質もしくはゲノムを生じず、レスキューされた AAV の

供給源としての汚染を排除した。

【0160】

AAVシグネチャ配列の動物間および動物内の変動をさらに特徴づけるため、選択された組織を拡大PCR (extended PCR) にかけてCap読み取り枠全体を増幅した。

【0161】

生じるフラグメントを細菌プラスミドにクローン化しそして個々の形質転換体を単離かつ完全に配列決定した。この分析は、3匹のアカゲザルからの腸間膜リンパ節 (Tulane/V223-6クローン; Tulane/T612-7クローン; Tulane/F953-14クローン)、2匹のアカゲザルからの肝 (Tulane/V251-3クローン; Penn/00E033-3クローン)、1匹のアカゲザルからの脾 (Penn/97E043-3クローン)、1匹のアカゲザルからの心 (IHGT/98E046-1クローン) ならびに1匹のチンパンジー (New Iberia/X133-5クローン)、6匹のカニクイザル (Charles River/A1378、A3099、A3388、A3442、A2821、A3242-合計6クローン) および1匹のヒヒ (SFRB/8644-2クローン) からの末梢血を伴った。15匹の異なる動物から配列決定した50クロンのうち30は相互からの最低7アミノ酸の差異の知見に基づき非冗長とみなした。非冗長VP1クローンはそれらが単離されたとおりに連続して番号づけられ、接頭辞はそれらが由来した非ヒト霊長類の種を示す。これら30の非冗長クローンと以前に記述された8種のAAV血清型との間の構造的関係を、分割分解 (split decomposition) の方法の実施を伴うSplitTreeプログラム [Huson, D. H. SplitTree: analyzing and visualizing evolutionary data. Bioinformatics 14, 68-73 (1998)] を使用して決定した。該分析は一組の配列間のホモプラシーを分岐樹よりむしろ樹様網状構造に描く。利点はグループ分け (収束の結果である) の検出を可能にすることおよびそれらが平行する事象により歪められる場合でもなお系統発生的関係を表すことである。広範囲の系統発生的研究がAAVの進化を解明するために必要とされるであろう一方で、ここでの意図は多様なクローンをそれらの配列類似性に関してグループ分けすることのみである。

【0162】

新規VP1配列が感染性ウイルスゲノム由来であったことを確認するために、ウイルスDNAの高い豊富さを伴う組織からの細胞DNAをAAV内で切断しないエンドヌクレアーゼで制限しそして293細胞にトランスフェクトし、次いでアデノウイルスに感染させた。これは2種の異なる動物からの組織のDNAからのAAVゲノムのレスキューおよび増幅をもたらした (データは示されない)。

【0163】

新規AAVのVP1配列をアミノ酸配列の変動の性質および位置に関してさらに特徴づけた。1%より大きいだけのアミノ酸配列が相互と異なることが示された全30のVP1クローンをアライメントしそして各残基の変動について評価した。配列の相違の領域を決定するために開発されたアルゴリズムは12の超可変領域 (HVR) を生じ、そのうち5種は4種の以前に記述された可変領域と重複するかもしれないその一部である [Kotelnik, 上に引用される; Rutledge, 上に引用される]。3倍近位の (three-fold proximal) ピークが変動性の大部分を含有する (HVR5-10)。興味深いことに、2および5倍軸 (2 and 5 fold axis) に位置するループが同様に強い変動を示す。HVR1および2はキャプシドタンパク質のN末端領域 (X線構造中で分離されない) 中にあり、VP1タンパク質のN末端がビリオンの表面上に露出されていることを示唆する。

【0164】

リアルタイムPCRを使用して、既知のAAVのRep (一組) およびCap (二組) の高度に保存された領域に対するプライマーおよびプローブを使用して21匹のアカゲザ

ルの組織からのAAV配列を定量した。各データ点は個々の動物からの組織DNAからの分析を表す。これはAAV配列の広範な分布を確認したとは言え、量的分布は個々の動物間で異なった。動物の供給源および以前の病歴もしくは処置はアカゲザル中のAAV配列の分布に影響すると思われなかった。AAVを定量するのに使用した3つの異なる組のプライマーおよびプローブは一貫する結果を生じた。最高レベルのAAVは陽性であった13匹の動物について二倍体ゲノムあたり平均0.01コピーで腸間膜リンパ節中で一貫して見出された。肝および脾もまたウイルスDNAの高い豊富さを含有した。アカゲザル98E056の心、アカゲザル97E043の脾およびアカゲザルRQ4407の肝中のような非常に高いAAVの例が存在し、これらはそれぞれ二倍体ゲノムあたり1.5、3および20コピーのAAV配列を示した。比較的低レベルのウイルスDNAが末梢血単核細胞中で示され、組織中のデータが内在する血液成分によらないことを示唆した（データは示されない）。この方法は、検出がオリゴヌクレオチドおよびリアルタイムPCRプローブ双方に対する高い相同性を必要とするために、非ヒト霊長類に固有の全部のAAVを必ずしも捕捉できないことに注意すべきである。高い豊富さのAAV DNAを伴う動物からの組織をDNAハイブリダイゼーション技術により該DNAの分子状態についておよびin situハイブリダイゼーションによりその細胞分布についてさらに分析した。

【0165】

多様な動物から単離されたおよび同一動物の組織内のAAVプロウイルスフラグメント中で示される配列の変動の種類は、汎流行病の間もしくは一個体の感染内でさえ多くのRNAウイルスに関して起こる進化を連想させる。いくつかの状況において、野性型ウイルスの概念は迅速な複製および選択圧の存在下での突然変異の結果として進化する疑似種の群の存在により置き換えられた。一例は免疫学的および薬理学的圧に応答して進化するHIVによる感染である。逆転写酵素の低い忠実性およびプルーフリーディング能力の欠如ならびに非相同的および相同的組換えを包含するいくつかの機構がRNAウイルスにおける高い突然変異率に寄与する。

【0166】

AAVの疑似種の形成についての証拠は複数のクローン化されたプロウイルスフラグメントの系統的配列決定により本研究で具体的に説明された。事実、同一の配列は動物間もしくは動物内で単離されたいかなる伸長されたクローン内でも見出され得なかった。配列のこの進化の重要な一機構はより制限された数の腸管外（parenteral）ウイルス間の高い相同的組換え率であるようである。正味の結果は、異なる向性および血清学的特異性（すなわちとりわけそれが中和抗体に関する際に免疫学的応答を逃れる能力）を有し得る多数のキメラに至るCapタンパク質の超可変領域の広範囲の交換である。相同的組換えが起こり得る機構は不明である。1つの可能性は、AAV組み換え体への高感染多重度の間に記述されたとおり、多様な一本鎖AAVゲノムの+および-鎖が複製の間にアニーリングすることである。他の機構がAAV感染における配列進化に寄与しているかどうかは不明である。AAV複製の間に起こる全体的突然変異率は比較的低いようであり、また、データは高頻度の複製の誤りを示唆していない。しかしながら、AAVゲノムの実質的な再配列が不完全な干涉ウイルス粒子の形成につながる溶解感染の間に記述されている。配列の相違につながる機構に関係なく、いくつかを除いては、疑似種のvp1構造はフレームシフトもしくはナンセンス突然変異を伴わず無傷のままであり、適応度の最も好都合の特徴を伴うウイルスの競合的選択が個体群動態学に寄与することを示唆した。

【0167】

これらの研究は生物学および医学のいくつかの領域において意味を有する。以前はRNAウイルスに制限された特性であると考えられた迅速なウイルス進化の概念を、血清学的アッセイにより古典的に特徴づけられていたDNAウイルスで考慮すべきである。クレードと呼ばれる類似の構造および機能の一般的一群として分類される、HIVのようなその構造および生物学の複雑さを捉えるウイルス単離物の新たな記述方法を開発することが、パルボウイルスに関して重要であろう。代替の一戦略は血清学的特異性に関して単離物を分類しかつ血清学的グループ内の変異体を記述するための基準を開発することを継続す

ることである。

【実施例 3】

【0168】

多様な動物モデルにおける血清学のおよび遺伝子移入研究のための AAV2 rep および新規 AAV cap 遺伝子を含むキメラプラスミドを使用する AAV2 ITR を装備した組換え AAV ゲノムのベクター学。

【0169】

キメラパッケージング構築物を、AAV2 rep を新規 AAV 血清型の cap 配列と融合させることにより生成する。これらのキメラパッケージング構築物は、最初に、Ad5 ヘルパープラスミドを使用する 293 細胞における三重トランスフェクションにより AAV2 ITR を運搬する組換え AAV ゲノムをシュードタイピングするために使用する。これらのシュードタイピングされたベクターを使用して、これらの新規血清型の無傷のかつ感染性のウイルスが単離される前に、NHP およびげっ歯類を包含する多様な動物モデルにおいて形質導入に基づく血清学的研究における性能を評価しかつ新規 AAV 血清型の遺伝子移入効率を評価する。

A. pAAV2 GFP

構成的プロモーターの制御下で発現される AAV2 ITR および緑色蛍光タンパク質を含む AAV2 プラスミド。本プラスミドは以下の要素すなわち AAV2 ITR、CMV プロモーターおよび GFP コーディング配列を含む。

B. trans プラスミドのクローニング

組換えのシュードタイピングされた AAV7 ベクターの産生のためのキメラ trans プラスミドを構築するために、p5E18 プラスミド (Xiao ら、1999、J. Virol 73: 3994-4003) を Xho I で部分的に消化して 3169 bp の位置の Xho I 部位でのみプラスミドを直鎖状にした。Xho I 切断端をその後埋めかつ戻し連結した。この改変された p5E18 プラスミドを完全な消化にて Xba I および Xho I で制限して AAV2 cap 遺伝子配列を除去しかつ pCRAAV7 6-5+15-4 プラスミドから単離した AAV7 cap 遺伝子を含む 2267 bp の Spe I / Xho I フラグメントで置き換えた。

【0170】

生じるプラスミドは AAV2 P5 プロモーターの制御下に Rep78/68 の AAV2 rep 配列および AAV2 P19 プロモーターの制御下に Rep52/40 の AAV2 rep 配列を含む。AAV7 キャプシド配列は Rep 配列内に配置されている AAV2 P40 プロモーターの制御下にある。このプラスミドは rep ORD の 5' のスペーサーをさらに含む。

C. シュードタイピングされた rAAV の産生

アデノウイルスを用いない方法を使用して rAAV 粒子 (AAV7 キャプシド中の AAV2 ベクター) を生成させる。簡潔には、cis プラスミド (AAV2 ITR を含む pAAV2.1 lacZ プラスミド) ならびに trans プラスミド pCRAAV7 6-5+15-4 (AAV2 rep および AAV7 cap を含む) ならびにヘルパープラスミドそれぞれをリン酸カルシウム沈殿法により 1:1:2 の比で 293 細胞に同時にコトランスフェクトした。

【0171】

pAd ヘルパープラスミドの構築のため、pBG10 プラスミドをマイクロビックス (Microbix) (カナダ) から購入した。L2 および L3 を含む RsrII フラグメントを pBHG10 から欠失させて第一のヘルパープラスミド pAdΔF13 をもたらした。プラスミド AdΔF1 は、pBHG10 から単離する PmeI / SgfI 欠失を伴う Asp700 / SalI フラグメントを Bluescript にクローン化することにより構築した。MLP、L2、L2 および L3 を pAdΔF1 中で欠失させた。2.3 kb の NruI フラグメントおよびその後 0.5 kb の RsrII / NruI フラグメントのさらなる欠失はそれぞれヘルパープラスミド pAdΔF5 および pAdΔF6 を生成

10

20

30

40

50

させた。p Δ F 6 と命名されたヘルパープラスミドは、E 1 を発現するヘルパー細胞により提供されない E 2 a および E 4 O R F 6 の必須のヘルパー機能を提供するがしかしアデノウイルスキャプシドタンパク質および機能的 E 1 領域が欠失されている）。

【0172】

典型的には、50 μg の DNA (cis:trans:ヘルパー) を 150 mm 組織培養皿上でトランスフェクトした。293 細胞をトランスフェクション 72 時間後に収集し、超音波処理しかつ 0.5 % デオキシコール酸ナトリウムで処理した (37 °C 10 分間)。細胞ライセートをその後 2 回の CsCl 勾配にかけた。rAAV ベクターを含有するピーク画分を収集し、プールしかつ PBS に対し透析した。

【実施例 4】

【0173】

ヒトおよび NHP 由来細胞系における基本的ウイルス学の研究ならびに NHP および他の動物モデルにおける新規 AAV 血清型の病因の評価のための無傷の新規 AAV 血清型を運搬する感染性クロンの創製。

【0174】

本最終目標を達成するためにゲノム歩行体 (genome walker) 系を使用して 5' および 3' 末端配列 (ITR) ならびに無傷の新規 AAV 血清型のゲノムを含有するクロンの完全な構築を得る。

【0175】

簡潔には、商業的に入手可能なユニバーサルゲノムウォーカーキット (Universal Genome Walker Kit) [クロンテック (Clontech)] を利用して、AAV7 配列の存在について陽性と同定されるサル組織もしくは細胞系からのゲノム DNA を Dra I、EcoR V、Pvu II および Stu I エンドヌクレアーゼで消化しそしてゲノムウォーカーアダプター (Genome Walker Adaptor) に連結して 4 個の個別のゲノムウォーカーライブラリー (Genome Walker Libraries) (GWL) を生成させる。GWL からの DNA を鋳型として使用して、AAV7 および隣接ゲノム配列を、アダプタープライマー 1 (AP1、キット中で提供される) および AAV7 特異的プライマー 1 により PCR 増幅し、次いでアダプタープライマー 2 (AP2) および別の AAV7 特異的プライマー 2 (この双方は第一の組のプライマーに対し内的である) を使用してネステッド PCR を行うことができる。ネステッド PCR からの主要 PCR 産物をクローン化しかつ配列決定分析により特徴づける。

【0176】

本実験において、包括的 AAV ゲノムの 257 bp もしくは他のシグネチャフラグメントを包含するプライマーをヒトおよび NHP 由来細胞系から抽出された細胞 DNA の PCR 増幅に使用して、潜在 AAV 配列を同定かつ特徴づける。同定された潜在 AAV ゲノムを異なる種および株のアデノウイルスヘルパーを使用して陽性細胞系からレスキューする。

【0177】

NHP 由来細胞系から感染性 AAV クローンを単離するために、所望の細胞系を ATCC から得かつ PCR によりスクリーニングして 257 bp のアンプリコンすなわち本発明のシグネチャ領域を同定する。該 257 bp の PCR 産物をクローン化しそして配列決定分析により血清型分類する。AAV7 配列を含有するこれらの細胞系について、細胞を SV-15 (ATCC から購入したサルアデノウイルス)、ヒト Ad5 に感染させるか、もしくは AAV ヘルパー機能を司るヒト Ad 遺伝子を収容するプラスミド構築物でトランスフェクトする。感染もしくはトランスフェクション 48 時間後に細胞を収集しかつ AAV7 ゲノムのクローニングのために Xiao ら、1999、J. Virol、73:3994-4003 に従って Hirt DNA を調製する。

【実施例 5】

【0178】

AAVベクターの製造

AAV1/7についての実施例3のものに類似のシュードタイピング戦略を使用してAAV1、AAV5およびAAV8キャプシドタンパク質でパッケージングされたAAV2ベクターを製造した。簡潔には、AAV2 ITRを装備した組換えAAVゲノムを、cisプラスミド、アデノウイルスヘルパープラスミド、およびAAV2 rep遺伝子が新規AAV血清型のcap遺伝子に融合されているキメラパッケージング構築物での293細胞の三重トランスフェクションによりパッケージングした。キメラパッケージング構築物を創製するために、3169bpのp5E18プラスミドのXho I部位を除去しかつ改変されたプラスミドをXba IおよびXho Iで完全消化にて制限してAAV cap遺伝子を除去し、そしてAAV8 cap遺伝子を含有する2267bpのSpe I/Xho Iフラグメントでそれを置き換えた[Xiao, W. ら、(1999) J Virol 73、3994-4003]。類似のクローニング戦略をAAV2/1およびAAV2/5のキメラパッケージングプラスミドの創製に使用した。全部の組換えベクターは、単一段階ヘパリンクロマトグラフィーにより精製したAAV2/2を除き標準的CsCl₂沈降法により精製した。

10

【0179】

AAVベクターのゲノムコピー(GC)力価を、以前に記述された[Gao, G. ら、(2000) Hum Gene Ther 11、2079-91]ところのSV40ポリA領域を標的とするプローブおよびプライマーを使用するタックマン(TaqMan)分析により測定した。

20

【0180】

ベクターは多数のin vitroおよびin vivo研究のため各血清型について構築した。8種の異なるトランスジーンカセットをベクター中に組み込みそして組換えビリオンを各血清型について産生させた。ゲノムコピーに基づくウイルスの回収を下の表4に要約する。ベクターの収量は血清型間で一貫した差異を伴わず各血清型について高かった。該表に提示されるデータは50枚のプレート(150mm)のトランスフェクションの複数の製造ロットの標準誤差を伴う平均のゲノムコピー収量 $\times 10^{13}$ である。

【0181】

【表 6】

表4. 組換えベクターの製造

	AAV2/1	AAV2/2	AAV2/5	AAV2/7	AAV2/8
CMV LacZ	7.30 ± 4.33 (n=9)	4.49 ± 2.89 (n=6)	5.19 ± 5.19 (n=8)	3.42 (n=1)	0.87 (n=1)
CMV EGFP	6.43 ± 2.42 (n=2)	3.39 ± 2.42 (n=2)	5.55 ± 6.49 (n=4)	2.98 ± 2.66 (n=2)	3.74 ± 3.88 (n=2)
TBG LacZ	4.18 (n=1)	0.23 (n=1)	0.704 ± 0.43 (n=2)	2.16 (n=1)	0.532 (n=1)
Alb A1AT	4.67 ± 0.75 (n=2)	4.77 (n=1)	4.09 (n=1)	5.04 (n=1)	2.02 (n=1)
CB A1AT	0.567 (n=1)	0.438 (n=1)	2.82 (n=1)	2.78 (n=1)	0.816 ± 0.679 (n=2)
TBG rhCG	8.51 ± 6.65 (n=6)	3.47 ± 2.09 (n=5)	5.26 ± 3.85 (n=4)	6.52 ± 3.08 (n=4)	1.83 ± 0.98 (n=5)
TBG cFIX	1.24 ± 1.29 (n=3)	0.63 ± 0.394 (n=6)	3.74 ± 2.48 (n=7)	4.05 (n=1)	15.8 ± 15.0 (n=5)

【実施例 6】

【0182】

シュードタイピングされたベクターの血清学的分析

C57BL/6 マウスに多様な血清型の AAVCBA1AT ベクターのベクターを筋肉内に注入し (5×10^{11} GC) そして血清サンプルを 34 日後に収集した。各血清型の AAV に対する血清の中和および交差中和活性を試験するために、血清を形質導入に基づく中和抗体アッセイ [Gao, G. P. ら、(1996) J Virol 70、8934-43] で分析した。より具体的には、中和抗体の存在は 84-31 細胞の形質導入を阻害する血清の能力を多様な血清型のレポーターウイルス (AAVCMVEGFP) により評価することにより測定した。とりわけ、[指標細胞の 90% の形質導入に至った感染多重度 (MOI) の] 各血清型のレポーターウイルス AAVCMVEGFP は、多様な血清型の AAV を受領した動物もしくはナイーブなマウスからの熱不活性化血清とともに前インキュベートした。37°C で 1 時間インキュベーション後にウイルスを 96 ウェルプレート中の 84-31 細胞にウイルスの血清型に依存して 48 もしくは 72 時間添加した。GFP の発現をフルオロイメジン (FluoroImagin) (モレキュラー ダイナミクス (Molecular Dynamics)) により測定しそして Image Quant ソフトウェアにより定量した。中和抗体力価は、形質導入を 50% 未満まで阻害した最高の血清希釈として報告した。

【0183】

GFP を発現するベクターの利用可能性は、許容性細胞系 (すなわち Ad5 からの E4 を安定に発現する 293 細胞) における形質導入の阻害に基づく中和抗体に関するアッセイの開発を単純化した。選択された AAV 血清型に対する血清が組換えウイルスの筋肉内注入により生成された。抗血清の 1:20 および 1:80 希釈による AAV 形質導入の中和を評価した (下の表 5 を参照されたい)。AAV1、AAV2、AAV5 および AAV8 に対する抗血清は、それに対し抗血清が生成された血清型の形質導入を中和した (AAV5 および AAV8 は AAV1 および AAV2 より少ない程度まで) が、しかし他の血清

型に対してはしなかった（すなわち、交差中和の証拠は存在せず、AAV8が真に独特の血清型であることを示唆した）。

【0184】

【表7】

表5. 新たなAAV血清型の血清学的分析

		AAVCMVEGFPウイルスへの84-31細胞での感染%									
		AAV2/1		AAV2/2		AAV2/5		AAV2/7		AAV2/8	
		血清希釈:		血清希釈:		血清希釈:		血清希釈:		血清希釈:	
血清:	免疫感作ベクター	1/20	1/80	1/20	1/80	1/20	1/80	1/20	1/80	1/20	1/80
群1	AAV2/1	0	0	100	100	100	100	100	100	100	100
群2	AAV2/2	100	100	0	0	100	100	100	100	100	100
群3	AAV2/5	100	100	100	100	16.5	16.5	100	100	100	100
群4	AAV2/7	100	100	100	100	100	100	61.5	100	100	100
群5	AAV2/8	100	100	100	100	100	100	100	100	26.3	60

【0185】

52名の正常被験体からのヒト血清を選択された血清型に対する中和についてスクリーニングした。いずれの血清サンプルもAAV2/7およびAAV2/8を中和することは見出されなかった一方、AAV2/2およびAAV2/1ベクターはそれぞれ血清の20%および10%で中和された。60, 000の個別サンプルの収集物を代表するヒトのプールされたIgGの一画分はAAV2/7およびAAV2/8を中和しなかった一方、AAV2/2およびAAV2/1ベクターはそれぞれ1/1280および1/640に等しい血清力価で中和された。

【実施例7】

【0186】

多様な血清型のAAVベクターのin vivo評価

本研究において、組換えAAVゲノム、AAV2CBhA1AT、AAV2AlbA1AT、AAV2CMVrhCG、AAV2TBGrhCG、AAV2TBGcF1X、AAV2CMVLacZおよびAAV2TBGLacZを多様な血清型のキャプシドタンパク質でパッケージングした。全7種の構築物中でミニ遺伝子カセットはAAV2ITRで隣接された。ヒトα-アンチトリプシン(A1AT) [Xiao, W. ら、(1999) J Virol 73, 3994-4003] アカゲザル絨毛性ゴナドトロピンホルモンのβ-サブユニット(CG) [Zoltick, P. W. とWilson, J. M. (2000) Mol Ther 2, 657-9] イヌ第IX因子[Wang, L. ら、(1997) Proc Natl Acad Sci U S A 94, 11563-6] および細菌β-ガラクトシダーゼ(すなわちLacZ) 遺伝子のcDNAをレポーター遺伝子として使用した。肝に向けられた遺伝子移入については、マウスアルブミン遺伝子プロモーター(Alb) [Xiao, W. (1999)、上で引用される] もしくはヒト甲状腺ホルモン結合グロブリン遺伝子プロモーター(TBG) [Wang (1997)、上で引用される] のいずれかを使用してレポーター遺伝子の肝特異的発現を駆動した。筋に向けられた遺伝子移入実験においては、サイトメガロウイルス初期プロモーター(CMV) もしくはCMVエンハンサーを伴うニワトリβ-アクチンプロモーター(CB) のいずれかを使用してレポーターの発現を指図した。

【0187】

筋に向けられた遺伝子移入のため、ベクターを4~6週齢のNCRヌードもしくはC57BL/6マウス(タコニック(Taconic)、ニューヨーク州ジャーマンタウン)の右前脛骨筋に注入した。肝に向けられた遺伝子移入研究では、ベクターを7~9週齢のNCRヌードもしくはC57BL/6マウス(タコニック(Taconic)、ニューヨーク州ジャーマンタウン)に腹腔内に注入した。血清サンプルをベクター投与後の多様な

時間点に眼窩内で収集した。筋および肝組織を、lacZベクターを受領した動物から低温切開およびXgal組織化学的染色のため多様な時間点に収集した。再投与実験のため、C57BL/6マウスは当初AAV2/1、2/2、2/5、2/7および2/8CBAA1ATベクターを筋肉内に受領しそしてA1AT遺伝子発現について7週間追跡した。その後動物をAAV2/8TBGcFIXで門脈内で処理しかつcFIX遺伝子発現について研究した。

【0188】

ELISAに基づくアッセイを実施して以前に記述されたとおり[Gao, G. P. ら、(1996) J Virol 70、8934-43; Zoltick, P. W. とWilson, J. M. (2000) Mol Ther 2、657-9; Wang, L. ら、Proc Natl Acad Sci U S A 94、11563-6] hA1AT、rhCGおよびcFIXタンパク質の血清レベルを定量した。該実験は、DNA抽出、ならびにベクター調製物の力価測定[Zhang, Y. ら、(2001) Mol Ther 3、697-707]でと同一の組のプライマーおよびプローブを使用するタックマン(TaqMan)による標的組織中に存在するベクターのゲノムコピーの定量分析のための筋および肝組織の収集のために動物を殺して完了した。

【0189】

新たな血清型に基づくベクターの性能を筋および肝に向けられた遺伝子移入のマウスモデルで評価し、そして既知の血清型AAV1、AAV2およびAAV5に基づくベクターと比較した。分泌型タンパク質(α-アンチトリプシン(A1AT)および絨毛性ゴナドトロピン(CG))を発現するベクターを使用して、血清のELISA分析により異なる血清型間の相対的形質導入効率を定量化した。標的器官内の形質導入の細胞分布はlacZ発現ベクターおよびXgal組織化学を使用して評価した。

【0190】

骨格筋におけるAAVベクターの性能を前脛骨筋への直接注入後に分析した。ベクターは、トランスジーンの発現を駆動するCMVの前初期遺伝子もしくはCMVで増強されたβ-アクチンプロモーターを伴う同一のAAV2に基づくゲノムを含有した。以前の研究は、免疫適格性のC57BL/6マウスはAAVベクターから発現される場合にヒトA1ATタンパク質に対する制限された体液性応答を導き出すことを示した[Xiao, W. ら、(1999) J Virol 73、3994-4003]。

【0191】

各系統において、AAV2/1ベクターは最高レベルのA1ATおよび最低のAAV2/2ベクターを産生し、AAV2/7およびAAV2/8ベクターは中間レベルの発現を示した。nu/nu NCRマウスの注入28日後のCGのピークレベルはAAV2/7からの最高レベルおよびAAV2/2からの最低を示し、AAV2/8およびAAV2/1は中間であった。AAV2/1およびAAV2/7 lacZベクターの注入は全筋線維中で注入部位で遺伝子発現を生じさせ、実質的により少ないlacZ陽性線維がAAV2/2およびAAV2/8ベクターで観察された。これらのデータは、骨格筋におけるAAV2/7ベクターでの形質導入の効率が、以前に記述された血清型のうち骨格筋で最も効率的であるAAV2/1[Xiao, W. (1999)、上で引用される; Chao, H. ら、(2001) Mol Ther 4、217-22; Chao, H. ら、(2000) Mol Ther 2、619-23]で得られたものに類似であることを示す。

【0192】

同様のマウスモデルを使用して肝に向けられた遺伝子移入を評価した。同一用量の、ゲノムコピーに基づくベクターをマウスの門脈に注入し、これをその後トランスジーンの発現について分析した。各ベクターは、トランスジーンを発現を駆動するために以前に記述された肝特異的プロモーター(すなわちアルブミンもしくは甲状腺ホルモン結合グロブリン)を使用するAAV2に基づくゲノムを含有した。より具体的には、CMVCGおよびTBGCGミニ遺伝子カセットをそれぞれ筋および肝に向けられた遺伝子移入に使用した。rhCGのレベルを相対単位(RU×10³)として定義した。データはベクター投与

後第28日に収集した血清サンプルをアッセイすることからであった（1群あたり4動物）。表3に示されるとおり、nu/nuおよびC57BL/6マウスにおけるA1ATベクターならびにC57BL/6マウスにおけるCGベクターの形質導入の効率に対するキヤプシドタンパク質の影響は一貫していた（表6を参照されたい）。

【0193】

【表8】

表6:アカゲサル絨毛性ゴナドトロピン(rhCG)のβ-ユニットの発現

ベクター	筋	肝
AAV2/1	4.5 ± 2.1	1.6 ± 1.0
AAV2	0.5 ± 0.1	0.7 ± 0.3
AAV2/5	ND*	4.8 ± 0.8
AAV2/7	14.2 ± 2.4	8.2 ± 4.3
AAV2/8	4.0 ± 0.7	76.0 ± 22.8

*本実験で測定されない

10

【0194】

全部の場合で、AAV2/8ベクターは、AAV2/2ベクターで得られたものより16から110まで大きい範囲にわたる最高レベルのトランスジーン発現を生じ；AAV2/5およびAAV2/7ベクターからの発現は中間であり、AAV2/7がAAV2/5より高かった。対応するlacZベクターを受領した動物のX-Gal染色された肝切片の分析は、形質導入された細胞の数とトランスジーン発現の全体的レベルとの間の相関を示した。A1ATベクターを受領したC57BL/6マウスの肝から抽出されたDNAをリアルタイムPCR技術を使用してベクターDNAの豊富さについて分析した。

【0195】

注入56日後の肝で見出されたベクターDNAの量はトランスジーン発現のレベルと相関した（表7を参照されたい）。本実験について、ベクターゲノムのSV40ポリA領域を標的とする一組のプロープおよびプライマーをタックマン（TaqMan）PCRに使用した。示される値は3個体の動物の標準偏差を伴う平均である。動物を第56日に殺してDNA抽出のため肝組織を収集した。これらの研究は、AAV8が、形質導入された肝細胞の増大された数により、肝に向けられた遺伝子移入に最も効率的なベクターであることを示す。

【0196】

20

30

【表 9】

表7-1x10¹¹ゲノムコピーのベクターの注入後のnu/nuマウス肝における
AAVベクターの豊富さについてのリアルタイムPCR分析

AAVベクター/投与	細胞あたりゲノムコピー
AAV2/1A1bA1AT	0.6 ± 0.36
AAV2A1bA1AT	0.003 ± 0.001
AAV2/5A1bA1AT	0.83 ± 0.64
AAV2/7A1bA1AT	2.2 ± 1.7
AAV2/8A1bA1AT	18 ± 11

10

【0197】

上述された血清学的データはAAV2/8ベクターが他の血清型での免疫感作後に *in vivo* で中和されないことを示唆する。C57BL/6マウスは、それらが多様な血清型のA1ATベクターの筋肉内注入を受領した56日後にイヌ第IX因子を発現するAAV2/8ベクター（10¹¹ゲノムコピー）の門脈内注入を受領した。高レベルの第IX因子発現がナイーブな動物へのAAV2/8の注入14日後に得られ（17 ± 2 μg/ml、n = 4）、これはAAV2/1（31 ± 23 μg/ml、n = 4）、AAV2/2（16 μg/ml、n = 2）およびAAV2/7（12 μg/ml、n = 2）で免疫した動物で観察されたものと有意に異ならなかった。これは、検出可能な第IX因子が観察されなかった（< 0.1 μg/ml、n = 4）AAV2/8第IX因子ベクターを注入したAAV2/8で免疫した動物で観察されたものと対照をなす。

20

【0198】

cap遺伝子の保存された領域に対するオリゴヌクレオチドは独特のAAVを表すアカゲザルからの配列を増幅した。同一のcapシグネチャ配列が最低2個の異なるコロニー由来のアカゲザルからの複数の組織で見出された。完全長のrepおよびcap読み取り枠を単一供給源から単離しかつ配列決定した。新規AAVのcap読み取り枠のみがベクターとしてのそれらの潜在能力を評価するのに必要であった。AAV7もしくはAAV8キャプシドをもつベクターはAAV2からのITRおよびrepを使用して生成されたためである。実際のベクターゲノムは異なるベクター血清型間で同一であるため、これは多様なベクターの比較もまた単純化する。事実、このアプローチを使用して生成された組換えベクターの収量は血清型間で異ならなかった。

30

【0199】

AAV7およびAAV8に基づくベクターは免疫学的に異なる（すなわちそれらは他の血清型に対し生成された抗体により中和されない）ようである。さらに、ヒトからの血清はAAV7およびAAV8ベクターによる形質導入を中和せず、これは、それに対してヒト集団のかかなりの比率が中和する既存の免疫を有する現在開発中のヒト由来AAVを上回る大きな利点である [Chirmule, N. ら、(1999) Gene Ther 6、1574-83]。

40

【0200】

各新たなベクターの向性は *in vivo* の応用に好都合である。AAV2/7ベクターは、今日まで試験された霊長類AAVの骨格筋で最高レベルの形質導入を賦与する血清型であるAAV2/1と同じくらい効率的に骨格筋を形質導入するようである [Xiao, W.、上に引用される; Chou (2001)、上に引用される、およびChou (2

50

000)、上に引用される]。重要なことに、AAV2/8は、安定に形質導入された肝細胞の数に関して現在まで比較的失望させるものであった肝への遺伝子移入の効率に関して他の血清型を上回る大きな利点を提供する。AAV2/8は他のベクターに比較して遺伝子移入効率の10ないし100倍の向上を一貫して達成した。AAV2/8の向上された効率の基礎は不明であるが、とは言えそれはおそらく肝細胞の基底外側表面上でより活性である異なる受容体を介する取り込みによるであろう。この向上された効率は、尿素回路障害および家族性高コレステロール血症のような形質導入される細胞の数が決定的に重要である肝に向けられた遺伝子移入の開発において極めて有用であろう。

【0201】

従って、本発明はゲノム配列のPCR回復に基づく新たなAAVを単離するための新規アプローチを提供する。増幅された配列はベクター中に容易に組込まれそして動物中で試験された。AAV7に対する既存の免疫の欠如および筋に対する該ベクターの好都合の向性は、AAV7がヒト遺伝子治療および他の*in vivo*の応用におけるベクターとしての使用に適することを示す。同様に、本発明のAAV血清型に対する既存の免疫の欠如およびそれらの向性は、それらを治療的分子および他の有用な分子の送達において有用にする。

【実施例8】

【0202】

【実施例9】

【0203】

組織向性研究

新規AAV構築物のための高スループット機能的スクリーニングスキームの設計において、非組織特異的および高度に活性のプロモーター、CBプロモーター(CMVで増強されたニワトリβアクチンプロモーター)を、容易に検出可能かつ定量可能なレポーター遺伝子、ヒトαアンチトリプシン遺伝子を駆動するために選択した。かように、各新たなAAVクローンについて唯一のベクターを、特定のAAV構築物の組織向性についてスクリーニングするための3つの異なる組織すなわち肝、肺および筋を標的とする遺伝子移入研究のために作成する必要がある。以下の表は組織向性研究における4種の新規AAVベクターから生成されたデータを要約し(AAVCBA1AT)、これから新規AAVキャプシドクローン44.2が、とりわけ肺組織での大きな優勢を伴い全3組織中で非常に強力な遺伝子移入ベヒクルであることが見出された。表8は試験の第14日に得られたデータ(μg A1AT/mL血清で)を報告する。

【0204】

【表10】

表8

ベクター	標的組織		
	肺	肝	筋
AAV2/1	ND	ND	45±11
AAV2/5	0.6±0.2	ND	ND
AAV2/8	ND	84±30	ND
AAV2/rh.2 (43.1)	14±7	25±7.4	35±14
AAV2/rh.10 (44.2)	23±6	53±19	46±11
AAV2/rh.13 (42.2)	3.5±2	2±0.8	3.5±1.7
AAV2/rh.21 (42.10)	3.1±2	2±1.4	4.3±2

10

20

30

40

50

【0205】

一対の他の実験をその後実施して肺組織中でのAAV 44.2の優れた向性を確認した。最初に、肺特異的発現のためのCC10hA1ATミニ遺伝子を運搬する新規AAVのキャプシドでシュードタイピングしたAAVベクターを、以下の表で提供されるところの気管内注入を介して等容量（希釈を伴わない元の調製物各50 μ l）で免疫不全動物（NCRヌード）に投与した。表9において、マウスあたり各元の調製物50 μ l、NCRヌード、検出限界 $\geq 0.033\mu\text{g/ml}$ 、第28日

【0206】

【表11】

10

表9

ベクター	50 μ l ベクター中の 全GC	50 μ lベクターでの A1AT/mlの μg	1 $\times 10^{11}$ ベクターでの A1AT/mlの μg	rh.10(クローン44.2) と比較した相対 的遺伝子移入
2/1	3 $\times 10^{12}$	2.6 $\pm$ 0.5	0.09 $\pm$ 0.02	2.2
2/2	5.5 $\times 10^{11}$	<0.03	<0.005	<0.1
2/5	3.6 $\times 10^{12}$	0.65 $\pm$ 0.16	0.02 $\pm$ 0.004	0.5
2/7	4.2 $\times 10^{12}$	1 $\pm$ 0.53	0.02 $\pm$ 0.01	0.5
2/8	7.5 $\times 10^{11}$	0.9 $\pm$ 0.7	0.12 $\pm$ 0.09	2.9
2/ch.5 (A.3.1)	9 $\times 10^{12}$	1 $\pm$ 0.7	0.01 $\pm$ 0.008	0.24
2/rh.8 (43.25)	4.6 $\times 10^{12}$	26 $\pm$ 21	0.56 $\pm$ 0.46	13.7
2/rh.10 (44.2)	2.8 $\times 10^{12}$	115 $\pm$ 38	4.1 $\pm$ 1.4	100
2/rh.13 (42.2)	6 $\times 10^{12}$	7.3 $\pm$ 0.8	0.12 $\pm$ 0.01	2.9
2/rh.21 (42.10)	2.4 $\times 10^{12}$	9 $\pm$ 0.9	0.38 $\pm$ 0.04	9.3
2/rh.22 (42.11)	2.6 $\times 10^{12}$	6 $\pm$ 0.4	0.23 $\pm$ 0.02	5.6
2/rh.24 (42.13)	1.1 $\times 10^{11}$	0.4 $\pm$ 0.3	0.4 $\pm$ 0.3	1

20

【0207】

該ベクターを表10に示されるとおり等ゲノムコピー（ 1×10^{11} GC）で免疫適格性の動物（C57BL/6）にもまた投与した。（動物あたり 1×10^{11} GC、C57BL/6、第14日、検出限界 $\geq 0.033\mu\text{g/ml}$ ）

30

【0208】

【表 1 2】

表10

AAVベクター	1×10 ¹¹ ベクターでの A1AT/mlのμg	rh.10(クローン44.2)と比較した 相対的遺伝子移入
2/1	0.076±0.031	2.6
2/2	0.1±0.09	3.4
2/5	0.084±0.033	2.9
2/7	0.33±0.01	11
2/8	1.92±1.3	2.9
2/ch.5 (A.3.1)	0.048±0.004	1.6
2/rh.8 (43.25)	1.7±0.7	58
2/rh.10 (44.2)	2.93±1.7	100
2/rh.13 (42.2)	0.45±0.15	15
2/rh.21 (42.10)	0.86±0.32	29
2/rh.22 (42.11)	0.38±0.18	13
2/rh.24 (42.13)	0.3±0.19	10

10

【0 2 0 9】

20

双方の実験からのデータは肺に向けられた遺伝子移入におけるクローン 4 4 . 2 の優秀な向性を確認した。

【0 2 1 0】

興味深いことに、肝および筋に向けられた遺伝子移入におけるクローン 4 4 . 2 の性能もまた、最良の肝の形質導入体 A A V 8 および最良の筋の形質導入体 A A V 1 のものに近く傑出しており、この新規 A A V が何らかの魅力的な生物学的意義を有することを示唆した。

【0 2 1 1】

それら新規 A A V の血清学的特性を研究するために、シュードタイピングされた A A V G F P ベクターを、ウサギの免疫感作ならびに多様なキャプシドに対する抗血清の存在および非存在下での 8 4 - 3 1 細胞の *i n v i t r o* 形質導入のため創製した。データを下に要約する：

30

【0 2 1 2】

【表 1 3】

表11a. 8431細胞における交差NABアッセイおよびアデノウイルス(Adv)共感染
8431細胞(Advに共感染した)における感染:

以下で免疫した ウサギからの血清:	10 ⁹ GC	10 ⁹ GC	10 ⁹ GC	10 ¹⁰ GC
	<i>rh.13</i>	<i>rh.21</i>	<i>rh.22</i>	<i>rh.24</i>
	AAV2/42.2	AAV2/42.10	AAV2/42.11	AAV2/42.13
AAV2/1	1/20	1/20	1/20	No NAB
AAV2/2	1/640	1/1280	1/5120	No NAB
AAV2/5	No NAB	1/40	1/160	No NAB
AAV2/7	1/81920	1/81920	1/40960	1/640
AAV2/8	1/640	1/640	1/320	1/5120
<i>Ch.5</i> AAV2/A3	1/20	1/160	1/640	1/640
<i>rh.8</i> AAV2/43.25	1/20	1/20	1/20	1/320
<i>rh.10</i> AAV2/44.2	No NAB	No NAB	No NAB	1/5120
<i>rh.13</i> AAV2/42.2	1/5120	1/5120	1/5120	No NAB
<i>rh.21</i> AAV2/42.10	1/5120	1/10240	1/5120	1/20
<i>rh.22</i> AAV2/42.11	1/20480	1/20480	1/40960	No NAB
<i>rh.24</i> AAV2/42.13	No NAB	1/20	1/20	1/5120

【 0 2 1 3】

【表 1 4】

表11b. 8431細胞における交差NABアッセイおよびAdv共感染
8431細胞(Advに共感染した)における感染:

以下で免疫した ウサギからの血清	10 ⁹ GC	10 ¹⁰ GC	10 ¹⁰ GC	10 ⁹ GC	10 ⁹ GC
	<i>rh.12</i>	<i>ch.5</i>	<i>rh.8</i>	<i>rh.10</i>	<i>rh.20</i>
	AAV2/42.1B	AAV2/A3	AAV2/43.25	AAV2/44.2	AAV2/42.8.2
AAV2/1	No NAB	1/20480	No NAB	1/80	ND
AAV2/2	1/20	No NAB	No NAB	No NAB	ND
AAV2/5	No NAB	1/320	No NAB	No NAB	ND
AAV2/7	1/2560	1/640	1/160	1/81920	ND
AAV2/8	1/10240	1/2560	1/2560	1/81920	ND
<i>ch.5</i> AAV2/A3	1/1280	1/10240	ND	1/5120	1/320
<i>rh.8</i> AAV2/43.25	1/1280	ND	1/20400	1/5120	1/2560
<i>rh.10</i> AAV2/44.2	1/5120	ND	ND	1/5120	1/5120
<i>rh.13</i> AAV2/42.2	1/20	ND	ND	No NAB	1/320
<i>rh.21</i> AAV2/42.10	1/20	ND	ND	1/40	1/80
<i>rh.22</i> AAV2/42.11	No NAB	ND	ND	ND	No NAB
<i>rh.24</i> AAV2/42.13	1/5120	ND	ND	ND	1/2560

【 0 2 1 4】

【表 15】

表12

ウサギ血清の力価			追加免疫後の 力価
ベクター		力価 d21	
ch.5	AAV2/A3	1/10,240	1/40,960
rh.8	AAV2/43.25	1/20,400	1/163,840
rh.10	AAV2/44.2	1/10,240	1/527,680
rh.13	AAV2/42.2	1/5,120	1/20,960
rh.21	AAV2/42.10	1/20,400	1/81,920
rh.22	AAV2/42.11	1/40,960	ND
rh.24	AAV2/42.13	1/5,120	ND

10

【0215】

【表 16】

表13a. 8431細胞(Advに共感染した)におけるGEPへの感染

	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル
						<i>ch.5</i>
	AAV2/1	AAV2/2	AAV2/5	AAV2/7	AAV2/8	AAV2/A3
#GFU/ フィールド	128	>200	95	56	13	1
	83	>200	65	54	11	1

20

【0216】

【表 17】

表13b. 8431細胞(Advに共感染した)におけるGFPへの感染

	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル	10 ⁹ GC/ウェル
	<i>rh.8</i>	<i>rh.10</i>	<i>rh.13</i>	<i>rh.21</i>	<i>rh.22</i>	<i>rh.24</i>	<i>rh.12</i>
	AAV2/43.25	AAV2/44.2	AAV2/42.2	AAV2/42.10	AAV2/42.11	AAV2/42.13	AAV2/42.1B
#GFU/ フィールド	3	13	54	62	10	3	18
	2	12	71	60	14	2	20
			48	47	16	3	12

30

【実施例 10】

【0217】

家族性高コレステロール血症のマウスモデル

以下の実験は本発明の AAV2/7 構築物が家族性高コレステロール血症の動物モデルにおいて血漿コレステロールおよびトリグリセリドのレベルを低下させるのに十分な量で LDL 受容体を送達しかつ LDL 受容体を発現することを示す。

40

A. ベクター構築

AAV7 もしくは AAV8 キャプシドタンパク質でパッケージングされた AAV ベクターをシュードタイピング戦略 [Hildinger M ら、J. Virol 2001; 75: 6199-6203] を使用して構築した。AAV2 逆方向末端反復配列 (ITR) をもつ組換え AAV ゲノムを、cis プラスミド、アデノウイルスヘルパープラスミドおよびキメラパッケージング構築物すなわち新規 AAV 血清型のキャプシドの AAV2 の rep 遺伝子との融合物での 293 細胞の三重トランスフェクションによりパッケージングした。キメラパッケージングプラスミドは以前に記述されたとおり [Hildinger ら、上に引用される] 構築した。組換えベクターは標準的 CsCl₂ 沈降法により精製した。収量を決定するために、ベクターの SV40 ポリ (A) 領域を標的とするプローブ

50

およびプライマー [Gao GPら、Hum Gene Ther. 2000 Oct 10; 11(15): 2079-91] を使用してタックマン (TaqMan) (アプライド バイオシステムズ (Applied Biosystems)) 分析を実施した。生じるベクターはヒト甲状腺ホルモン結合グロブリン遺伝子プロモーター (TBG) の制御下にトランスジーンを発現する。

B. 動物

C57BL/6 背景の LDL 受容体欠損マウスはジャクソン ラボラトリー (Jackson Laboratory) (米国メイン州バーハーバー) から購入し、そして繁殖コロニーとして維持した。マウスはベクター注入 3 週間前に開始して水への制限されない接近手段を与えられかつ高脂肪ウェスタンダイエット (Western Diet) (高 % コレステロール) を得た。第 7 日ならびに第 0 日に後眼窩出血を介して血液を得そして脂質プロファイルを評価した。マウスを 7 群に無作為に分割した。ベクターは以前に記述されたとおり ([Chen SJら、Mol Therapy 2000; 2(3), 256-261] 門脈内注入を介して注入した。簡潔には、マウスをケタミンおよびキシラジンで麻酔した。開腹術を実施しかつ門脈を露出させた。30 g の針を使用して 100 μ l の PBS で希釈した適切な用量のベクターを門脈中に直接注入した。注入部位に圧を適用して出血の停止を確実にした。皮膚創傷を閉鎖しかつ滅菌した布で覆い、そしてマウスをその後の日の間慎重にモニターした。血液脂質を測定するために、肝に向けられた遺伝子移入後第 14 日に開始して毎週採血を実施した。各群の 2 動物をベクター注入後第 6 週および第 12 週の時点で殺してアテローム硬化性プラークの大きさならびに受容体発現を検査した。残存するマウスは第 20 週にプラーク測定およびトランスジーン発現の測定のため殺した。

【0218】

【表 18】

表 14

	ベクター	用量	n
群 1	AAV2/7-TBG-hLDLr	1x 10 ¹² gc	12
群 2	AAV2/7-TBG-hLDLr	3x 10 ¹¹ gc	12
群 3	AAV2/7-TBG-hLDLr	1x 10 ¹¹ gc	12
群 4	AAV2/8-TBG-hLDLr	1x 10 ¹² gc	12
群 5	AAV2/8-TBG-hLDLr	3x 10 ¹¹ gc	12
群 6	AAV2/8-TBG-hLDLr	1x 10 ¹¹ gc	12
群 7	AAV2/7-TBG- LacZ	1x 10 ¹¹ gc	16

【0219】

C. 血清リポタンパク質および肝機能分析

血液サンプルは 6 時間の絶食期間後に後眼窩叢から得た。遠心分離により血漿から血清を分離した。血漿リポタンパク質および血清中の肝トランスアミナーゼの量を自動化臨床検査分析装置 (ACE、スキヤパレリ バイオシステムズ (Schiaapparelli Biosystems)、アルファ ワッセルマン (Alpha Wasserman)) を使用して検出した。

D. トランスジーン発現の検出

LDL 受容体発現を免疫蛍光染色およびウェスタンブロッティングにより評価した。ウェスタンブロッティングのためには、凍結肝組織を溶解緩衝液 (20 mM トリス、pH 7

4、130 mM NaCl、1%トリトン (T r i t o n) X 100、プロテイナーゼインヒビター (完全、EDTAを含まない、ロシュ (R o c h e)、ドイツ・マンハイム) とともにホモジェナイズした。タンパク質濃度はマイクロBCAタンパク質アッセイ試薬キット (ピアース (P i e r c e)、イリノイ州ロックフォード) を使用して測定した。40 μ g のタンパク質を4~15% トリス-HCl レディゲル (R e a d y G e l) (バイオラッド (B i o r a d)、カリフォルニア州ハーキュリーズ) 上で分離しそしてニトロセルロースメンブレン (インヴィトロジェン (I n v i t r o g e n)、) に転写した。抗hLDL受容体抗体を生成させるため、ウサギにAdhLDL r 調製物 (1×10^{13} GC) を静脈内に注入した。4週後にウサギ血清を得そしてウェスタンブロットに使用した。血清の100倍希釈物を一次抗体として、次いでHRP結合抗ウサギIgG およびECL化学発光検出 (ECL ウェスタンブロット検出キット、アマーシャム (A m e r s h a m)、イリノイ州アーリントンハイツ) を使用した。

10

E. 免疫細胞化学

凍結肝切片中のLDL受容体発現の測定のために免疫組織化学分析を実施した。10 μ mのクライオスタット切片は、アセトン中で5分間固定したかもしくは固定しないかのどちらかであった。ブロッキングは10%のヤギ血清との1時間のインキュベーション期間を介して得た。その後切片を一次抗体とともに室温で1時間インキュベートした。ウサギポリクローナル抗体抗ヒトLDL (バイオメディカル テクノロジーズ インク (B i o m e d h i c a l T e c h n o l o g i e s I n c.)、マサチューセッツ州スタウトン) を製造元の説明書に従って使用し希釈した。切片をPBSで洗浄しそして100倍希釈されたフルオレセインヤギ抗ウサギIgG (シグマ (S i g m a)、ミズーリ州セントルイス) とともにインキュベートした。試料を最後に蛍光顕微鏡ニコン (N i k o n) マイクロフォト (M i c r o p h o t) -FXA下で検査した。全部の場合で各インキュベーション後にPBSで徹底的に洗浄した。陰性対照はPBSでの前インキュベーション、一次抗体の省略、およびアイソタイプを適合させた非免疫対照抗体による一次抗体の置換よりなった。上で挙げられた3つの型の対照は各実験について同一日に実施した。

20

F. 遺伝子移入効率

肝組織を指定された時点でマウスを殺した後に得た。組織を液体窒素中でショック凍結させ (s h o c k f r o z e n) そしてさらなる処理 (p r o c e s s i n g) まで-80℃で保存した。DNAを製造元のプロトコルに従いキアアンプ (Q I A a m p) DNAミニキット (キアゲン有限責任会社 (Q I A G E N G m b H)、ドイツ) を使用して肝組織から抽出した。肝組織中のAAVベクターのゲノムコピーを、上述されたところのSV40ポリ (A) 尾部に対するプローブおよびプライマーを使用するタックマン (T a q m a n) 分析を使用して評価した。

30

G. アテローム硬化性プラーク測定

マウス大動脈中のアテローム硬化性プラークの定量化のためにマウスを麻酔し (10% ケタミンおよびキシラジン、i p)、開胸しかつ動脈系を氷冷リン酸緩衝生理的食塩水で左心室を通して灌流した。その後大動脈を慎重に採取し、大動脈弓から大腿動脈まで腹側正中線に沿って細長く切りかつホルマリン中で固定した。脂質豊富なアテローム硬化性プラークをズダンIV (シグマ (S i g m a)、ドイツ) で染色しそして大動脈を黒色蠟表面上に平坦にピンで止めた。画像をソニー (S o n y) DXC-960MDカラービデオカメラで記録した。プラークならびに完全な大動脈表面の面積をフェーズ3イメージングシステム (P h a s e 3 I m a g i n g S y s t e m) (メディア サイバネティックス (M e d i a C y b e r n e t i c s)) を使用して測定した。

40

H. I^{125} LDLの消失

実験群あたり2動物を試験した。 I^{125} 標識LDL (D a n R a d e r、ペンシルバニア大学より恵与された) のボラスを30秒の期間にわたり尾静脈を通してゆっくりと注入した (動物あたり100 μ l の滅菌PBSで希釈された1,000,000カウントの [I^{125}] -LDL)。注入後の時間点3分、30分、1.5時間、3時間、6時間に後眼窩叢を介して血液サンプルを得た。血漿を全血から分離しそして10 μ l の血漿

50

をガンマカウンターで計測した。最後に、分別 (fractional) 異化速度をリポタンパク質消失データから計算した。

I. 肝脂質蓄積の評価

凍結肝切片のオイルレッド染色を実施して脂質蓄積を測定した。凍結肝切片を蒸留水中で手短にすすぎ、次いで無水プロピレングリコール中で2分インキュベートした。その後、切片をオイルレッド溶液 (プロピレングリコール中0.5%) 中で16時間染色し、次いでマイヤーのヘマトキシリン溶液で30秒間対染色し、そして加温グリセリンゼリー溶液中で標本にした。

【0220】

肝コレステロールおよびトリグリセリド含量の定量のために、肝切片をホモジェナイズしかつクロロホルム/メタノール (2:1) 中で一夜インキュベートした。0.05% H_2SO_4 の添加および10分間の遠心分離後に各サンプルの下層を収集し、2アリコートに分割しそして窒素下に乾燥した。コレステロール測定のため、第一のアリコートの乾燥された脂質をクロロホルム中1%トリトン (Triton) X-100に溶解した。一旦溶解したら、溶液を窒素下に乾燥した。脂質をdd H_2O に溶解しかつ37℃で30分間のインキュベーション後に、トータルコレステロールキット (ワコー ディアグノスティックス (Wako Diagnostics)) を使用して総コレステロール濃度を測定した。第二のアリコートについて、乾燥した脂質をアルコール性KOHに溶解し、そして60℃で30分間インキュベートした。その後1M $MgCl_2$ を添加し、次いで氷上で10分間インキュベートし、そして14,000rpmで30分間遠心分離した。最後に上清をトリグリセリドについて評価した (ワコー ディアグノスティックス (Wako Diagnostics))。

【0221】

AAV2/8もしくはAAV2/7キャプシドにシュードタイピングされたベクターの全部が、対照に比較して総コレステロール、LDLおよびトリグリセリドを低下させた。これらの試験ベクターは高コレステロール血症の表現型もまた用量依存性の様式で是正した。AAV2/8およびAAV2/7マウスのプラーク面積の減少は、処置されたマウスで最初の試験 (2ヶ月) で観察され、そして該効果は実験の長さ (6ヶ月) にわたって持続することが観察された。

【実施例11】

【0222】

機能的第IX因子発現および血友病の是正

A. ノックアウトマウス

機能的イヌ第IX因子 (FIX) 発現を血友病Bマウスで評価した。AAV1、AAV2、AAV5、AAV7もしくはAAV8のキャプシドを伴うベクターを、AAV2 5' ITR-肝特異的プロモーター [LSP] -イヌFIX-ウッドチャック肝炎後調節要素 (WPRE) -AAV2 3' ITRを送達するように構築した。該ベクターは適切なキャプシドを使用してWangら、2000、Molecular Therapy 2:154-158) に記述されたとおり構築した。

【0223】

ノックアウトマウスはWangら、1997、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:11563-11566に記述されたとおり生成させた。このモデルはヒトの血友病Bの表現型を厳密に模倣する。

【0224】

多様な血清型 (AAV1、AAV2、AAV5、AAV7およびAAV8) のベクターを、5種の異なる血清型について 1×10^{11} GC/マウスの用量で成体血友病C57BL/6マウスの肝中に単回門脈内注入として送達し、また、1群はより低用量すなわち 1×10^{10} GC/マウスでのAAV8ベクターを受領した。対照群には 1×10^{11} GCのAAV2/8 TBG LacZ3を注入した。各群は5~10雄性および雌性マウスを含有する。マウスはベクター投与後2週間おきに採血した。

1. ELISA

マウス血漿中のイヌF I X濃度は、改変を伴い本質的にはAxelrodら、1990、Proc. Natl. Acad. Sci. USA、87:5173-5177により記述されたとおり実施されるイヌ第I X因子に特異的なELISAアッセイにより測定した。ヒツジ抗イヌ第I X因子（エンザイム リサーチ ラボラトリーズ（Enzyme Research Laboratories））を一次抗体として使用し、そしてウサギ抗イヌ第I X因子（（エンザイム リサーチ ラボラトリーズ（Enzyme Research Laboratories））を二次抗体として使用した。注入2週間後に開始して、c F I Xの増大された血漿レベルが全試験ベクターについて検出された。増大されたレベルは実験の長さ全体で（すなわち12週間まで）治療的レベルで持続した。治療的レベルは正常レベルの5%すなわち約250 ng/mLであるとみなされる。

10

【0225】

最高レベルの発現は、持続性の超生理学（superphysiology）レベルのc F I Xレベル（正常レベルより10倍より高い）を伴い、AAV2/8（ 10^{11} ）のおよびAAV2/7構築物について観察された。AAV2/8（ 10^{11} ）の発現レベルはAAV2/2およびAAV2/8（ 10^{10} ）について観察されたものよりおよそ10倍より高かった。最低の発現レベル（とはいえなお治療的範囲より上）がAAV2/5について観察された。

2. in vitro 活性化部分トロンボプラスチン時間（aPTT）アッセイ

F I Xノックアウトマウスの血漿中での機能的第I X因子活性をin vitro 活性化部分トロンボプラスチン時間（aPTT）アッセイにより測定した。マウス血液サンプルを1/10容量のクエン酸緩衝液中に後眼窩叢から収集した。aPTTアッセイはWangら、1997、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:11563-11566により記述されたとおり実施した。

20

【0226】

全部のベクターが注入されたマウスの血漿サンプルでのaPTTによる凝固時間は、注入後2週間に測定された場合に正常範囲（およそ60秒）内であり、そして試験期間（12週間）を通じて正常もしくは正常範囲より短い凝固時間を持続した。

【0227】

最低の持続した凝固時間はAAV2/8（ 10^{11} ）のおよびAAV2/7を受領する動物で観察された。第12週までに、AAV2/2もまたAAV2/8およびAAV2/7のものに類似の凝固時間を誘導した。しかしながらこの短縮された凝固時間はAAV2/2について第12週まで観察されなかった一方、短縮された凝固時間（25～40秒範囲で）がAAV2/8およびAAV2/7について第2週の始めに観察された。

30

【0228】

処置されたマウスの数匹から採取した肝組織での免疫組織化学染色を現在実施している。肝細胞の約70～80%がAAV2/8、c F I Xベクターを注入されたマウスにおいてイヌF I Xについて陽性に染色される。

B. 血友病Bイヌ

F. I X遺伝子の触媒ドメイン中に一個の点突然変異（モデリング研究に基づけば該タンパク質を不安定にするようである）を有するイヌは血友病Bに罹る〔Evansら、1989、Proc. Natl. Acad. Sci. USA、86:10095-10099〕。こうしたイヌのコロニーを北カリフォルニア大学（the University of North California）、チャペルヒルにて20年以上の間維持している。これらのイヌの恒常性パラメータは十分に記述されており、そして血漿F. I X抗原の非存在、60分を超える全血凝固時間（一方で正常イヌは6～8分である）、および50～80秒という延長された活性化部分トロンボプラスチン時間（一方で正常イヌは13～28秒である）を包含する。これらのイヌは再発性自発性出血を経験する。典型的には、重大な出血エピソードは10 ml/kgの正常イヌ血漿の単回静脈内注入により成功裏に管理され；ときに、出血を管理するために反復注入が必要とされる。

40

50

【0229】

4匹のイヌに下のスケジュールに従ってAAV、cFIXを門脈内に注入する。第一のイヌは 3.7×10^{11} ゲノムコピー(GC)/kgの用量のAAV2/2、cFIXの単回注入を受領する。第二のイヌはAAV2/2、cFIX(2.8×10^{11} GC/kg)の第一の注入、次いで第1180日にAAV2/7、cFIX(2.3×10^{13} GC/kg)の第二の注入を受領する。第三のイヌは 4.6×10^{12} GC/kgの用量のAAV2/2、cFIXの単回注入を受領する。第四のイヌはAAV2/2、cFIX(2.8×10^{12} GC/kg)の注入および第995日にAAV2/7、cFIX(5×10^{12} GC/kg)の注入を受領する。

【0230】

血友病イヌの腹部を全身麻酔下に無菌的かつ外科的に開放し、そしてベクターの単回注入を門脈中に投与する。動物を正常イヌ血漿の静脈内投与により周術期の出血から保護する。イヌを鎮静し、挿管して全身麻酔を誘発し、そして腹部の毛を剃りかつ準備する。腹部を開放した後に脾を手術野に移動させる。脾静脈の位置を突き止めかつ縫合糸を静脈の小さな遠位切開に対し近位に緩く置く。針を迅速に静脈中に挿入し、その後縫合糸を緩めかつ5Fカニュレを門脈分岐近くの静脈内位置まで通す。止血を確保しかつカテーテルバルーンを膨張させた後にPBSで希釈したベクターおよそ5.0mlを5分間隔にわたって門脈中に注入する。ベクター注入後に生理的食塩水5.0mlを注入する。その後バルーンをしぼませ、カニュレを除去しそして静脈の止血を確保する。その後脾を元の位置に戻し、出血している血管を焼灼しかつ術創を閉鎖する。動物から抜管し、外科的処置に良好に耐えさせる。血液サンプルを記述されたとおり分析する。[Wangら、2000、Molecular Therapy 2:154-158]

是正もしくは部分的是正を示す結果がAAV2/7について预期される。

【0231】

本明細で引用される全部の刊行物は引用することにより本明細書に組込まれる。本発明はとりわけ好ましい態様に関して記述した一方、本発明の技術思想から離れることなく改変を行い得ることが预期されるであろう。こうした改変は請求の範囲の範囲内にあることを意図している。

【図面の簡単な説明】

【0232】

【図1A-1AAR】AAV血清型の少なくともcapタンパク質をコードする核酸配列のアライメントを提供する。ITR、rep領域およびキャプシド領域を包含する完全長配列が、新規AAV血清型7[配列番号1]、ならびに以前に公表されたAAV1[配列番号6]、AAV2[配列番号7]；およびAAV3[配列番号8]について提供される。新規AAV血清型AAV8[配列番号4]およびAAV9[配列番号5]は同時出願される出願の主題である。本アライメントで提供される本発明の他の新規クローンは：42-2[配列番号9]、42-8[配列番号27]、42-15[配列番号28]、42-5b[配列番号29]、42-1b[配列番号30]；42-13[配列番号31]、42-3a[配列番号32]、42-4[配列番号33]、42-5a[配列番号34]、42-10[配列番号35]、42-3b[配列番号36]、42-11[配列番号37]、42-6b[配列番号38]、43-1[配列番号39]、43-5[配列番号40]、43-12[配列番号41]、43-20[配列番号42]、43-21[配列番号43]、43-23[配列番号44]、43-25[配列番号45]、44.1[配列番号47]、44.5[配列番号47]、223.10[配列番号48]、223.2[配列番号49]、223.4[配列番号50]、223.5[配列番号51]、223.6[配列番号52]、223.7[配列番号53]、A3.4[配列番号54]、A3.5[配列番号55]、A3.7[配列番号56]、A3.3[配列番号57]、42.12[配列番号58]、44.2[配列番号59]を包含する。AAV10[配列番号117]、AAV11[配列番号118]およびAAV12[配列番号119]のシグネチャ領域のヌクレオチド配列が本図中に提供される。AAVゲノムの構造中の決定的に重要な

10

20

30

40

50

目印を示す。ギャップは点により示す。AAV1 [配列番号6] の3' ITRは公表された配列中と同一の相対的配列で示す。TRSは末端解離部位 (terminal resolution site) を表す。AAV7はVP3の開始コドンとしてGTGを使用することが報告された唯一のAAVであることに注意されたい。

【図2A-2F】以前に公表されたAAV血清型1 [配列番号64]、AAV2 [配列番号70]、AAV3 [配列番号71]、AAV4 [配列番号63]、AAV5 [配列番号114] およびAAV6 [配列番号65] のvp1キャプシドタンパク質のタンパク質のアミノ酸配列、ならびに：C1 [配列番号60]、C2 [配列番号61]、C5 [配列番号62]、A3-3 [配列番号66]、A3-7 [配列番号67]、A3-4 [配列番号68]、A3-5 [配列番号69]、3.3b [配列番号62]、223.4 [配列番号73]、223-5 [配列番号74]、223-10 [配列番号75]、223-2 [配列番号76]、223-7 [配列番号77]、223-6 [配列番号78]、44-1 [配列番号79]、44-5 [配列番号80]、44-2 [配列番号81]、42-15 [配列番号84]、42-8 [配列番号85]、42-13 [配列番号86]、42-3A [配列番号87]、42-4 [配列番号88]、42-5A [配列番号89]、42-1B [配列番号90]、42-5B [配列番号91]、43-1 [配列番号92]、43-12 [配列番号93]、43-5 [配列番号94]、43-21 [配列番号96]、43-25 [配列番号97]、43-20 [配列番号99]、24.1 [配列番号101]、42.2 [配列番号102]、7.2 [配列番号103]、27.3 [配列番号104]、16.3 [配列番号105]、42.10 [配列番号106]、42-3B [配列番号107]、42-11 [配列番号108]、F1 [配列番号109]、F5 [配列番号110]、F3 [配列番号111]、42-6B [配列番号112]、42-12 [配列番号113] を包含する本発明の新規AAV配列のアライメントである。新規血清型8 [配列番号95] およびAAV9 [配列番号100] は同時出願される特許出願の主題である。

【図3A-3C】AAV7 repタンパク質 [配列番号3] のアミノ酸配列を提供する。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> The Trustees of The University of Pennsylvania
Gao, Guangping
Wilson, James M.
Alvira, Mauricio

<120> A Method of Detecting and/or Identifying Adeno-Associated
Virus (AAV) Sequences and Isolating Novel Sequences Identified
Thereby

<130> UPN-02735PCT

<150> US 60/350,607

<151> 2001-11-13

<150> US 60/341,117

<151> 2001-12-17

<150> US 60/377,066

<151> 2002-05-01

<150> US 60/386,675

<151> 2002-06-05

<160> 120

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 4721

<212> DNA

<213> adeno-associated virus serotype 7

<400> 1

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctcg ctccgtgggg cctgcggacc aaaggctccgc	60
agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gacgcgcgat agagggagtgc	120
gccaaactcca tcaactagggg taccgcgaag cgcctccac gctgcccggt cagcgctgac	180
gtaaatcacg tcatagggga gtggctcctgt attagctgtc acgtgagtgc ttttgcgaca	240
ttttgcgaca ccacgtggcc atttgaggta tatatggccg agtgagcgag caggatctcc	300
attttgaccg cgaatttga acgagcagca gccatgccgg gtttctacga gatcgtgac	360
aaggtgcga ggcacctga cgagcacctg ccgggcattt ctgactcgtt tgtgaactgg	420
gtggccgaga aggaatggga gctgcccccg gattctgaca tggatctgaa tctgatcgag	480
caggcacccc tgaccgtggc cgagaagctg cagcgcgact tcctgggtcca atggcgccgc	540
gtgagtaagg ccccgaggcg cctgttcttt gttcagttcg agaagggcga gagctacttc	600
cacottcacg ttctggtgga gaccacgggg gtcaagtcca tgggtgctagg ccgcttcctg	660
agtcagattc gggagaagct ggtccagacc atctaccgcg gggtcgagcc cagcctgccc	720
aactgggtcg cggtgaccaa gacgcgtaat ggcgcggcg gggggaacaa ggtggtggac	780
gagtgtaca tcccaacta cctcctgccc aagaccagc ccgagctgca gtgggcgtgg	840
actaacatgg aggagtatat aagcgcgtgt ttgaacctgg ccgaacgcaa acggctcgtg	900

10

20

30

gcgcagcacc tgaccacagt cagccagacg caggagcaga acaaggagaa tctgaacccc 960
 aattctgacg cgcccgatg caggtcaaaa acctccgcgc gctacatgga gctggtcggg 1020
 tggctggtgg accggggcat caccctccgag aagcagtgga tccaggaggga ccaggcctcg 1080
 tacatctcct tcaacgccgc ctccaactcg cggctccaga tcaaggccgc gctggacaat 1140
 gccggcaaga tcatggcgct gaccaaacc gcgcccgact acctggtggg gccctcgctg 1200
 cccgcggaca ttaaaaccaa ccgcatctac cgcctcctgg agctgaacgg gtacgatcct 1260
 gcctacgccg gctccgtctt tctcggtggg gccagaaaa agttcgggaa gcgcaacacc 1320
 atctggctgt ttgggcccgc caccaccggc aagaccaaca ttgcggaagc catcgccac 1380
 gccgtgcctt tctacggctg cgtcaactgg accaatgaga actttccctt caacgattgc 1440
 gtcgacaaga tggatgatctg gtgggaggag ggcaagatga cggccaaggt cgtggagtcc 1500
 gccaaaggcca ttctcgccgg cagcaagggtg ccgctggacc aaaagtgcga gtcgtccgcc 1560
 cagatcgacc ccacccccgt gatcgtcacc tccaacacca acatgtgcgc cgtgattgac 1620
 gggaacagca ccaccttcga gcaccagcag ccgttgagg accggatggt caaatttgaa 1680
 ctcaccgcc gtctggagca cgactttggc aaggtagcga agcaggaagt caaagagttc 1740
 ttccgctggg ccagtgatca cgtgaccgag gtggcgcatg agttctacgt cagaaggggc 1800
 ggagccagca aaagaccgcg ccccgatgac gcggatataa gcgagccaa gcgggcctgc 1860
 cctcagtcg cggatccatc gacgtcagac gcggaaggag ctccggtgga ctttgccgac 1920
 aggtaccaaa acaaatgttc tcgtcacgcg ggcatgattc agatgctgtt tccctgcaaa 1980
 acgtgcgaga gaatgaatca gaatttcaac atttgcttca cacacggggt cagagactgt 2040
 tttagagtgt tccccggcgt gtcagaatct caaccggtcg tcagaaaaaa gacgtatcgg 2100
 aaactctcgc cgatttcata tctgctgggg cgggcgccc agattgcttg ctccggcctgc 2160
 gacctggtca acgtggacct ggacgactgc gtttctgagc aataaatgac ttaaacagg 2220
 tatggctgcc gatggttatc ttccagattg gctcgaggac aacctctctg agggcattcg 2280
 cgagtgggtg gacctgaaac ctggagcccc gaaacccaaa gccaacccagc aaaagcagga 2340
 caacggcccg ggtctggtgc ttccctggcta caagtacctc ggaccttca acggactcga 2400
 caagggggag cccgtcaacg cggcggaagc agcgccctc gagcacgaca aggcctacga 2460
 ccagcagctc aaagcgggtg acaatccgta cctgcggtat aaccacgccg acgcccagtt 2520
 tcaggagcgt ctgcaagaag atacgtcatt tgggggcaac ctccggcgag cagtcttcca 2580
 ggccaagaag cgggttctcg aacctctcgg tctggttgag gaaggcgcta agacggctcc 2640
 tgcaaagaag agaccggtag agccgtcacc tcagcgttcc cccgactcct ccacgggcat 2700
 cggcaagaaa ggccagcagc ccgacagaaa gagactcaat ttcggtcaga ctggcgactc 2760
 agagtcaagtc cccgaccctc aacctctcgg agaacctcca gcagcgccct ctagtggtgg 2820

10

20

30

atctggtaca gtggctgcag gcggtggcgc accaatggca gacaataacg aagggtgccga 2880
 cggagtggtt aatgcctcag gaaattggca ttgcgattcc acatggctgg gcgacagagt 2940
 cattaccacc agcaccggaa cctggggcct gccacctac aacaaccacc tctacaagca 3000
 aatctccagt gaaactgcag gtagtaccaa cgacaacacc tacttcgggt acagcaccct 3060
 ctgggggtat tttagcttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg 3120
 actcatcaac aacaactggg gattccggcc caagaagctg cygttcaagc tcttcaacat 3180
 ccagggtcaag gaggtcacga cgaatgacgg cgttacgacc atcgctaata accttaccag 3240
 cacgattcag gtattctcgg actcgggaata ccagctgccg tacgtcctcg gctctgcgca 3300
 ccagggtcgc ctgcctccgt tcccgcgga cgtcttcctg attcctcagt acggtacct 3360
 gactctcaac aatggcagtc agtctgtggg acgttctctc ttctactgcc tggagtactt 3420
 cccctctcag atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagtcc agctacagct tcgaggacgt 3480
 gcctttccac agcagctacg cacacagcca gagcctggac cggctgatga atccccctat 3540
 cgaccagtac ttgtactacc tggccagaac acagagtaac ccaggaggca cagctggcaa 3600
 tcgggaactg cagttttacc agggcgggcc ttcaactatg gccgaacaag ccaagaattg 3660
 gttacctgga ccttgcttcc ggcaacaaag agtctccaaa acgctggatc aaaacaacaa 3720
 cagcaacttt gcttgactg gtgccaccaa atatcacctg aacggcagaa actcgttgg 3780
 taatccgggc gtcgccatgg caactcacia ggacgacgag gaccgctttt tcccatccag 3840
 cggagtccctg atttttggaa aaactggagc aactaacaaa actacattgg aaaatgtgtt 3900
 aatgacaaat gaagaagaaa ttcgctctac taatcctgta gccacggaag aatacyggat 3960
 agtcagcagc aacttacaag cggctaatac tgcagcccag acacaagttg tcaacaacca 4020
 gggagcctta cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcccatctg 4080
 ggccaagatt cctcacacgg atggcaactt tcaccctctt cctttgatgg gcggctttgg 4140
 acttaaacat ccgcctctc agatcctgat caagaacact ccggttcccg ctaatcctcc 4200
 ggagggtgtt actcctgcc agtttgcttc gttcatcaca cagtacagca ccggacaagt 4260
 cagcgtggaa atcgagtgg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgtgga acccgagat 4320
 tcagtacacc tccaactttg aaaagcagac tgggtgtggc tttgccgttg acagccaggg 4380
 tgtttactct gagcctcgcc ctattggcac tcgttacctc acccgtaatc tgtaattgca 4440
 tggttaatcaa taaaccggtt gattcgtttc agttgaactt tggctcctcg tgcttcttat 4500
 cttatcgttt tccatagcaa ctggttacac attaaactgt tgggtgcgct tcacgataag 4560
 aacactgacg tcaccgcggt acccctagt atggagtgtg ccactccctc tatgcgcgct 4620
 cgctcgctcg gtggggcctg cggaccaaag gtccgcagac ggcagagctc tgctctgccg 4680
 gccccaccga gcgagcgagc gcgcatagag ggagtggcca a 4721

10

20

30

```

<210> 2
<211> 737
<212> PRT
<213> capsid protein of adeno-associated virus serotype 7

<400> 2
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

```

10

20

30

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255
 Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
 260 265 270
 Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
 275 280 285
 Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
 290 295 300
 Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile
 305 310 315 320
 Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
 325 330 335
 Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
 340 345 350
 Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
 355 360 365
 Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
 385 390 395 400
 Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser
 405 410 415
 Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
 420 425 430
 Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
 435 440 445
 Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
 450 455 460
 Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
 485 490 495

10

20

30

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510
 Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525
 His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
 530 535 540
 Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
 545 550 555 560
 Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
 565 570 575
 Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
 580 585 590
 Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
 595 600 605
 Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
 610 615 620
 His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
 625 630 635 640
 Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
 645 650 655
 Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
 660 665 670
 Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
 675 680 685
 Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
 690 695 700
 Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
 705 710 715 720
 Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
 725 730 735
 Leu

10

20

30


```

<210> 3
<211> 623
<212> PRT
<213> rep protein of adeno-associated virus serotype 7

<400> 3
Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1          5          10          15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20          25          30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
35          40          45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
50          55          60

Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65          70          75          80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Val Leu Val Glu
85          90          95

Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100         105         110

Arg Glu Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Thr Leu
115         120         125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130         135         140

Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145         150         155         160

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

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180         185         190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195         200         205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210         215         220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225         230         235         240

```

10

20

30

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
 245 250 255
 Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
 260 265 270
 Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ser
 275 280 285
 Leu Pro Ala Asp Ile Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Leu
 290 295 300
 Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
 305 310 315 320
 Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
 325 330 335
 Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
 340 345 350
 Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
 355 360 365
 Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
 370 375 380
 Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
 385 390 395 400
 Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
 405 410 415
 Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
 420 425 430
 Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
 435 440 445
 Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
 450 455 460
 Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
 465 470 475 480
 Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Ser Lys Arg Pro Ala
 485 490 495

10

20

30

Pro Asp Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala
515 520 525

Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Ile Gln Met
530 535 540

Leu Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile
545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Val Arg Asp Cys Leu Glu Cys Phe Pro Gly Val
565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Lys Thr Tyr Arg Lys Leu Cys
580 585 590

Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala
595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 4
<211> 4393
<212> DNA
<213> adeno-associated virus serotype 8

<400> 4
cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtagcgcg aagcgccctcc cacgctgccg 60
cgtcagcgct gacgtaaat acgtcatagg ggagtgggtcc tgtattagct gtcacgtgag 120
tgcttttgcg gcattttgcg acaccacgtg gccatttgag gtatatatgg ccgagtgagc 180
gagcaggatc tccattttga ccgcgaaatt tgaacgagca gcagccatgc cgggcttcta 240
cgagatcgtg atcaaggtgc cgagcgacct ggacgagcac ctgccgggca tttctgactc 300
gtttgtgaac tgggtggccg agaaggaatg ggagctgccc ccggattctg acatggatcg 360
gaatctgacg gagcaggcac ccctgacctt ggccgagaag ctgcagcgcg acttctctgt 420
ccaatggcgc cgcgtgagta aggccccgga ggccctcttc tttgttcagt tcgagaaggg 480
cgagagctac tttcacctgc acgtttctgt cgagaccacg ggggtcaagt ccatggtgct 540
aggccgcttc ctgagtcaga ttccgggaaa gcttgggtcca gaccatctac ccgcggggtc 600
gagccccacc ttgcccaact ggttcgcggt gaccaaagac gcggtaatgg cgcggcgagg 660
ggggaacaag gtggtggacg agtgctacat ccccaactac ctctgcccag agactcagcc 720
cgagctgcag tgggcgtgga ctaacatgga ggagtatata agcgcgtgct tgaacctggc 780

10

20

30

cgagcgcaaa cggctcgtgg cgcagcacct gacccacgtc agccagacgc aggagcagaa 840
 caaggagaat ctgaacccca attctgacgc gccctgatac aggtcaaaaa cctccgcgcg 900
 ctatatggag ctggtcgggt ggctggtgga cgggggcata acctccgaga agcagtggat 960
 ccaggaggac caggcctcgt acatctcctt caacgcccgc tccaactcgc ggtcccagat 1020
 caaggccgcg ctggacaatg ccggcaagat catggcgctg accaaatccg cgcccacta 1080
 cctggtgggg cctcgcgtgc ccgcggacat taccagaac cgcactacc gcactcgc 1140
 tctcaacggc tacgacctg cctacgcccg ctccgtcttt ctccgctggg ctcaaaaaa 1200
 gttcgggaaa cgcaacacca tctggtgttt tggaccgcg accaccggca agaccaacat 1260
 tgcggaagcc atcgcccacg ccgtgccctt ctacggctgc gtcaactgga ccaatgagaa 1320
 ctttcccttc aatgattgag tcgacaagat ggtgatctgg tgggaggagg gcaagatgac 1380
 ggccaaggtc gtggagtcg ccaaggccat tctcggcggc agcaaggctg gcgtggacca 1440
 aaagtgcag tcgtccgcc agatcgaccc ccccccgta atcgtcacct ccaacaccaa 1500
 catgtgcgc gtgattgacg ggaacagcac caccttcgag caccagcagc ctctccagga 1560
 ccgatgttt aagttcgaac tcaccgcgcg tctggagcac gactttggca aggtgacaaa 1620
 gcaggaagtc aaagagttct tccgctgggc cagtgtatc gtgaccgagg tggcgcatga 1680
 gttttacgtc agaaaggcg gagccagcaa aagaccgcg ccgatgacg cggataaaag 1740
 cgagcccaag cgggcctgac cctcagtcgc ggtatcatc acgtcagacg cgggaaggagc 1800
 tccggtggac ttgcccga ggtacaaaa caaatgttct cgtcacgcg gcactgttca 1860
 gatgctgttt cctgcacaaa cgtgcgagag aatgaatcag aatttcaaca ttgcttcac 1920
 acacggggtc agagactgct cagagtgttt cccggcgctg tcagaatctc aaccggtcgt 1980
 cagaaagagg acgtatcgga aactctgtgc gattcatcat ctgctggggc gggctccga 2040
 gattgcttgc tcggcctgag atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca 2100
 ataatgact taaaccagg atggtgccc atggttatct tccagattg ctgaggaca 2160
 acctctctga gggcatctgc gagtggtggg cgtgaaacc tggagcccc aagcccaaag 2220
 ccaaccagca aaagcaggac gacggccggg gtctggtgct tctggctac aagtacctc 2280
 gaccttcaa cggactcgac aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gggccctcg 2340
 agcacgacaa ggcctacgac cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata 2400
 accacgccga cgcaggttt caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc 2460
 tcgggcgagc agtcttccag gccaaagaag ggtttctga acctctcgt ctggttgagg 2520
 aaggcgctaa gacggctcct ggaaagaaga gaccggtaga gccatcccc cagcgttctc 2580
 cagactcctc tacgggcata ggcaagaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt 2640
 ttggtcagac tggcgactca ggtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag 2700

10

20

30

cagcgccctc tgggtgtggga cctaatacaa tggctgcagg cgggtggcgca ccaatggcag 2760
 acaataacga aggcgcgcgac ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca 2820
 catggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac ctggggccctg cccacctaca 2880
 acaaccacct ctacaagcaa atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca 2940
 cctacttcgg ctacagcacc ccttgggggt attttgactt taacagattc cactgccact 3000
 tttcaccacg tgactggcag cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac 3060
 tcagcttcaa gctcttcaac atccaggta aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga 3120
 ccatcgccaa taacctcacc agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc 3180
 cgtacgttct cggtcttgcc caccagggct gctcgcctcc gttcccgccg gacgtgttca 3240
 tgattcccca gtacggtac ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct 3300
 ccttctactg cctggaatac tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttcagat 3360
 ttactttac cttcaggac gtgcctttcc acagcageta cgcccacagc cagagcttgg 3420
 accggtgat gaatcctctg attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaacaa 3480
 caggaggcac ggcaaatag cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg 3540
 ccaatcaggc aaagaactgg ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga 3600
 caaccgggca aaacaacaat agcaactttg cctggactgc tgggaccaa taccatctga 3660
 atggaagaaa ttcatgtgct aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg 3720
 agcgtttttt tcccagtaac gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca 3780
 atgcggatta cagcgatgtc atgctacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg 3840
 tggctacaga ggaatacggc atcgtggcag ataacttgca gcagcaaac acggctcctc 3900
 aaattggaac tgtcaacagc cagggggcct taccgggtat ggtctggcag aaccgggacg 3960
 tgtacctgca gggctccatc tgggccaaga ttctcaccac ggacggcaac ttccaccctg 4020
 ctccgctgat gggcggcttt ggctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca 4080
 cgctgtacc tgcggatcct ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca 4140
 cgcaatacag caccggacag gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca 4200
 gcaagcgctg gaaccccgag atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg 4260
 actttgctgt taatacagaa ggcgtgtact ctgaaccccg ccccatggc acccggtacc 4320
 tcacccgtaa tctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttgattcgtt tcagttgaac 4380
 tttggtctct gcg 4393

10

20

30

<210> 5
 <211> 4385
 <212> DNA
 <213> adeno-associated virus serotype 9

<400> 5
cagagagggga gtggccaact ccatcactag gggtaatcgc gaagcgcctc ccacgctgcc 60
gcgtcagcgc tgacgtagat tacgtcatag gggagtggc ctgtattagc tgtcacgtga 120
gtgcttttgc gacattttgc gacaccacat ggccatttga ggtatatatg gccgagttag 180
cgagcaggat ctccattttg accgcgaat ttgaacgagc agcagccatg ccgggcttct 240
acgagattgt gatcaagggt ccgagcgacc tggacgagca cctgccgggc atttctgact 300
cttttgtgaa ctgggtggcc gagaaggat gggagctgcc cccggattct gacatggatc 360
ggaatctgat cgagcaggca cccctgaccg tggccgagaa gctgcagcgc gacttcctgg 420
tccaatggcg ccgctgaggt aaggcccgagg aggcctctt ctttgttcag ttcgagaagg 480
gcgagagcta ctttcacctg caggttctgg tcgagaccac ggggggtcaag tccatggtgc 540
taggcgctt cctgagtcag attcgggaga agctgggtcca gaccatctac ccggggatcg 600
agccgacctt gcccaactgg ttccgggtga ccaagacgcg taatggcgcc gccgggggga 660
acaaggtggt ggacgagtc tacatcccca actacctct gcccaagact cagcccgagc 720
tgagtgggc gtggactaac atggaggagt atataagcgc gtgcttgaac ctggccgagc 780
gcaaaccgct cgtggcgag cactgacct acgtcagcca gacgcaggag cagaacaagg 840
agaatctgaa ccccaattct gacgcggccg tgatcaggtc aaaaacctcc gcgcgtaca 900
tggagctggt cgggtggctg gtggaccggg gcacacctc cgagaagcag tggatccagg 960
aggaccaggc ctgtacatc tcttcaacg ccgcctcaa ctccgggtcc cagatcaagg 1020
ccgcgctgga caatgccgc aagatcatgg cgtgaccaa atccgcgcc gactacctgg 1080
taggccttc acttccggtg gacattacgc agaaccgat ctaccgcatc ctgcagctca 1140
acggctacga ccctgcctac gccggctccg tctttctcgg ctgggcacaa aagaagtctg 1200
ggaaacgcaa caccatctg ctgtttgggc cggccaccac gggaagacc aacatcgag 1260
aagccattgc ccacgctgt cccttctacg gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 1320
ccttcaacga ttgcgtgac aagatggtga tctggtggga ggagggcaag atgacggcca 1380
aggtcgtgga gtccgccaag gccattctcg gcggcagcaa ggtgcgcgtg gacaaaagt 1440
gcaagtctgc cggccagatc gacccactc ccgtgatcgt cactccaac accaactgt 1500
gcgcgctgat tgacgggaac agcaccacct tcgagacca gcagcctctc caggaccgga 1560
tgtttaagtt cgaactcacc cgcgtcttg agcagactt tggcaagggt acaaagcagg 1620
aagtcaaaaga gttcttcgcg tgggccagt atcacgtgac cgaggtggcg catgagtttt 1680
acgtcagaaa gggcgagcc agcaaaagac ccgccccga tgacgcggat aaaagcgagc 1740
ccaagcgggc ctgccctca gtgcggatc catcgacgc agacgcgga ggagctccg 1800
tggactttgc cgacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgcgggcatg cttcagatgc 1860
tgcttccctg caaaacgtgc gagagaatga atcagaattt caacatttgc ttcacacacg 1920

10

20

30

gggtcagaga ctgctcagag tgtttccccc gctgtgcaga atctcaaccg gtcgtcagaa 1980
 agaggacgta tcggaaactc tgtgcgattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg 2040
 cttgctcggc ctgcatctg gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa 2100
 tgacttaaac caggatatgc tgccgatggc tatcttcag attggctcga ggacaacctc 2160
 tctgagggca ttccgcagtg gtggggcgtg aaacctggag ccccgagcc caaagccaac 2220
 cagcaaaagc aggacgacgg ccgggggtctg gtgcttccctg gctacaagta cctcggaccc 2280
 ttcaacggac tcgacaaggg ggagcccgtc aacgcggcgg acgcagcggc cctcagacac 2340
 ggcaaggcct acgaccagca gctgcaggcg ggtgacaatc cgtacctgag gtataaccac 2400
 gccgacgcgc agtttcagga gcgtctgcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg 2460
 cgagcagtct tccaggccaa gaagcggggt ctcgaacctc tcggctctgg ttgaggaaggc 2520
 gctaagcgg ctcctggaaa gaagagaccg gtagagccat caccocagcg ttctccagac 2580
 tcctctacgg gcatcggcaa gaaaggccaa cagcccgcca gaaaagact caattttggg 2640
 cagactggcg actcagagtc agttccagac cctcaacctc tcggagaacc tccagcagcg 2700
 ccctctggtg tgggacctaa tacaatggct gcaggcgtg gcgcaccaat ggcagacaat 2760
 aacgaaggcg ccgacggagt gggtaattcc tcgggaaatt ggcattgcga tccacatgg 2820
 ctgggggaca gagtcacac caccagcacc cgaacctggg cattgcccac ctacaacaac 2880
 cacctctaca agcaaatctc caatggaaca tcgggaggaa gcaccaacga caacacctac 2940
 tttggctaca gcacccctg ggggtatctt gacttcaaca gattccactg ccacttctca 3000
 ccacgtgact ggcagcgact catcaacaac aactggggat tcgggcaaa gagactcaac 3060
 ttcaagctgt tcaacatcca ggtcaaggag gttacgacga acgaaggcac caagaccatc 3120
 gccataaacc ttaccagcac cgtccaggtc ttacggact cggagtacca gctaccgtac 3180
 gtccataggc ctgcccacca aggatgcctg ccaccgttcc ctgcagacgt cttcatgggt 3240
 cctcagtacg gctacctgac gctcaacaat ggaagtcaag cgttaggacg tttctcttcc 3300
 tactgtctgg aatacttccc ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt tcagttcagc 3360
 tacactttcg aggacgtgac ttctccagac agctacgcac acagccagag tctagatcga 3420
 ctgatgaacc cctcatcga ccagtaccta tactacctgg tcagaacaca gacaactgga 3480
 actgggggaa ctcaaaactt ggcattcagc caagcaggcc ctagctcaat ggccaatcag 3540
 gctagaaact gggtaaccgg gccttgctac cgtcagcagc gcgtctccac aaccaccaac 3600
 caaaataaca acagcaactt tgctgggacg ggagctgcta aattcaagct gaacgggaga 3660
 gactcgtcaa tgaatcctgg cgtggctatg gcacgcaca aagacgacga ggaccgcttc 3720
 ttccatcaa gtggcgttct catatttggc aagcaaggag ccgggaacga tggagtcgac 3780
 tacagccagg tgctgattac agatgaggaa gaaattaaag ccaccaaccc tgtagccaca 3840

10

20

30

gaggaatacag gagcagtggc catcaacaac caggccgcta acacgcaggc gcaaactgga 3900
 cttgtgcata accagggagt tattcctggt atggtctggc agaaccggga cgtgtacctg 3960
 cagggcccta tttgggctaa aatacctcac acagatggca actttcaccg gtctcctctg 4020
 atgggtggat ttggactgaa acaccacacct ccacagattc taattaaaaa tacaccagtg 4080
 ccggcagatc ctctctttac cttcaatcaa gccaaagtga actctttcat cagcgagtac 4140
 agcacgggac aagtcagcgt ggaaatcgag tgggagctgc agaaagaaaa cagcaagcgc 4200
 tggaatccag agatccagta tacttcaaac tactacaaat ctacaaatgt ggactttgct 4260
 gtcaatacca aagggtgttta ctctgagcct cggccattg gtactcgtta cctcaccgct 4320
 aatttgtaat tgcctgttaa tcaataaacc ggttaattcg ttacagtga actttggctc 4380
 ctgcg 4385

10

<210> 6
 <211> 4718
 <212> DNA
 <213> adeno-associated virus serotype 1

<400> 6
 ttgccactc cctctctgag cgtctgctcg ctctgtgggg cctgcccacc aaaggtccgc 60
 agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gagcgcgag agagggagtg 120
 ggcaactcca tcactagggg taatcgcgaa gcgcctccca cgtgcccgcg tcagcgtgta 180
 cgtaaattac gtcatagggg agtggctctg tattagctgt cacgtgagtg cttttgagac 240
 attttgagac accacgtggc catttagggg atatatggcc gagtgagcga gcaggatctc 300
 cattttgacc gcgaaatttg aacgagcagc agccatgccg ggcttctacg agatcgtgat 360
 caaggtgccg agcgcacctg acgagcacct gccgggcatt tctgactcgt ttgtgagctg 420
 ggtggccgag aaggaatggg agctgccccg ggattctgac atggatctga atctgattga 480
 gcaggcacc ctagccgtgg ccgagaagct gcagcgcgac ttctgtgtcc aatggcgccg 540
 cgtgagtaag gccccggagg ccctcttctt tgttcagttc gagaagggcg agtctactt 600
 ccacctccat attctggtgg agaccacggg ggtcaaatcc atggtgctgg gccgcttct 660
 gagtacagatt agggacaagc tgggtgcagc catctaccgc gggatcgagc cgacctgcc 720
 caactggttc gcggtgacca agacgcgtaa tggcgccgga ggggggaaca aggtggtgga 780
 cgagtgtctac atccccaaat acctctgcc caagactcag cccgagctgc agtggcgctg 840
 gactaacatg gaggagtata taagcgctg tttgaacctg gccgagcgca aacggctcgt 900
 ggcgagcac ctgaccacg tcagccagac ccaggagcag aacaaggaga atctgaacct 960
 caattctgac gcgcctgtca tccggtcaaa aacctccgcg cgctacatgg agctggtcgg 1020
 gtggctggtg gaccggggca tcacctccga gaagcagtgg atccaggagg accaggcctc 1080

20

30

gtacatctcc ttcaacgccg cttccaactc gcgggtcccag atcaaggccg ctctggacaa 1140
 tgccggcaag atcatggcgc tgaccaaata cgcgcccgac tacctggtag gccccgtcc 1200
 gcccgggac attaaaacca accgcatacta ccgcatacctg gagctgaacg gctacgaacc 1260
 tgcctacgcc ggctccgtct ttctcggctg ggcccagaaa aggttcggga agcgcaacac 1320
 catctggctg tttgggcccg ccaccacggg caagaccaac atcgcggaag ccategccca 1380
 cgcggtgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaatgattg 1440
 cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 1500
 cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggc gcgcgtggac caaaagtgc agtcgtccgc 1560
 ccagatcgac cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 1620
 cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttcgag gaccggatgt tcaaatttga 1680
 actcaccgcc cgtctggagc atgactttgg caagtgaca aagcaggaag tcaaagagtt 1740
 cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttctacg tcagaaaggg 1800
 tggagccaac aaaagacccg ccccgatga cgcggataaa agcgagccca agcgggcctg 1860
 cccctcagtc gcggtccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtg actttgccga 1920
 caggtaccaa aacaaatgtt ctgctacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 1980
 gacatgcgag agaataaata agaatttcaa catttgcttc acgcacggga cgagagactg 2040
 ttccagagtgc ttccccggcg tgtcagaata tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 2100
 gaaactctgt gccattcacc atctgtctgg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 2160
 cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaacccg 2220
 gtatggctgc cgatggttat ctccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 2280
 gcgagtgtg ggacttgaaa cctggagccc cgaagcccaa agccaaccag caaaagcagg 2340
 acgacggccg gggctctggtg cttctgggtt acaagtacct cggacccttc aacggactcg 2400
 acaaggggga gcccgtaac gcgggggacg cagcggccct cgagcacgac aaggcctacg 2460
 accagcagct caaagcgggt gacaatccgt acctcgggta taaccacgcc gacgccgagt 2520
 ttccaggagcg tctgcaagaa gatacgtctt ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 2580
 aggccaaaga gcgggtctct gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgt aagacggtc 2640
 ctggaaagaa acgtccggtg gagcagtcgc cacaagagcc agactctctc tcgggcacgc 2700
 gcaagacagg ccagcagccc gctaataaga gactcaattt tggtcagact ggcgactcag 2760
 agtcagtcgc cgatccacaa cctctcggag aacctccagc aacccccgt gctgtgggac 2820
 ctactacaat ggcttcaggc ggtggcgcac caatggcaga caataacgaa ggcccgacg 2880
 gagtgggtaa tgcctcagga aattggcatt gcgattccac atggctgggc gacagagtca 2940
 tcaccaccag caccgcacc tgggccttgc ccacctacaa taaccacctc tacaagcaaa 3000

10

20

30

tctccagtgc ttcaacgggg gccagcaacg acaaccacta cttcggctac agcaccacct 3060
 gggggtatatt tgatttcaac agattccact gccacttttc accacgtgac tggcagcgac 3120
 tcatcaacaa caattgggga ttccggccca agagactcaa cttcaaactc ttcaacatcc 3180
 aagtcaagga ggtcacgacg aatgatggcg tcacaacat cgctaataac cttaccagca 3240
 cgggttcaagt cttctcggac tcggagtacc agcttcgta cgtcctcggc tctgogcacc 3300
 agggctgcct ccctccgttc ccggcggacg tgttcattgat tccgcaatac ggctacctga 3360
 cgctcaacaa tggcagccaa gccgtgggac gttcatcctt ttactgcctg gaatatttcc 3420
 cttctcagat gctgagaacg ggcaacaact ttaccttcag ctacaccttt gaggaagtgc 3480
 ctttcacag cagctacgcg cacagccaga gcttgaccg gctgatgaat cctctcatcg 3540
 accaatacct gtattacctg aacagaactc aaaatcagtc cgggaagtgc caaacaagg 3600
 acttgctgtt tagccgtggg tctccagctg gcatgtctgt tcagcccaa aactggctac 3660
 ctggaccctg ttatcggcag cagcgcttt ctaaaacaaa aacagacaac aacaacagca 3720
 attttacctg gactgggtgt tcaaaatata acctcaatgg gcgtgaatcc atcatcaacc 3780
 ctggcactgc tatggcctca cacaagacg acgaagacaa gttctttccc atgagcggtg 3840
 tcatgatttt tggaaaagag agcgccggag cttcaaacac tgcattggac aatgtcatga 3900
 ttacagacga agaggaaatt aaagccacta acctgtggc caccgaaaga tttgggaccg 3960
 tggcagtc aa tttccagagc agcagcacag acctgcgac cggagatgtg catgctatgg 4020
 gagcattacc tggcatggtg tggcaagata gagacgtgta cctgcagggt cccatttggg 4080
 caaaattcc tcacacagat ggacactttc acccgctcc tcttatgggc ggctttggac 4140
 tcaagaaccc gcctcctcag atcctcatca aaaacacgcc tgttcctgcg aatcctccgg 4200
 cggagttttc agctacaaag tttgtttcat tcacaccca atactccaca ggacaagtga 4260
 gtgtggaaat tgaatgggag ctgcagaaag aaaacagcaa gcgctggaat ccggaagtgc 4320
 agtacacatc caattatgca aaatctgcca acgttgattt tactgtggac aacaatggac 4380
 ttatactga gcctcgcgcc attggcacc gttacettac ccgtccctg taattacgtg 4440
 ttaatcaata aaccggttga ttggtttcag ttgaactttg gtctcctgtc cttcttatct 4500
 tatcggttac catggttata gcttacacat taactgcttg gttgcgcttc gcgataaaag 4560
 acttacgtca tcgggttacc cctagtgatg gagttgccca ctccctctct gcgcgtcgc 4620
 tcgctcggtg gggcctgcgg accaaaggtc cgcagacggc agagctctgc tctgccggcc 4680
 ccaccgagcg agcgagcgcg cagagaggga gtgggcaa 4718

10

20

30

<210> 7
 <211> 4675
 <212> DNA
 <213> adeno-associated virus serotype 2

<400> 7
 ttggccactc cctctctgcg cgctcgtcg ctcactgagg ccggggcgacc aaaggtcgcc 60
 cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgag agagggagtg 120
 gccaaactcca tcactagggg ttcttgaggg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180
 ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240
 gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300
 ggtttgaacg cgcagccgcc atgccggggt tttacgagat tgtgattaag gtccccagcg 360
 accttgacgg gcatctgccc ggcatttctg acagctttgt gaactgggtg gccgagaagg 420
 aatgggagtt gccgccagat tctgacatgg atctgaatct gattgagcag gcaccctga 480
 ccgtggccga gaagctgcag cgcgactttc tgacggaatg gcgccgtgtg agtaaggccc 540
 cggaggccct tttctttgtg caatttgaga agggagagag ctacttccac atgcacgtgc 600
 tcgtggaaac caccggggtg aaatccatgg ttttgggacg tttcctgagt cagattcgcg 660
 aaaactgat tcagagaatt tacccgggga tcgagccgac tttgccaaac tggttcgcg 720
 tcacaaagac cagaaatggc gccggaggcg ggaacaagggt ggtggatgag tgctacatcc 780
 ccaattactt gctccccaaa acccagcctg agctccagtg ggcgtggact aatatggaac 840
 agtatttaag cgctgtttg aatctcacgg agcgtaaacg gttgggtggcg cagcatctga 900
 cgcacgtgtc gcagacgcag gaggagaaca aagagaatca gaatcccaat tctgatgcgc 960
 cggtgatcag atcaaaaact tcagccagggt acatggagct ggtcgggttg ctcgtggaca 1020
 aggggattac ctcggaagag cagtggatcc aggaggacca ggccctatac atctccttca 1080
 atgcggcctc caactcgcgg tcccaaatca aggtgcctt ggacaatgcg ggaaagatta 1140
 tgagcctgac taaaaccgcc cccgactacc tgggtgggca gcagcccggtg gaggacattt 1200
 ccagcaatcg gatttataaa attttgaac taaacgggta cgatcccaa tatgcggctt 1260
 ccgtctttct gggatgggcc acgaaaaagt tcggcaagag gaacaccatc tggctgtttg 1320
 ggcttgcaac tacccgggag accaaccatc cggaggccat agcccacact gtgcccttct 1380
 acgggtgcgt aaactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgactgtgtc gacaagatgg 1440
 tgatctggtg ggaggagggg aagatgaccg ccaaggctgt ggagtcggcc aaagccattc 1500
 tcggagggaag caagggtgcg gtggaccaga aatgcaagtc ctcggcccag atagaccgga 1560
 ctcccgatg cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg aactcaacga 1620
 ccttcgaaca ccagcagccg ttgcaagacc ggatgttcaa atttgaactc acccgccgtc 1680
 tggatcatga ctttgggaag gtcaccaagc aggaagtcaa agactttttc cggtgggcaa 1740
 aggatcacgt ggttgagggt gagcatgaat tctacgtcaa aaaggttggg gcccaagaaa 1800
 gaccggcccc cagtgcgca gatataagt agcccaaacy ggtgcgcgag tcagttgcgc 1860
 agccatcgac gtcagacggg gaagcttcga tcaactacgc agacaggtag caaaacaaat 1920

10

20

30

gttctcgtca cgtgggcatg aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga 1980
 atcagaattc aaatatctgc ttcactcacg gacagaaaga ctgttttagag tgctttcccg 2040
 tgtcagaatc tcaaccggtt tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc 2100
 atcatatcat gggaaagggtg ccagacgctt gcactgcttg cgatctggtc aatgtggatt 2160
 tggatgactg catctttgaa caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat 2220
 cttccagatt ggctcgagga cactctctct gaaggaataa gacagtgggtg gaagctcaaa 2280
 cctggcccac caccaccaa gcccgcagag cggcataagc acgacagcag gggctctgtg 2340
 ctctctgggt acaagtaact cggacccttc aacggactcg acaagggaga gcgggtcaac 2400
 gaggcagacg ccgcgccctt cgagcacgta caaagcctac gaccggcagc tcgacagcgg 2460
 agacaaccog tacctcaagt acaaccacgc cgacgcgag tttcaggagc gccttaaga 2520
 agatacgtct tttgggggca acctcggacg agcagtcctc caggcgaaaa agagggttct 2580
 tgaacctctg ggcttggtt aggaacctgt taagacggct ccgggaaaaa agaggccggt 2640
 agagcactct cctgtggagc cagactcctc ctccgggaacc ggaaaggcgg gccagcagcc 2700
 tgcaagaaaa agattgaatt ttggtcagac tggagacgca gactcagtac ctgaccccca 2760
 gcctctcgga cagccaccag cagcccccct tggctctgga actaatacga tggctacagg 2820
 cagtggcgca ccaatggcag acaataacga gggcgccgac ggagtgggta attcctccgg 2880
 aaattggcat tgcgattcca catggatggg cgacagagtc atcaccacca gccccgaac 2940
 ctgggcccctg cccacctaca acaaccacct ctacaaaca atttccagcc aatcaggagc 3000
 ctggaacgac aatcactact ttggctacag caccctctgg gggatatttg acttcaacag 3060
 attccactgc cacttttccac cacttgactg gcaaagactc atcaacaaca actggggatt 3120
 ccgacccaag agactcaact tcaagctctt taacattcaa gtcaaagagg tcacgcagaa 3180
 tgacggtagc acgacgattg ccaataacct taccagcagc gttcaggtgt ttactgactc 3240
 ggagtaccag ctcccgtagc tctcggctc ggcgcaccaa ggatgcctcc cgcggttccc 3300
 agcagacgtc ttcattgtgc cacagtatgg atacctcacc ctgaacaacg ggagtccaggc 3360
 agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct tctcagatgc tgcgtaccgg 3420
 aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttctt ttccacagca gctacgctca 3480
 cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac cagtacctgt attacttgag 3540
 cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg cttcagtttt ctcaggccgg 3600
 agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttctt ggaccctgtt accgccagca 3660
 gcgagtatca aagacatctg cggataacaa caacagtga tactcgtgga ctggagctac 3720
 caagtaccac ctcaatggca gagactctct ggtgaatccg gccatggcaa gccacaagga 3780
 cgatgaagaa aagttttttc ctcagagcgg ggttctcctc tttgggaagc aaggctcaga 3840

10

20

30

gaaaacaaat gtgaacattg aaaagggtcat gattacagac gaagaggaaa tcggaacaac 3900
 caatcccggtg gctacggagc agtatgggtc tgtatctacc aacctccaga gaggaacacg 3960
 acaagcagct accgcagatg tcaacacaca aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga 4020
 cagagatgtg taccttcagg ggcccatctg ggcaaagatt ccacacacgg acggacattt 4080
 tcaccctctt cccctcatgg gtggattcgg acttaaacac cctcctccac agattctcat 4140
 caagaacacc ccggtacctg cgaatccttc gaccaccttc agtgcggcaa agtttgcttc 4200
 ctctatcaca cagtactcca cgggacacgg tcagcgtgga gatcgagtgg gagctgcaga 4260
 aggaaaacag caaacgctgg aatcccgaaa ttcagtacac ttccaactac aacaagtctg 4320
 ttaatcgtgg acttacgctg gatactaattg gcgtgtattc agagcctcgc cccattggca 4380
 ccagatacct gactcgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccgtt taattcgttt 4440
 cagttgaact ttggctctcg cgtatttctt tcttatctag tttccatggc tacgtagata 4500
 agtagcatgg cgggttaate attaaactaca aggaaccctt agtgatggag ttggccactc 4560
 cctctctcgc cgtctcgtcg ctactgagg ccgggcgacc aaaggctcgc cgacgcccgg 4620
 gctttgcccc ggcgccctca gtgagcgagc gagcgcgag agagggagtg gccaa 4675

<210> 8
 <211> 4726
 <212> DNA
 <213> adeno-associated virus serotype 3

<400> 8
 ttggccactc cctctatgag cactcgtctg ctgggtgggg cctggcgacc aaaggctcgc 60
 agacggacgt gctttgcagc tcgggcccc aagagcgagc gactgcgat agagggagtg 120
 gccaaactcca tctactagag tatggcagt acgtaacgcg aagcgcgca agcgagacca 180
 cgcctaccag ctggtcagc agtcaggtga ccttttgcg acagtctgcg acaccacgtg 240
 gccgctgagg gtatatattc tcgagtgagc gaaccaggag ctccattttg accgcgaaat 300
 ttgaacgagc agcagccatg ccggggttct acgagattgt cctgaaggtc ccgagtgacc 360
 tggacgagcg cctgcggggc atttctaact cgtttgttaa ctgggtggcc gagaaggaat 420
 gggacgtgcc gccggtattc gacatggatc cgaatctgat tgagcaggca cccctgaccg 480
 tggccgaaaa gcttcagcgc gacttctctg tggagtggcg ccgctgtagt aaggccccgg 540
 aggcctctct ttttgtccag ttcgaaaagg gggagacctc ctccacctg cactgtctga 600
 ttgagaccat cggggtcaaa tccatggtgg tcggccgcta cgtgagccag attaaagaga 660
 agctggtgac ccgcatctac ccgggggtcg agccgcagct tccgaactgg ttgcgggtga 720
 ccaaaacgcg aaatggcgcc gggggcggga acaagggtgt ggacgactgc tacatcccca 780
 actacctgct cccaagacc cagcccgagc tccagtgggc gtggactaac atggaccagt 840

10

20

30

atttaagcgc ctgtttgaat ctgcgggagc gtaaaccgct ggtggcgag catctgacgc 900
 acgtgtcgca gacgcaggag cagaacaaag agaatacaga cccaattct gacgcgccg 960
 tcatcaggtc aaaaacctca gccagggtaca tggagctggt cgggtggctg gtggaccgcg 1020
 ggatcacgct agaaaagcaa tggattcagg aggaccaggc ctctacatc tecttcaacg 1080
 ccgcctccaa ctgcgggtcc cagatcaagg ccgcgtgga caatgcctcc aagatcatga 1140
 gcctgacaaa gacggctccg gactaccttg tgggcagcaa ccgcgccgag gacattacca 1200
 aaaatcggat ctaccaaatc ctggagctga acgggtacga tccgcagtac gcggcctccg 1260
 tcttctctgg ctgggcgcaa aagaagtctg ggaagaggaa caccatcttg ctctttgggc 1320
 cggccacgac gggtaaaacc aacatcgcg aagccatcg ccacgccgtg cccttctacg 1380
 gctgcgtaaa ctggaccaat gagaactttc ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga 1440
 tctggtggga ggagggcaag atgacggcca aggtcgtgga gagcgccaag gccattcttg 1500
 gcggaagcaa ggtgcgcgtg gacaaaaagt gcaagtcac gccccagatc gaacccactc 1560
 ccgtgatcgt cacctccaac accaactagt gcgcctgat tgacgggaac agcaccacct 1620
 tcgagcatca gcagccgtg caggaccgga tgtttgaatt tgaacttacc cgccgtttgg 1680
 accatgactt tgggaaggtc accaaacag aagtaaagga ctttttccgg tgggcttccg 1740
 atcacgtgac tgacgtggct catgagttct acgtcagaaa ggttgagct aagaaacgcc 1800
 ccgcctccaa tgacgcggat gtaagcgagc caaacggga gtgcacgtca cttgcgcagc 1860
 cgacaacgtc agacgcggaa gcaccggcg actacgcgga caggtaacca aacaaatgtt 1920
 ctctgcacgt gggcatgaat ctgatgcttt tccctgtaa aacatgcgag agaataatc 1980
 aaatttccaa tgtctgtttt acgcatggtc aaagagactg tggggaatgc ttcctggaa 2040
 tgtcagaatc tcaaccggt tctgtcgtca aaaagaagac ttatcagaaa ctgtgtccaa 2100
 ttcacatat cctgggaagg gcaccggaga ttgcctgttc ggctgcgat ttggccaatg 2160
 tggacttggga tgaactgttt tctgagcaat aatgactta aaccagggtat ggctgctgac 2220
 ggttatcttc cagattggct cgaggacaac cttctgaag gcattcgtga gtggtgggct 2280
 ctgaaacctg gagtccctca acccaaagcg aaccaacaac accaggacaa ccgtcggggt 2340
 cttgtgcttc cgggttacaa atacctcgga ccgggtaacg gactcgacaa aggagagccg 2400
 gtcaacgagg cggacgcggc agccctcgaa cagacaaaag cttacgacca gcagctcaag 2460
 gccggtgaca acccgtaact caagtacaac cagccgacg ccgagtttca ggagcgtctt 2520
 caagaagata cgtcttttgg gggcaacctt ggcagagcag tcttcaggc caaaaagagg 2580
 atccttgagc ctcttgtctt ggttgaggaa gcagctaaaa cggctccttg aaagaagggg 2640
 gctgtagatc agtctcctca ggaaccggac tcatcatctg gtgttgcaa atcgggcaaa 2700
 cagcctgcca gaaaaagact aaatttcggt cagactggag actcagagtc agtcccagac 2760

10

20

30

cctcaacctc tcggagaacc accagcagcc cccacaagtt tgggatctaa tacaatggct 2820
 tcaggcgggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaggggtg ccgatggagt gggtaattcc 2880
 tcaggaaatt ggcattgcga ttccaatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 2940
 agaacctggg ccctgccacc ttacaacaac catctctaca agcaaatctc cagccaatca 3000
 ggagcttcaa acgacaacca ctactttggc tacagcacc cttgggggta ttttgacttt 3060
 aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcattaa caacaactgg 3120
 ggattccggc ccaagaaact cagcttcaag ctcttcaaca tccaagttag aggggtcacg 3180
 cagaacgatg gcacgacgac tattgccaat aaccttacca gcacggttca agtgtttacg 3240
 gactcggagt atcagctccc gtacgtgctc gggtcgggcg accaaggctg tctcccgccg 3300
 ttccagcgg acgtcttcat ggtccctcag tatggatacc tcacctgaa caacggaagt 3360
 caagcgggtg gacgctcctc cttttactgc ctggagtact tcccttcgca gatgctaagg 3420
 actggaataa acttccaatt cagctatacc ttcgaggatg taccttttca cagcagctac 3480
 gctcacagcc agagtcttga tcgcttgatg aatcctctta ttgatcagta tctgtactac 3540
 ctgaacagaa cgcaaggaa aacctctgga acaaccaacc aatcacggct gctttttagc 3600
 caggctgggc ctcagcttat gtctttgcag gccagaaatt ggctacctgg gccctgctac 3660
 cggcaacaga gactttcaaa gactgctaac gacaacaaca acagtaactt tccctggaca 3720
 ggggccagca aatatcatct caatggccgc gactcgctgg tgaatccagg accagctatg 3780
 gccagtcaca aggaogatga agaaaaattt ttccctatgc acggcaatct aatatttggc 3840
 aaagaaggga caacggcaag taacgcagaa ttagataatg taatgattac ggatgaagaa 3900
 gagattcgta ccaccaatcc tgtggcaaca gacgagtatg gaactgtggc aaataacttg 3960
 cagagctcaa atacagctcc cagcactgga actgtcaatc atcagggggc cttacctggc 4020
 atgggtgtggc aagatcgtga cgtgtacett caaggaccta tctgggcaaa gattcctcac 4080
 acggatggac actttcatcc ttctcctctg atgggaggct ttggactgaa acatccgcct 4140
 cctcaaatca tgatcaaaaa tactccggta ccggcaaatc ctccgacgac ttccagcccg 4200
 gccaaagtgt cttcatthtat cactcagtac tccactggac aggtcagcgt ggaaattgag 4260
 tgggagctac agaaagaaaa cagcaaacgt tggaatccag agattcagta cacttccaac 4320
 tacaacaagt ctgttaatgt ggactttact gtagacacta atggtgttta tagtgaacct 4380
 cgccctattg gaacccggtg tctcacacga aacttgtgaa tcctgggttaa tcaataaacc 4440
 gttaatttcg ttccagttga actttggctc ttgtgcactt ctttatcttt atcttgtttc 4500
 catggctact gcgtagataa gcagcggcct gcggcgcttg cgcttcgagg tttaacaactg 4560
 ctggttaata tttaactctc gccatacctc tagtgatgga gttggccact cccctctatgc 4620
 gcactcgctc gctcgggtgg gcctggcgac caaaggctcg cagacggacg tgctttgcac 4680

10

20

30

gtccggcccc accgagcgag cgagtgcgca tagagggagt ggccaa

4726

<210> 9
 <211> 3098
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.2

<400> 9
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgata tgggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgctgga ccaaagtgc aagtcttcg 180
 ccagatcga tcccacccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gctgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
 aactcaccgc ccgtctggag cagacttttg gcaagggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcgctg ggcgcaggat cactgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagaccg gccccgatg acgcgataa aagcgagccc aagcgggcct 480
 gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggatcca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg ttccctgca 600
 agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt caccgacggg accagagact 660
 gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggc cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgcctggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgacc gtgtttctga gcaataaatg acttaacca 840
 ggtatggctg ccgatggta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggag agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccat agaatcccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320
 cagcagcccc ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgcc 1380
 gacccccaac ctctcgaga acctcccgcc gcgccctcag gtctgggata tggtaaatg 1440
 gctgcaggcg gtggcgacc aatggcagac aataacgaag gcgcggacgg agtgggtaat 1500
 gcctccggaa attggcattg cgattccaca tggctgggag acagagtcac caccaccagc 1560
 acccgcacct gggccctgcc cactacaac aaccacctct acaagcagat atcaagtcag 1620
 agcggggcta ccaacgacaa ccacttcttc ggctacagca cccctgggg ctattttgac 1680

10

20

30

ttcaacagat tccactgcca cttctcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 1740
 tggggattcc ggcccagaaa gctgcggttc aagttgttca acatccaggt caaggaggtc 1800
 acgacgaacg acggcggttac gaccatcgct aataacctta ccagcacgat tcaggtcttc 1860
 tcggactcgg agtaccgaact gccgtacgtc ctccggtctg cgcaccaggg ctgcctccct 1920
 ccgttccctg cggacgtgtt catgattcct cagtacggat atctgactct aaacaacggc 1980
 agtcagtctg tgggacgttc ctccctctac tgccctggagt actttccttc tcagatgctg 2040
 agaacgggca ataactttga attcagctac acctttgagg aagtgccttt ccacagcagc 2100
 tatgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaatcccc tcacgacca gtacctgtac 2160
 tacctggccc ggaccagag cactacgggg tccacaaggg agctgcagtt ccacaggtct 2220
 gggcccaaca ccatggccga gcaatcaaag aactggctgc ccggaccctg ttatcggcag 2280
 cagagactgt caaaaaacat agacagcaac aacaacagta actttgcctg gaccggggcc 2340
 actaaatacc atctgaatgg tagaaattca ttaaccaacc cgggcgtagc catggccacc 2400
 aacaaggacg acgaggacca gtctcttccc atcaacggag tgctgggtttt tggcgaaacg 2460
 ggggctgcca acaagacaac gctggaaaac gtgctaataa ccagcgagga ggagatcaaa 2520
 accaccaatc ccgtggctac agaagaatac ggtgtggtct ccagcaacct gcaatcgtct 2580
 acggccggac ccagacaca gactgtcaac agccaggggg ctctgcccgg catggtcttg 2640
 cagaaccggg acgtgtacct gcagggtccc atctgggcca aaattcctca cacggacggc 2700
 aactttcacc cgtctccct gatggcgga tttggactca aacaccggc tcctcaaat 2760
 ctcatcaaaa acaccgggt acctgcta atctccagag tggttactcc tgccaagttt 2820
 gcctcatlta tcacgcagta cagcaccggc caggtcagcg tggagatcga gtgggaactg 2880
 cagaaagaaa acagcaaacg ctggaatcca gagattcagt acacctcaaa ttatgccaag 2940
 tctaataatg tggaatttgc tgtcaacaac gaaggggttt atactgagcc tcgccccatt 3000
 ggcaccggtt acctcaccg taacctgtaa ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc 3060
 gtttcagttg aactttggc tctgcgaagg gcgaattc 3098

<210> 10
 <211> 3098
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 16.3

<400> 10
 gaattcgccc ttgcagaga ccaaagtcca actgaaacga atcaaccggg ttattgatta 60
 acaagtaatt acaggttacg ggtgaggtaa cgggtgcca tggggcgagg ctcagtataa 120
 accccttcgt tgttgacagc aaattccaca ttattagact tggcataatt tgagggttac 180
 tgaatctctg gattccagcg ttgtgtgttt tctttctgca gttccactc gatctccag 240

10

20

30

ctgacctggc cggtgctgta ctgctgata aatgaggcaa actaggcagg agtaaacacc 300
 cctggaggat tagcaggtag cggggtgttt ttgatgagaa ttgaggagg cgggtgtttg 360
 agtccaaatc cgcctcatcg gggagacggg tgaagttgc cgtccgtgtg aggaattttg 420
 gccagatgg gacctcgag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc gggcagagcc 480
 ccctggctgt tgacagtctg tgtctggggt cgggccgtag acgattgcag gttgctggag 540
 accacaccgt attcttctgt agccaaggga ttggtggttt tgatctcttc ctgctggtc 600
 attagcacgt tttccagcgt tgcctgttg gcagccccg ttttgccaaa aaccagcact 660
 ccgttgatgg gaaagaactg gccctcgtcg tcttctgttg tggccatggc tacgcccggg 720
 ttggttaatg aatttctacc attcagatgg tatctagtgg ccccggtcca ggcaaagtta 780
 ctgttgttgt tgcgtcttat gttttttgac agtctctgct gccgataaca gggtcggggc 840
 agccagttct ttgattgctc ggccatggtg ttggggccag cctgatggaa ctgcagctcc 900
 cttgtggacc ccgtagtgtc ctgggtcccg gccaggtagt acagggtactg gtcgatgagg 960
 ggattcatca gccgggtccag gctctggctg tgcgcatagc tgcgttggaagg ggcacttcc 1020
 tcaaagggtg agctgaattc aaagtatttg cccgttctca gcattctaga aggaaagtac 1080
 tccaggcagt agaaggagga acgtcccata gactgactgc cgttgtttag agtcagatat 1140
 ccgtactgag gaatcatgaa cacgtccgca gggaaacggg ggaggcagcc ctggtgcgca 1200
 gagccgagga cgtacggcag ttggtactcc gaggccgaga agacctgaat cgtgctggta 1260
 aggttattag cgtatggtgt aacgccgtcg ttcgtctgta cctccttgac ctggatgttg 1320
 aacaacttga accgcagctt tctgggcccg aatccccagt tgttgttgat gagtccgtgc 1380
 cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtgaat ctgttgaagt caaatagcc ccaggggtg 1440
 ctgtagccga agaagtgtt gtcgttggtg gcccgcctct gacttgatat ctgctttag 1500
 aggtggttgt ttaggtggg caggggccag gtgcgggtgc tgggtggtgat gactctgtcg 1560
 ccagccatg tggaaatcga atgccaattt ccggaggcat taccactcc gtcggcgct 1620
 tcgttattgt ctgccattgg tgcgccaccg cctgcagcca ttgtaccaga tcccagacct 1680
 gagggcgcg cgggaggttc tccgagaggt tgggggtcgg gcaactgactc tgagtcgcca 1740
 gtctgcccaa agttgagctt ctttttagcg ggctgctggc cttctctgcc gatgccgtg 1800
 gaggagtcgg gggattctat gggctcttc tttccaggag ccgtcttagc gccttctca 1860
 accagaccga gaggttcgag aaccgccttc ttggcctgga agactgctcg cccgaggttg 1920
 ccccaaaag acgtatcttc ttgaagacgc tccgtgaaact cagcgtcggc gtggtgttac 1980
 ttgaggtacg ggtgtgcccc ctgctcgagc tgcctgtcgt aggccttgc gtgctcgagg 2040
 gccgcggcgt ctgcctcgtt gaccggctct ccttctgca gtcggttga gggtcgagg 2100
 tacttgtagc caggaagcac cagaccccg ccgtcgtcct gcttttgctg gttggcttg 2160

10

20

30

ggtttcgggg ctccagggtt caagtcaccac cactcgcgaa tgccctcaga gaggttggtcc 2220
 tcgagccaat ctggaagata accatcggca gccatacctg gtttaagtca ttatttgctc 2280
 agaaacacag tcatccagggt ccacgttgac cagatcgcag gccgagcaag caatctcggg 2340
 agcccccccc agcagatgat gaatggcaca gagtttcga tacgtctctt ttctgacgac 2400
 cggttgagat tctgacacgc cggggaacaa ttctgaacag tctctggtcc cgtgcgtgaa 2460
 gcaaatgttg aaattctgat tcattctctc gcatgtcttg cagggaacaa gcatctgaag 2520
 catgccccgc tgacgagaac atttgttttg gtacctgtcg gcaaagtcca ccggagctcc 2580
 ttccgcgtct gacgtcgatg gatccgcgac tgaggggcag gcccgcttg gctcgctttt 2640
 atccgcgtca tggggggcgg gcctcttggt ggctccacc tttctgacgt agaactcatg 2700
 cgccacctcg gtcacgtgat cctgcgcca gccgaagaac tctttgactt cctgctttgt 2760
 cactttgcca aagtctgtct ccagacggcg ggtgagttca aatttgaaac tccggtcttg 2820
 taacggctgc tgggtgctga aggtgggtgt gttcccgta atcacggcg acatgttggt 2880
 gttggaagtg acgatcacgg ggggtggatc gatctgggg gacgacttgc acttttggtc 2940
 cagcgcacc ttgctgcgcg cgagaatggc cttggcggac tccacgacct tggccgtcat 3000
 cttgccctcc tcccaccaga tcaccatctt gtcgacgcaa tcgttgaagg gaaagtctc 3060
 attggtccag ttgacgcagc cgtagaagg gcgaattc 3098

<210> 11
 <211> 3121
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 29.3

<400> 11
 gaattcgccc ttgcgagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60
 acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgggtgccga tggggcgagg ctccagaataa 120
 gtgccatctg tgttaacagc aaagtcacaa ttgttagatt tgttagtagt ggaagtgtat 180
 tgaatctctg ggttcacagc ttgtctgttt tctttctgca gctcccatto aatttccacg 240
 ctgacctgtc cgggtgtgta ctgctgtatg aacgacgcca gcttagcttg actgaaggta 300
 gttggaggat ccgcgggaac aggtgtattc ttaatcagga tctgaggagg cgggtgtttc 360
 agtccaaaag ccccatcagc cggcgaggga tgaaagtctc cgtccgtgtg aggaatcttg 420
 gccagatag gacctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggttaaggct 480
 ccttgactgt tgacggcccc tacaatagga cggcggtttt gctgttgagc gttatcggcc 540
 accacgccgt actgttctgt ggccactggg ttggtgggtt taatttcttc ctcaactggt 600
 agcataacgc tgctatagtc cagttgcct tttccagtc cctgtttccc aaacattaag 660
 actccgctgg acggaaaaaa tcgctcttcg tcgtccttgt gggttgccat agcgacaccg 720
 ggattttacca gagagtctct gccattcaga tgatacttgg tggcaccggt ccaggcaaag 780

10

20

30

ttgctgttgt tattttgcga cagtgtcgtg gagacgcgtt gctgccggta gcagggcccg 840
 ggtagccagt ttttgccctg agccgacatg ttattaggcc cggcctgaga aaatagcaac 900
 tgctgagttc ctgccgtacc tcccgtggac tgagtcggag acaggtagta cagggtactgg 960
 tcgatgaggg gggtccatcag ccgggtccagg ctttggtgtg gcgcgtagct gctgtgaaaa 1020
 ggcacgtcct caaactggta gctgaactca aagtgtgtgc ccgttctcag catttgagaa 1080
 ggaaagtact ccaggcagta gaaggaggaa cggcccacgg cctgactgcc attgttcaga 1140
 gtcagggtacc cgtactgagg aatcatgaag acgtccgccg ggaacggagg caggcagccc 1200
 tggcgccgag agccgaggac gtacgggagc tgggtattccg agtccgtaaa gacctgaatc 1260
 gtgctggtaa gggtattggc gatggtcttg gtgccttcat tctgcgtgac ctccctgacc 1320
 tggatgttga agagcttgaa gttgagtctc ttgggccgga atccccagtt gttgttgatg 1380
 agtcgctgcc agtcacgtgg tgagaagtgg cagtggaaac tgttaaagtc aaaatacccc 1440
 caggggggtgc tgtagccgaa gtagggtgtg tcgttggtgc ttctctccga agtcccgttg 1500
 gagatttgc tgtagaggtg gttgttgtag gtggggaggg cccaggttcg ggtgctggtg 1560
 gtgatgactc tgcgcccgac ccattgtgaa tcgcaatgcc aatttctctga ggaactaccc 1620
 actccgtcgg cgccctcgtt attgtctgcc attgaggcgc caccgcctgc agccattgta 1680
 ccagatccca gaccagaggg gcctgcgggg ggttctccga ttggttgagg gtccggcact 1740
 gactctgagt cgcagctctg cccaaagtgt agtctctttt tcgggggctg ctggccttct 1800
 ttgccgatgc ccgtagtgga gtctggagaa cgctgggggtg atggtctctac cgtctctctc 1860
 ttccaggag ccgtctctag cccttctcga accagaccga gaggttcgag aaccgccttc 1920
 ttggccctga agactgctg tccgaggttg ccccaaaag acgtatcttc ttgcagacgc 1980
 tcttgaaact cggcgctcggc gtggttatatc cgcaggtacg gattgtcacc cgctttgagc 2040
 tgctggctgt aggccttctc gtgctcgagg gccgctcgt ccgcgcgctt gacgggctcc 2100
 cccttgctga gtccgttgaa ggtccgagg tacttgtagc cagggaagcac cagaccccg 2160
 ccgtcgtcct gcttttctg gttggcttct ggcttcgggg ctccaggttt cagcgccac 2220
 cactcgcgaa tgccctcaga gaggtgtgcc tcgagccaat ctggaagata accatcgga 2280
 gccatacctg atctaaatca tttattgttc aaagatgcag tcattccaaat ccacattgac 2340
 cagatcgag gcagtgaag cgtctggcac ctttcccatg atatgatgaa ttagcacag 2400
 tttctgatac gcctttttga cgacagaaac ggggttgagat tctgacacgy gaaagcactc 2460
 taaacagtct ttctgtccgt gagtgaagca gatatttgaa ttctgattca ttctctcgca 2520
 ttgtctgcag ggaacagca tcagattcat gccacgtga cgagaacatt tgttttggtg 2580
 cctgtccgcg tagttgatcg aagcttccgc gtctgacgtc gatggctgcg caactgactc 2640
 gcgcaccctg ttgggctcac ttatatctgc gtcactgggg gcgggtcttt tcttggtcc 2700

10

20

30

```

accctttttg acgtagaatt catgctccac ctcaaccacg tgatcctttg cccaccggaa 2760
aaagtctttg acttctctgt tggtagacct cccaaagtca tgatccagac ggcgggtgag 2820
ttcaaatttg aacatccggg cttgcaacgg ctgctggtgt tcgaaggtcg ttgagttccc 2880
gtcaatcacg gcgcacatgt tgggttttga ggtgacgac acgggagtcg ggtctatctg 2940
ggccgaggac ttgcatttct ggtccacgag caccttgctt cctccgagaa tggctttggc 3000
cgactccacg accttggcgg tcactttccc ctctccccc cagatcacca tcttgctgac 3060
acagtcgttg aagggaaagt tctcattggt ccagttgacg cagccgtaga agggcgaatt 3120
c 3121

```

```

<210> 12
<211> 3121
<212> DNA
<213> new AAV serotype, clone 29.4

```

```

<400> 12
gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgactg 60
tgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga ggggaagatg accgccaaag tcgtggagtc 120
ggccaaagcc attctcggag gaagcaaggt gcgcgtggac cagaaatgca agtcctcggc 180
ccagatagac ccgactcccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240
cgggaactca acgaccttcg aacaccagca gccgttgcaa gaccggatgt tcaaatttga 300
actcaccgcg cgtctggatc atgacttttg gaaggtcacc aagcagggaag tcaaagactt 360
tttccggttg gcaaaggatc acgtggttga ggtggagcac gaattctacg tcaaaaaggg 420
tggagccaag aaaagaccgg cccccagtga cgcagatata agtgagccca aacgggtgcg 480
cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga cgcggaagct tcgatcaact acgcagacag 540
gtacaaaaac aaatgttctc gtcacgcggg catgaatctg atgctgtttc cctgcagaca 600
atgcgagaga atgaatcaga attcaatat ctgcttccct caccgacaga aagactgttt 660
agagtgcttt cccgtgtcag aatctcaacc cgtttctgtc gtcaaaaagg cgtatcagaa 720
actgtgctac attcatcata tcatgggaaa ggtgccagac gcttgcaact cctgcgatct 780
ggtcgatgtg gatttggatg actgcatctt tgaacaataa atgatttaaa tcaggatag 840
ctgccgatgg ttatctttcc gattggctcg aggacaacct ctctgagggc attcgcgagt 900
ggtgggcgct gaaacctyga gccccgaag ccaaagccaa ccagcaaaag caggacggcg 960
gccggggtct ggtgcttctt ggttacaagt acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg 1020
gggagccctt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc 1080
agctcaaagc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgcgcagcgc gattttcagg 1140
agcgtctgca agaagatacg tcttttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc ttccaggcca 1200

```

10

20

30

agaagcgggt tctcgaacct ctcggtcttg ttgaggaagg cgctaagacg gctcctggaa 1260
 agaagagacc ggtagagcca tcaccccagc gttctccaga ctccctctacg ggcacggca 1320
 agaaaggcca gcagcccgcg aaaaagagac tcaacttttg gcagactggc gactcagagt 1380
 cagtgcccgga ccctcaacca atcggagaa ccccccagc cccctctggt ctgggatctg 1440
 gtacaatggc tgcaggcggg ggcgctccaa tggcagacaa taacgaaggc gccgacggag 1500
 tgggtagttc ctacagaaat tggcattgca attccacatg gctgggcgac tgagtcatca 1560
 ccaccagcac ccgaacctgg gccctcccca cctacaacaa ccacctctac aagcaaatct 1620
 ccaacgggac ttcgggagga agcaccacg acaacaccta cttcggctac agcaccacct 1680
 gggggtatct tgactttaac agattccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac 1740
 tcatcaacaa caactgggga ttccggccca agagactcaa cttcaagctc ttcaacatcc 1800
 aggtcaagga ggtcacgcag aatgaaggca ccaagaccat cgccaataac cttaccagca 1860
 cgattcaggt ctttacggac tcggaatacc agctcccgta cgtcctcggc tctgcgcacc 1920
 agggctgcct gcctccgttc ccggcggacg tctcatgat tctcagtagc gggtagctga 1980
 ctctgaacaa tggcagtcag gccgtgggac gttcctcctt ctactgcctg gagtactttc 2040
 cttctcaaat gctgagaacg ggcaacaact ttgagttcag ctaccagttt gaggacgtgc 2100
 cttttcacag cagctacgcg cacagccaaa gctgggaccg gctgatgaac cccctcactg 2160
 accagtacct gtactacctg tctcggactc agtccacggg aggtaccgca ggaactcagc 2220
 agttgctatt ttctcaggcc gggcctaata acatgtcggc tcaggccaaa aactggctac 2280
 ccgggccctg ctaccggcag taacgcgtct ccacgacact gtgcgaaaat aacaacagca 2340
 actttgtctg gaccggtgac accaagtatc atctgaatgg cagagactct ctggtagatc 2400
 ccggtgtcgc tatggcaacc cacaaggacg acgaagagcg attttttccg tccagcggag 2460
 tcataatggt tgggaaacag ggagctggaa aagacaacgt ggactatagc agcgtcatgc 2520
 taaccagtga ggaagaaatt aaaaccacca acccagtggc cacagaacag tacggcgtgg 2580
 tggccgataa cctgcaacag caaaacgcg ctctatttgt aggggccgct aacagtcaag 2640
 gagccttacc tggcatggc tggcagaacc gggacgtgta cctgcagggc cctacctggg 2700
 ccaagattcc tcacacggac ggaaactttc atccctcgcc gctgatggga ggctttggac 2760
 tgaacacccc gcctcctcag atcctgatta agaatacacc tgttcccgcg gatcctccaa 2820
 ctaccttcag tcaagctaag ctggcgctct tcatcacgca gtacagcacc ggacagggtca 2880
 gcgtggaaat tgaatgggag ctgcagggaag aaaacagcaa acgctgggaa ccagagattc 2940
 aatacacttc caactactac aaatctacaa atgtggactt tgctgttaac acagatggca 3000
 cttattctga gcctcgcgcc atcggcaccg gttacctcac ccgtaatctg taattgcttg 3060
 ttaatcaata aaccggttga ttctgttcag ttgaactttg gtctctgcga agggcgaatt 3120

10

20

30

c

3121

<210> 13
 <211> 3121
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 29.5

<400> 13
 gaattcgccc ttccgagagac caaagttcaa ctgaaacgaa tcaaccgggt tattgattaa 60
 caagcaatta cagattacgg gtgaggtaac gggcgccgat gggcgaggc tcagaataag 120
 tgccatctgt gttaacagca aagtcacat ttgtagattt gtagtagttg gaagtgtatt 180
 gaatctcttg gttccagcgt ttgctgtttt cttctgcag ctccattca atttccagc 240
 tgacctgtcc ggtgctgtac tgcgtgatga acgacgccag cttagcttga ctgaaggtag 300
 ttggaggatc cgcgggaaca ggtgtattct taatcaggat ctgaggaggc ggggtgttca 360
 gtccaaagcc tcccatcagc ggcgagggat gaaagtctcc gtccgtgtga ggaatcttg 420
 ccagatagg accctgcagg tacacgtccc ggttctgcca gacctgcca ggtaaggctc 480
 ctgactgtt gacggccctt acaataggag cggcgtttt ctgttcagg ttatcggcca 540
 ccacgccgta ctgttctgtg gccactgggt tgggtgtttt aatttcttcc tcaactgtta 600
 gcataacgct gctatagtc accgtgtctt ttccagctcc ctgtttccca aacattaaga 660
 ctccgctgga cggaaaaaat cgtctctctg cgtccttgtg ggttgccata gcgacaccg 720
 gatttaccag agagtctctg ccattcagat gatacttggg ggcaccggc caggcaaagt 780
 tgcgtttgtc attttgcag agtgcgttg agacgcgtt ctgccgtag cagggcccg 840
 gtagccagtt tttggcctga gccgacatgt tattaggccc ggcctgagaa aatagcaact 900
 gctgagttcc tgcggtacct cccgtggact gagtccgaga caggtagtac aggtactgg 960
 cgatgagggg gttcatcagc cggtcacaggc ttggcctgtg cgcgtagctg ctgtgaaaag 1020
 gcacgtcttc aaactgtag ctgaactcaa agttgttgcc cgttctcagc atttgagaag 1080
 gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac ggcccacggc ctgactgcca ttgttcagag 1140
 tcaggtaacc gtactgagga atcatgaaga cgtccgccgg gaacggaggc aggcagccct 1200
 ggtgcgcaga gccgaggacg tacgggagct ggtattccga gtccgtaaaag aactgaatcg 1260
 tgctggtaag gttattggcg atggctcttg tgccttcatt ctgcgtgacc tccttgacct 1320
 ggatgttgaa gagcttgaag ttgaggtctt tgggcccga tcccagttg ttgttgatga 1380
 gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttaaagtca aaatacccc 1440
 agggggtgct gtagccgaag taggtgttgt cgttggtgct tcctcccga gtcccgttg 1500
 agatttgctt gtagaggtag ttgtttagg tggggagggc ccagggttcg gtgctggtag 1560
 tgatgactcc gtcgcccagc catgtggaat cgcaatgcca atttctgag gaactaccca 1620
 ctccgtcggc gccttcgtta ttgtctgcca ttggagcgcc accgcctgca gccattgtac 1680

10

20

30

cagatcccag accagagggg cctgcggggg gttctccgat tgggtgaggg tcgggcactg 1740
 actctgagtc gccagtctgc ccaaagttga gtctcttttt cgcgggctgc tggcctttct 1800
 tgccgatgcc cgtagaggag totggagaac gctgggggtga tggctctacc ggtctcttct 1860
 ttccaggagc cgtcttagcg ccttcctcaa ccagaccgag aggttcgaga acccgcttct 1920
 tggcctggaa gactgctcgc ccgaggttgc ccccaaaaga cgtatcttct tgcagacgct 1980
 cctgaaactc ggcgctcgcg tggttatacc gcagggtacg attgtcacc cctttgagct 2040
 gctggctgta ggccttgctg tgctcgaggg ccgctgcgtc cgcgcgcttg acgggctccc 2100
 ccttgctgag tccgttgaag ggtccgaggt acttgtagcc aggaagcacc agaccccggc 2160
 cgtcgtcctg cttttgctgg ttggctttgg gcttcggggc tccaggtttc agcggcccacc 2220
 actcgcgaat gccctcagag aggttgcct cgagccaatc tggaagataa ccacggcag 2280
 ccatacctga tttaaactcat ttattgttca aagatgcagt catccaaatc cacattgacc 2340
 agatcgcagg cagtgcagc gtctggcacc tttcccatga tatgatgaat gtagcacagt 2400
 ttctgatacg cttttttgac gacagaaacg ggttgagatt ctgacacggg aaagcactct 2460
 aaacagtctt tctgtccgtg agtgaagcag atatttgaat tctgattcat tctctcgcat 2520
 tgtctgcagg gaaacagcat cagattcatg cccacgtgac gagaacattt gttttggtac 2580
 ctgtctcgct agttgatcga agcttcgcg tctgacgtcg atggctgcgc aactgactcg 2640
 cgcacccgtt tgggctcact tatatctgcg tcaactgggg cgggtctttt cttggctcca 2700
 ccccttttga cgtagaatc atgctccacc tcaaccacgt gatcctttgc ccaccgaaa 2760
 aagtctttga ctctctgctt ggtgaccttc ccaaagtcac gatccagacg gcgggtgagt 2820
 tcaaatttga acatccggtc ttgcaacggc tgctggtgtt cgaaggctcg tgagttcccg 2880
 tcaatcacgg cgcacatglt ggtgttgag gtgacgatca cgggagtcgg gtctatctgg 2940
 gccgaggact tgcatttctg gtccacgcgc accttgettc ctccgagaat ggctttggcc 3000
 gactccacga ccttggcgggt catcttcccc tctcccacc agatcccat cttgtcgaca 3060
 cagtcgttga agggaaagtt ctcatgtgtc cagttgacgc agccgtagaa agggcgaatt 3120
 c 3121

<210> 14
 <211> 3131
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 1-3

<400> 14
 gcggcgcga attcgccctt ggctgcgtca actggaccaa tgagaacttt ccttccaatg 60
 attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc aaggctcgtg 120
 agtcgcccaa ggccattctc ggccgcagca aggtgcgcgt ggacccaaaag tgcaagtcgt 180

10

20

30

ccgcccagat cgaccccacc cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg tgcgccgtga 240
 ttgacgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcctct ccaggaccgg atgtttaagt 300
 tcgaactcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gacaaagcag gaagtcaaag 360
 agttcttccg ctggggccagt gatcacgtga ccgaggtggc gcatgagttt tacgtcagaa 420
 agggcggagc cagcaaaaga cccgcccccg atgacgcgga taaaagcgag cccaagcggg 480
 cctgccccct agtcgcggat ccacgcagct cagacgcgga aggagctccg gtggactttg 540
 ccgacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc acgcgggcat gcttcagatg ctgtttccct 600
 gcaaaacgtg cgagagaatg aatcggaatt tcaacatttg cttcacacac ggggtcagag 660
 actgctcaga gtgtttcccc ggcgtgtcag aatctcaacc ggtcgtcaga aagaggacgt 720
 atcggaaact ccgtgcgatt catcatctgc tggggcgggc tcccgagatt gcttgctcgy 780
 cctgcgatct ggtcaacgtg gacctggatg actgtgttct tgagcaataa atgacttaaa 840
 ccaggatatg ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc 900
 attcgcgagt ggtggggcgt gaaacctgga gccccgaagc ccaaagccaa ccagcaaaag 960
 caggacgacg gccgggggtct ggtgcttctt ggtacaagt acctcggacc cttcaacgga 1020
 ctcgacaagg gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg cctcgcagca cgacaaggct 1080
 tacgaccagc agctgcaggc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgcgcagccc 1140
 gagtttcagg agcgtctgca agaagatacg tcttttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc 1200
 ttccaggcca agaagcgggt tctcgacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg 1260
 gctcctggaa agaagagacc ggtagagcca tcacccagc gttctccaga ctctctacg 1320
 ggcatcggca agaaaggcca acagcccgcc agaaaaagac tcaatttttg tcagactggc 1380
 gactcagagt cagttccaga ccctcaacct ctgggagaac ctccagcagc gccctctggt 1440
 gtgggacctt atacaatggc tgcaggcggg gccgcaccaa tggcagacaa taacgaaggc 1500
 gccgacggag tgggtagtct ctcgggaaat tggcattgct attccacatg gctgggcgac 1560
 agagtcatca ccaccagcac ccgaacctgg gccctgccc cctacaacaa ccacctctac 1620
 aagcaaatct ccaacgggac atcgggagga gccaccaacg acaacacctt cttcggctac 1680
 agcaccacct ggggttattt tgactttaac agattccact gccaccttt accacgtgac 1740
 tggcagcgac tcatcaacaa caactgggga ttccgaccca agagactcag cttcaagctc 1800
 ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgcag aatgaaggca ccaagaccat cgccaataac 1860
 ctccaccagc ccatccaggt gtttacggac tcggagtacc agctgccgta cgttctcggc 1920
 tctgtccacc agggctgcct gcctccgttc ccggcgagc tgttcattgat tcccagtac 1980
 ggctacctaa cactcaacaa cggtagtcag gccgtgggac gctcctcctt ctactgcctg 2040
 gaatactttc cttcgcagat gctgagaacc ggcaacaact tccagtttac ttacaccttc 2100

10

20

30

gaggacgtgc ctttccacag cagctacgcc cacagctaga gcttggaccg gctgatgaat 2160
 cctctgattg accagtacct gtactacttg tctcggactc aaacaacagg aggcacggca 2220
 aatacgcaga ctctgggctt cagccaaggt gggcctaata caatggccaa tcaggcaaaag 2280
 aactggctgc caggaccctg ttaccgcca caacgcgtct caacgacaac cgggcaaaac 2340
 aacaatagca actttgcttg gactgctggg accaaatacc atctgaatgg aagaaattca 2400
 ttggctaate ctggcatcgc tatggcaaca cacaagacg acgaggagcg tttttttccc 2460
 agtaacggga tcctgatttt tggcaaacaa aatgctgcc aagacaatgc ggattacagc 2520
 gatgtcatgc tcaccagcga ggaagaaatc aaaaccacta accctgtggc tacagaggaa 2580
 tacggtatcg tggcagataa cttgcagcag caaaacacgg ctctcctcaat tggaaactgtc 2640
 aacagccagg gggccttacc cggatatgtc tggcagaacc gggacgtgta cctgcagggt 2700
 cccatctggg ccaagattcc tcacacggac ggcaacttcc acccgctctc gctgatgggc 2760
 ggcttttgcc tgaacatcc tccgcctcag atcctgatca agaacacgcc tgtacctgcg 2820
 gatcctccga ccaccttcaa ccagtcaaag ctgaactctt tcattcacga atacagcacc 2880
 ggacaggcca gcgtggaat tgaatgggag ctgcagaagg aaaacagcaa gcgctggaac 2940
 cccgagatcc agtacacctc caactactac aaatctataa gtgtggactt tgctgttaat 3000
 acagaaggcg tgtactctga accccgcccc attggcacc gttacctcac ccgtaattctg 3060
 taattgctg ttaatcaata aaccggttga ttctgttcag ttgaactttg gtctctgcga 3120
 agggcggaatt c 3131

10

20

<210> 15
 <211> 3127
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 13-3b

<400> 15
 gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60
 attgattaac atgcaattac agattacggg tgaggtaacg agtgccaata gggcgaggct 120
 cagagtaaac accctggctg tcaacggcaa agtccacacc agtctgcttt tcaaagttgg 180
 aggtgtactg aatctccggg tccagcgct tgcgttttcc cttctgcagc tccactcga 240
 tttccacgct gacttgctcg gtgctgtact gtgtgatgaa cgaagcaaac ttggcaggag 300
 taaacacctc cggaggatba gcgggaacg gagtgttctt gatcaggatc tgaggaggcg 360
 gatgtttaag tccaaagccg cccatcaaag gagacgggtg aaagttgcc tccgtgtgag 420
 gaatcttggc ccagatggga cctgcagggt acacgtcccc gtctgtccag accatgccag 480
 gtaaggctcc ctgggtgttg acaacttgtg tctgggctgc agtattagcc gcttctaagt 540
 tgctgctgac tatcccgat tcttccgtgg ctacaggatt agtaggacga atttcttctt 600
 catctgtcat taacacattt tccaatgtag ttttgtagt tgctccagtt tttccaaaaa 660

30

tcaggactcc gctggatggg aaaaagcggc cctcgtcgtc cttgtgagtt gccatggcga 720
 cgccgggatt aaccaacgag ttcttgccgt tcaggtgata ttgggtggca ccagtccaag 780
 caaagttgct gttgttgttt tgatccagcg ttttgagac cttttgttgc cggaagcagg 840
 gtccaggtaa ccaattcttg gcttgctcgg ccatagttga aggcccgccc tggtaaaact 900
 gcagttcccg attgccagct gtgcctcctg ggtcactctg tgttctgccc aggtagtaca 960
 agtactggtc gatgagggga ttcacagcc ggccaggct ctggctgtgt gcgtagctgc 1020
 tgtggaagg cactcctcg aagctgtagc tgaactcaaa gttgttggcc gttctcagca 1080
 tctgagagg gaagtactcc aggcagtaga aggaggaacg tcccacagac tgactgccat 1140
 tgttgagagt caggtagccg tactgaggaa tcatgaagac gtccgcccgg aacggaggca 1200
 ggcagccctg gtgcgcagag ccgaggacgt acggcagctg gtattccgag tccgagaata 1260
 cctgaatcgt gctggtaagg ttattagcga tggctgtaac gccgtcattc gtcgtgacct 1320
 ccttgacctg gatgttgaag agcttgaacc gcagcttctt gggccggaat cccagttgt 1380
 tgttgatgag tcgctgccag tcacgtggtg agaagtggca gtggaatctg ttaaagtcaa 1440
 aataccccca gggggtgctg tagccgaagt aggtgttctc gttggtaacta cctgcagttt 1500
 cactggagat ttgctcgtag aggtggttgt tctaggtggg cagggccccag gttcgggtgc 1560
 tggtggtaat gactctgtcg ccagccatg tggaaatcga atgccaatct cctgaggcat 1620
 taccactcc gtccgcacct tcgttattgt ctgccattgg tgcgccaccg cctgcagcca 1680
 ctgtaccaga tcccacta gaggcgctg ctggaggttc tccgagaggt tgagggtcgg 1740
 ggactgactc tgagtccca gtctgaccga aattgagtct ctttctggcg ggtgctggc 1800
 ccttcttgcc gatgcccggt gaggagtcgg gggaacgctg aggtgacggc tctaccggtc 1860
 tcttctttgc aggagccgtc ttagccctt cctcaaccag accgagaggt tcgagaacct 1920
 gcttcttgcc ctggaagact gctcgcgcga ggttgcccc aaatgacgta tcttcttgca 1980
 gacgctcctg aaactcggcg tcggcggtgt tataccgcag gtacgggttg tcaccgcat 2040
 tgagctgtcg gtctaggcc ttgtcgtgct cgagggccgc tgcgtccgcc gcgttgacgg 2100
 gctccccctt gtcgagtcg ttgaagggtc cgaggtaact gtagccagga agcaccagac 2160
 ccgggccgtt gtctgtctt ttgtggttg ctttgggttt cggggctcca ggtttcaggt 2220
 cccaccactc gcgaatgcc tcagagaggt tgtcctcgag ccaatctgga agataacct 2280
 cggcagccat acctgattta aatcatttat tgttcaaaga tgcagtcac caaatccaca 2340
 ttgaccagat cgcaggcagt gcaagcgtct ggcaccttc ccatgatatg atgaatgtag 2400
 cacagttct gatagcctt tttagcaca gaaacgggt tagattctga cacgggaaag 2460
 cactctaaac agtctttctg tccgtgagt aagcagatat ttgaattctg attcattctc 2520
 tcgcattgtc tgcagggaaa cagcatcaga ttcatgccc cgtgacgaga acatttgttt 2580

10

20

30

tggtagctgt ctgcgtagtt gatcgaagct tccgcgtctg acgtcgatgg ctgcgcaact 2640
 gactcgcgca cccgttttggg ctcaacttata tctgcgtcac tgggggcggg tcttttcttg 2700
 gctccaccct ttttgacgta gaattcatgc tccacctcaa ccacgtaatc ctttgcccac 2760
 cggaaaaagt ctttgacttc ctgcttgggtg accttcccaa agtcatgac cagacggcgg 2820
 gtgagttcaa atttgaacat ccggtcttgc aacggctgct ggtgttcgaa ggtcgttgag 2880
 ttcccgtcga tcacggcgca catgttgggtg ttggagatga cgatcgcggg agtcgggtct 2940
 atctgggccc aggacttgca tttctgggtc acgcgcacct tgettccctc gagaatggct 3000
 ttggcgcgact ccacgacctt ggcggtcatc ttcctctct cccaccagat caccatcttg 3060
 tcgacacagt cgttgaaggg aaagtctctca ttggtccagt tgacgcagcc gtagaaaagg 3120
 cgaattc 3127

10

<210> 16
 <211> 3106
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 24-1

<400> 16
 gcggccgcca attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaacgaat caaccggttt 60
 attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120
 cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180
 aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tccactcga 240
 tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300
 taaacacctc tggaggatta gcaggtaacc gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360
 ggtgttttag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420
 gaattttggc ccagatggga ccctgcaggc acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480
 gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tctggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540
 tgctggagac cacacgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctct 600
 cgtgtgtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agccccgtt ttgccaaaaa 660
 ccagcactcc gttgatggga aagaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720
 cggccgggtt ggttaatgaa tttctacatc tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780
 caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840
 gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccattggttt gggcccagcc tgatggaact 900
 gcagctccct tgtggacccc gtagtgcctt gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960
 cgatgagggg attcatcagc cgttctaggc tctggctgtg cacatagctg ctgtggaaag 1020
 gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttattgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

20

30

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaaac gtccacacaga ctgactgccg ttgttttagag 1140
 tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200
 ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260
 tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgcgcgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320
 ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tcccagttg ttgttgatga 1380
 gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440
 aggggggtgct gtagctgaag aagtgggtgt cgttggtagc cccgctctga cttgatattc 1500
 gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggc gcgggtgctg gtggtgatga 1560
 ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatcttc ggaggcatta cccactcgtt 1620
 cggcgccctc gttattgtct gccattgttg cgcaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680
 ccagacctga gggcgcgcg gagggtctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740
 agtcgccagt ctgcccaag ttgagcttct ttttagcggg ctgctggcct ttcttgccga 1800
 tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccaggagcc gtcttagcga 1860
 ctctctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcttggaag actgctcgcc 1920
 cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980
 ggttgtactt gaggtacggg ttgtccccct gctcgagctg cttgtcgtag gccttgctgt 2040
 gctcgagggc cgcggcgtct gcctcggtga ccggtctctc cttgtcgagt ccgttggaagg 2100
 gtctgaggta cttgtagcca ggaagacca gaccccgcc gtctgctgc ttttgctggt 2160
 tggctttggg ttctggggct ccaggtttca agtcccacca ctgcggaatg ccctcagaga 2220
 ggttgtctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcat 2280
 tattgtctag aaacacagtc atccaggctc acgttgacca gatcgaggc cagcaagca 2340
 atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400
 ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460
 tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc actctctcgc atgtcttgca gggaaacagc 2520
 atctgaagca tgcccgctg acgagaacat ttgttttgg acctgtcggc aaagtccacc 2580
 ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga ttccgagctg aggggcaggc ccgcttgggc 2640
 tcgcttttat ccgcgtcctc gggggcgggt ctcttggttg cccaccctt tctgacgtag 2700
 aacccatgcy ccacctcgtt cactgatcc tgcgcccagc ggaagaacct tttgacttcc 2760
 tgctttgtca ccttgccaaa gttatgctcc agacggcggg tgggttcaaa tttgaacatc 2820
 cggctctgca acggctgctg gtgctcgaag gtggcgctgt tcccgtaat caggcgccac 2880
 atgttggtgt tgagggtgac ggtcacggg gtggggtcga tctgggcgga cgacttgac 2940
 ttttggtcca cgcgcacctt gctgcgcgc agaattggct tggcggactc cagaccttg 3000

10

20

30

gcgcgtcatct tgcctctctc ccaccagatc accatcttgt cggcgcaatc gttgaaggga 3060
 aagttctcat tgggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3106

<210> 17
 <211> 3102
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 27-3

<400> 17
 gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaacgaat caaccggttt 60
 attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120
 cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180
 aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgcgttttcc tttctgcagt tccactcga 240
 tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300
 taaacacctc tggaggatta gcaggtagcg ggggtgtttt gatgagaatt tgaggaggcg 360
 ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420
 gaatttcggc ccagatggga cctgcagggt acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480
 gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tccgggggtc gcccgtagac gattgcagggt 540
 tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctctctct 600
 cgtgtgtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttgcc agccccgtt ttgccaaaaa 660
 ccagcactcc gttgatggga aggaactggc cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720
 cggccgggtt ggtaaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780
 caaagttact gttgtgtgtg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840
 gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccacgggtgt gggcccagcc tgatggaact 900
 gcagctccct tgtggacccc gtagtgcctt gggtcggggc caggtagtac aggtactggt 960
 cgatgagggg attcatcagc cggtcacagg tctggctgtg cgcatagctg ctgtggaaag 1020
 gcacttcctc aaagggtgtag ctgaattcaa agttattgcc cgttctcagc atctgagaag 1080
 gaaagtactc caggcagcag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgttttagag 1140
 tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200
 ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260
 tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgcgctcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320
 ggatgttgaa caacttgaa cgcagctttc tgggcccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380
 gtcgctgccg gtacagtggt gagaagtggc agtggaaatc gttgaagtca aaatagcccc 1440
 aggggggtgct gtagccgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatctct 1500
 gcttgtagag gtggttggtg taggtgggca gggcccagggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560
 ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatctcc ggaggcatta cccactccgt 1620

10

20

30

cggcgcccttc gttattgtct gccattggtg cggcaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680
 ccagacctga gggcgccggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740
 agtcgccagt ctgccc aaag ttgagcttct ttttagcggg ctgctggcct ttcttgccga 1800
 tgcccggtga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccggaagcc gtcttagcgc 1860
 ctctctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920
 cgagggttgc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980
 ggttgtactt gaggtacggg ttgtccccc gtctgagctg cttgtcgtag gccttgctgt 2040
 gctcgagggc cggggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgtag ccgttgaagg 2100
 gtccgaggtg cttgttagcca ggaagacca gaccccgcc gtctcctgc ttttgcgtgt 2160
 tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctgcggaatg cctcagaga 2220
 ggttgtcttc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280
 tattgtctag aaacacagtc atccaggctc acgttgacca gatcgaggc cgagcaagca 2340
 atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttcgata cgtctctttt 2400
 ctgacgaccg gttgagatc tgacacgcc gggaacatt ctgaacagtc tctggtccc 2460
 tgctgaagc aaatgttga attctgattc attctctgc atgtcttgca gggaaacagc 2520
 atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttgg acctgtcggc aaagtccacc 2580
 ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgtatga tccgcgactg aggggcaagc ccgcttgggc 2640
 tcgcttttat ccgcgtcctc gggggcgggt ctcttggttg ctccaccctt tctgacgtag 2700
 aactcatgcg ccacctcggg cactgatcc tgcgccagc ggaagaactc tttgacttcc 2760
 tgctttgtca ccttgccaaa gtcgtctcc agacggcggg tgagttcaaa ttgaaacatc 2820
 cggctcttga acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtaac caggcgccac 2880
 atgttggtgt tggaaagtac gatcacggg gtgggatcga tctggcgga cgacttgac 2940
 ttttggtcca cgcgcacctt gctgcgcgcg agaatggcct tggcggaact caccaccttg 3000
 gccgtcatct tgccctctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga 3060
 aagttctcat tgggtccagtt gacgcagccg aaggcgcaat tc 3102

<210> 18
 <211> 3106
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 7-2

<400> 18
 cgggcgcga attcgcctt cgcagagacc aaagttcaac tgaacgaat cagccggttt 60
 attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120
 cagtataaac ccttcggtt ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

10

20

30

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tccactcga 240
 tctccacgct gacctggcgg gtgctgtact gcttgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300
 taacacacctc tggagygatta gcaggtaccg ggggtgtttt gatgagaatt tgaggaggcg 360
 ggtgttttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420
 gaattttggc ccagatggga cctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480
 gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tctgggggtcc ggcgctagac gattgcaggt 540
 tgctggagac cacacgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtgggtttg atctcctcct 600
 cgctggcat tagcagttt tccagcgttg tcttgttggc agccccgtt ttgcaaaaa 660
 ccagcactcc gttgatggga aagaactggc cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720
 cgcccggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggc ccggtccagg 780
 caaagtact gttgtgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840
 gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccattggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900
 gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtcggggc caggtagtac aggtactggt 960
 cgatgagggg attcatcagc cggtcacaggc tctggctgtg cgcatacgtc ctgtggaaag 1020
 gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttatcgcc cgttctcagc atctgagaag 1080
 gaaagtactc caggcagtag aaggaggaaac gtcccacaga ctgactgccg ttgttttagag 1140
 tcagatatcc gtactagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200
 ggtgcgcaga gcagaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260
 tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgcgcgtctt cgtcgtgacc tccctgacct 1320
 ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggcccggaa tcccagttg ttgttgatga 1380
 gtcgtgccca gtccagtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440
 aggggggtgct gtagccgaag aagtgggtgt cgttggttagc cccgctctga cttgatattc 1500
 gcttgtagag gtggtgtgtg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560
 ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatctcc ggaggcatta cccactccgt 1620
 cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgcaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680
 ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740
 agtcgccagt ctgccaaaag ttgagcttct ttttagcggg cggctggccg ttcttgccga 1800
 tgcccggtga ggagtcggg gattctatgg gtctcttctt tccaggagcc gtcttagcgc 1860
 ctctctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt gccctggaag actgctcgcc 1920
 cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980
 ggttgtactt gaggtacggg ttgtcccccct gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040
 gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcagat ccgttgaagg 2100

10

20

30

gtccgaggta cctgtagcca ggaagcacca gaccccgccc gtccgtccgc ttttgcctgt 2160
 tggctttggg tttcggggct ccagggttca agtcccacca ctccggaatg ccctcagaga 2220
 ggttgccctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc cataacctgg ttaagtcatt 2280
 tattgtctcag aaacacagtc atccagggtc acgtttggcca gatcgcaggc cgagcaagca 2340
 atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtccctctt 2400
 ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctgggtccg 2460
 tgcgtgaagc aaatggtgaa attctgattc attctctcgc atgtcttgca ggggaacagc 2520
 atctgaagca tgcccgcggt acgagaacat ttgttttggg acctgtcggc aaagtccacc 2580
 ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc 2640
 tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag 2700
 aactcatacg ccacctcggt cactgatcc tgcccccagc ggaagaactc tttgacttcc 2760
 tgctttgtca ccttgccaaa gtcattctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc 2820
 cggctcttga acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat caccggcac 2880
 atgttggtgt tggaagtgcg gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga cgaactgcac 2940
 ttttgggtcca cgcgcacctt gctgcgcgcg agaatggcct tggcggactc caccaccttg 3000
 gccgtcatcc tgccctccct ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga 3060
 aagttctcat tggtcagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3106

<210> 19
 <211> 3105
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone C1

<400> 19
 gaattcgccc ttgtgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 60
 acaagatggg gatctggtgg gaggagggca agatgaccgc caaggtcgtg gagtccgcca 120
 aggccattct gggcggaagc aagggtcgcg tggacaaaaa gtgcaagtca tcggcccaga 180
 tcgaccccac gcccgatgat gtcacctcca acaccaacat gtgcgcctgt atcgacggga 240
 acagcaccac cttcgagcac cagcagccgc tgcaggaccg catgttcaag ttcgagctca 300
 cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgaccaagca ggaagtcaaa gagtctcttc 360
 gctgggctca ggatcacgtg actgaggtgg cgcattgagt ctacgtcaga aagggcggag 420
 ccacaaaaag acccgccccc agtgacgcgg atataagcga gcccagcgg gcctgccctt 480
 cagttgcgga gccatcgacg tcagacgcgg aagcaccggt ggactttgcg gacaggtacc 540
 aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggcatgc ttcagatgct gtttccctgc aagacatgcg 600
 agagaatgaa tcagaatttc aacgtctgct tcacgcacgg ggtcagagac tgctcagagt 660
 gcttccccgg cgcgtcagaa tctcaacctg tcgtcagaaa aaagacgtat cagaaactgt 720

10

20

30

gcgcgattca tcattctgctg gggcgggcac ccgagattgc gtgttcggcc cgcgatctcg 780
 tcaacgtgga cttggatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc aggtatggct 840
 gctgacgggt atcttcacaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat tcgcgagtgg 900
 tgggacctga aacctggagc ccccaagccc aaggccaacc agcagaagca ggacgacggc 960
 cggggctctg tgcttctctg ctacaagtac ctcggaacct tcaacggact cgacaagggg 1020
 gagcccgta acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta cgaccagcag 1080
 ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga gtttcaggag 1140
 cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt ccaggccaag 1200
 aagagggtag tcgaacctct gggcctgggt gaagaagggt ctaagacggc tcctggaaag 1260
 aagagaccgt tagagtaccc acaagagccc gactcctcct caggaatcgg caaaaaaggc 1320
 aaacaaccag ccaaaaagag actcaacttt gaagaggaca ctggagccgg agacggaccc 1380
 cctgaaggat cagataccag cgccatgtct tcagacattg aaatgcgtgc agcacccggc 1440
 ggaaatgctg tcgatgcggg acaagggtcc gatggagtgg gtaatgcctc gggtgattgg 1500
 cattgcgatt ccacctggtc tgagggcaag gtcacaacaa cctcgaccag aacctgggtc 1560
 ttgccacctc acaacaacca cttgtacctg cggctcggaa caacatcaaa cagcaacacc 1620
 tacaacgat tctccacccc ctggggatac tttgacttta acagattcca ctgtcacttc 1680
 tcaccacgtg actggcaaaag actcatcaac aacaactggg gactacgacc aaaagccatg 1740
 cgcgttaaaa tcttcaatat ccaagttaag gaggtcacia cgtcgaaagg cgagactacg 1800
 gtcgtaata accttaccag cacggttcag atatttgcgg actcgtcgtg tgagctcccg 1860
 tacgtgatgg acgctggaca agagggaagt ctgtctcctt tcccaatga cgtcttcacg 1920
 gtgcctcaat atggctactg tggcattgtg actggcgaaa atcagaacca gacggacaga 1980
 aatgctttct actgcctgga gtattttcct tcacaaatgc tgagaactgg caataacttt 2040
 gaaatggctt acaactttgg gaagggtgccc ttccactcaa tgtatgctta cagccagagc 2100
 ccggacagac tgatgaatcc cctcctggac cagtacctgt ggcacttaca gtcgaccacc 2160
 tctggagaga ctctgaatca aggcaatgca gcaaccacat ttggaaaaat caggagtggg 2220
 gactttgcct ttacagaaa gaactggctg cctgggcctt gtgttaaca gcagagactc 2280
 tcaaaaactg ccagtcaaaa ttacaagatt cctgccagcg ggggcaacgc tctgttaaag 2340
 tatgacacc actatacctt aaacaaccgc tggagcaaca tagcgctgg acctccaatg 2400
 gcaacagctg gaccttcaga tggggacttc agcaacgccc agctcatctt ccttgacca 2460
 tcagtcaccg gaaacacaac aacctcagca aacaatctgt tgtttacatc agaagaagaa 2520
 attgctgcca ccaacccaag agacacggac atgtttggtc agattgctga caataatcag 2580
 aatgctacaa ctgctcccat aaccggcaac gtgactgcta tgggagtgtc tcctggcatg 2640

10

20

30

gtgtggcaaa acagagacat ttactaccaa gggccaattt gggccaagat cccacacgcg 2700
gacggacatt ttcattccttc accgctaatt ggcggttttg gactgaaaca tccgcctccc 2760
cagatattta tcaaaaacac ccccgtaact gccaatcctg cgacaacctt cactgcagcc 2820
agagtggact ctttcatcac acaatacagc accggccagg tcgctgttca gattgaatgg 2880
gaaatcgaaa aggaacgctc caaacgctgg aatcctgaag tgcagtttac ttcaaaactat 2940
gggaaccagt cttctatggt gtgggctccc gatacaactg ggaagtatac agagccgcgg 3000
gttattggct ctggttattt gactaatcat ttgttaactgc ctagttaatc aataaaccgt 3060
gtgattcggt tcagttgaac tttggtctct gcgaaggcg aattc 3105

<210> 20
<211> 3105
<212> DNA
<213> new AAV serotype, clone C3

<400> 20
gaattcgccc ttgtgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 60
acaagatggt gatctgggtg gaggaggcca agatgaccgc caaggctcgtg gagtccgcca 120
aggccattct gggcggaagc aagggtgcgc tggaccacaaa gtgcaagtca tcggcccaga 180
tcgacccac gcccgatgac gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg atcgacggga 240
acagcaccac cttcgagcac cagcagccgc tgcaggaccg catgttcaag ttcgagctca 300
cccgccgtct ggagcacgac ttgggcaagg tgaccaagca ggaagtcaaa gatttcttcc 360
gctgggtcca ggatcacgtg actgaggttg cgcattgagt ctacgtcaga aaggcggtg 420
ccaccaaaag acccgcccc agtgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgcccct 480
cagttgcgga gccatcgacg tcagacgcgg aagcaccggt ggactttgcg gacaggtacc 540
aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggcatgc ttcagatgct gtttcctgc aagacatgcg 600
agagaatgaa tcagaatttc aacgtctgct tcadgcacgg ggtcagagac tgctcagagt 660
gcttccccgg cgcgtcagaa tctcaaccg tcgtcagaaa aaagacgtat cagaaactgt 720
gcgcgattca tcattctgtg gggcgggcac ccgagattgc gtgttcggcc tgcgatctcg 780
tcaacgtgga ctgggatgac tctgtttctg agcaataaat gacttaaacc aggtatggct 840
gctgacgggt atcttcaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat tcgcgagtgg 900
tgggacctga aacctggagc ccccaagctc aaggccaacc agcagaagca ggacgacggc 960
cggggtcttg tgcttctggt ctacaagtac ctcgaccct tccacggact cgacaagggg 1020
gagcccgta acgcygcgga ccgagcggc ctcgagcagc acaaggccta cgaccagcag 1080
ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgcgga gtttcaggag 1140
cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gacagctctt ccaggccaag 1200

10

20

30

aagagggtag tcgaaccact gggcctgggt gaagaaggtg ctaagacggc tcctggaaag 1260
aagagaccgt tagagtcacc acaagagccc gactcctcct caggaatcgg caaaaaaggc 1320
aaacaaccag ccaaaaagag actcaacttt gaagaggaca ctggagccgg agacggaccc 1380
cctgaaggat cagataccag cgccatgtct tcagacattg aatgcgtgc agcaccgggc 1440
ggaaatgctg tcgatgcggg acaagggttc gatggagtgg gtaatgcctc gggtgattgg 1500
cattgcgatt ccacctggtc tgagggaag gtcacaaca cctcgaccag aacctgggtc 1560
ttgccacct acaacaacca cttgtacctg cggctcggaa caacatcaa cagcaacacc 1620
tacaacggat tctccacccc ctggggatac tttgacttta acagattcca ctgtcacttc 1680
tcaccacgtg actggcaag actcatcaac aacaactggg gactacgacc aaaagccatg 1740
cgcgttaaaa tcttcaatat ccaagttaag gaggtcaca cgtcgaacgg cgagactacg 1800
gtcgtataata accttaccag caccgttcag atatttgcgg actcgtcgtg tgagctcccg 1860
tacgtgatgg acgctggaca agagggaagt ctgcctcctt tcccaatga cgtcttcacg 1920
gtgcctcaat atggctactg tggcattgtg actggcgaaa atcagaacca gacggacaga 1980
aatgctttct actgcctgga gtattttcct tcacaaatgc tgagaactgg caataacttt 2040
gaaatggctt acaactttga gaaggtgccg ttccactcaa tgtatgctca cagccagagc 2100
ctggacagac tgatgaatcc cctcctggac cagtacctgt ggcacttaca gtcgaccacc 2160
tctggagaga ctctgaatca agcaatgca gcaaccacat ttggaaaaat caggagtggg 2220
gactttgcct ttacagaaa gaactggctg cctgggcctt gtgttaaca gcagagattc 2280
tcaaaaactg ccagtcaaaa ttacaagatt cctgccagcg ggggcaacgc tctgttaaag 2340
tatgacacc actatacctt aaacaaccgc tggagcaaca tagcgcttgg acctccaatg 2400
gcaacagctg gaccttcaga tggggacttc agcaacgccc agctcatctt cctggacca 2460
tcagtcaccg gaaacacaac aacctcagca aacaatctgt tgtttacatc agaaggagaa 2520
attgctgcca ccaacccaag agacacggac atgtttggtc agattgctga caataatcag 2580
aatgctacaa ctgctcccat aaccggcaac gtgactgcta tgggagtgtc tcctggcatg 2640
gtgtggcaaa acagagacat ttactacca ggccaattt gggccaagat cccacacgcg 2700
gacggacatt ttatccttc accgctaatt ggcggttttg gactgaaaca tccgcctccc 2760
cagatattta tcaaaaacac cccgtacct gccaatctg cgacaacctt cactgcagcc 2820
agagtggact ctttcatcac acaatacagc accggccagg tcgctgttca gattgaatgg 2880
gaaatcgaaa aggaacgctc caaacgccg aatcctgaag tgcagtttac ttcaaactat 2940
gggaaccagt cttctatgtt gtgggctccc gatacaactg ggaagtatac agagccgagg 3000
gttattggct ctcgttattt gactaatcat ttgtaactgc ctagttaatc aataaacctt 3060
gtgattcgtt tcagttgaac ttgggtctct gcgaaggggc aattc 3105

10

20

30

<210> 21
 <211> 3105
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone C5

<400> 21
 gaattcgccc ttgcgagaga ccaaagttca actgaaacga atcacacggt ttattgatta 60
 actaggcagt tacaaatgat tagtcaaata acgagagcca ataaccgcg gctctgtata 120
 ctteccagtt gtatcgggag ccacacaacat agaagactgg ttcccacagt ttgaagtaaa 180
 ctgcacttca ggattccagc gtttggagcg ttcccttttcg atttccatt caatctgaac 240
 agcgacctgg ccggtgctgt attgtgtgat gaaagagtcc actctggctg cagtgaagg 300
 tgctgcagga taggcagga cgggggtgtt ttgtataaat atctggggag gcggatgttt 360
 cagtccaaaa ccgccaatta gcggtgaagg atgaaaatgt ccgtccgctg gtgggatctt 420
 ggcccaaat ggcccttgg agtaaatgtc tctgttttgc cacaccatgc caggaagcac 480
 tcccatagca gtcacgttgc cgggttatgg agcagttgta gcattctgat tattgtcagc 540
 aatctgacca aacatgtccg tgtctcttgg gttggtggca gcaatttctt cttctgatgt 600
 aaacaacaga ttgtttgctg aggttgttgt gtttccggtg actgatggc caggaagat 660
 gagctgggcg ttgtgaagt ccccatctga aggtccagct gttgccattg gaggtccagg 720
 cgctatgttg ctccagcggg tgtttaagg atagtgggtg tcatacttla acagagcgtt 780
 gccccgctg gcaggaatct tgtaattttg actggcagtt ttgagaatc tctgctgttt 840
 aacacaaggc ccaggcagcc agttctttct gtaaaaggca aagtctccac tctgatttt 900
 tccaaatgtg gttgctgcat tgccttgatt cagagtctct ccagaggtgg tcgactgtaa 960
 gtgccacag tactgtgtca ggaggggatt catcagtcg tccaggtctt ggctgtgagc 1020
 atacattgag tggaacggca ccttctcaa gttgtaagc gtttcaaagt tattgccagt 1080
 tctcagcatt tgtgaaggaa aatactccag gcagtagaaa gcatttctgt ccgtctggtt 1140
 ctgattttcg ccagtcacaa tgccacagta gccatattga ggcaccatga agacgtcatt 1200
 ggggaaagga ggcagacttc cctcttgtcc agcgtccatc acgtacggga gctcatacga 1260
 cgagtcgca aatatctgaa ccgtgtgtgt aaggttatta gcgaccgtag tctcgccgtt 1320
 cgacgttgtg acctccttaa cttggatatt gaagatttta acgcgcattg cttttggctg 1380
 tagtccccag ttgttgttga tgagtccttg ccagtcacgt ggtgagaagt gacagtggaa 1440
 tctgttaaa tc aaagtatc ccaggggggt ggagaatccg ttgtaggtgt tgctgtttga 1500
 tgttgttccg agccgcaggt acaagtgggt gttgtaggtg ggcaagacc aggttcttgt 1560
 cgaggttgtt gtgaccttgc cctcagacca ggtggaatcg caatgccaat cccccaggc 1620
 attaccact ccacgggaac cttgtccgc atcgacagca ttccgcccgt gtgctgcacg 1680
 catttcaatg tctgaagaca tggcgtgtgt atctgatcct tcaggggggc cgtctccggc 1740

10

20

30

tccagtgtcc ttttcaaagt tgagtctctt tttggctggt tgtttgcctt ttttgccgat 1800
 tcttgaggag gaggcgggct cttgtggtga ctctaaccgt ctcttcttcc caggagccgt 1860
 cttagcacct ttttcaacca ggcccagagg ttccagtagc ctcttcttgg cctggaagac 1920
 tgctcgcccc aggttgcccc caaaagacgt atcttcttgc agacgctcct gaaactcggc 1980
 gtggcgctgg ttataccgca ggtacggatt gtcacccgct ttgagctgct ggtcgtaggc 2040
 cttgtcgtgc tcgagggcgc ctgctgcgc cgcgttgacg ggctccccct tgtcgagtc 2100
 gttgaagggt ccgaggtact cgtagccagg aagcaccaga ccccgccgt cgtcctgctt 2160
 ctgctggttg gccttggtct tgggggctcc aggtttcagg tcccaccact cgcgaatgcc 2220
 ctccagagagg ttgtcctcga gccaatctgg aagataaccg tcagcagcca tacctgggtt 2280
 aagtcattta ttgctcagaa acacagtcac ccaagtccac gttgacgaga tcgcaggccg 2340
 aacacgcaat ctgggtgccc cgcccagca gatgatgaat cgcgcacagt ttctgatacg 2400
 tctttttctt gacgacgggt tgagattctg acgcgcggg gaagcactct gacgagtcct 2460
 tgaccccgct cgtgaagcag acgttgaaat tctgattcat tctctcgcat gtcttgacgg 2520
 gaaacagcat ctgaagcatg cccgcgtgac gagaacattt gttttggtac ctgtccgcaa 2580
 ggtccaccgg tgcttccgct tctgacgtcg atggctccgc aactgagggg caggcccgct 2640
 tgggctcgct tatatccgct tcaactgggg cggttctttt ggtggctccg ccttttctga 2700
 cgtagaactc atgcgccacc tcagtcacgt gatcctgagc ccagcggaag aactctttga 2760
 cttcctgctt ggtcaccctg ccaaagtcgt gctccagacg gcgggtgagc tcgaacttga 2820
 acatgcggtc ctgcagcggc tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg 2880
 cgcacatggt ggtgttgag gtgacgatca cgggctggg gtcgatctgg gccgatgact 2940
 tgcacttttg gtccacgccc accttgcttc cgcacagaat ggcttgggc gactccacga 3000
 ccttgccggt catcttgccc tctcccacc agatcccat cttgtcgacg caatcgttga 3060
 agggaaagtt ctcatgggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3105

<210> 22
 <211> 3094
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone F1

<400> 22
 gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca agagaacttt cccttcaacg attgcgtcga 60
 caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc aaggctggtg agtccgcca 120
 agccattctg ggcggaagca aggtgcgct cgacaaaag tgcaagtctt cggcccagat 180
 cgatcccacc ccggtgatcg tcacctcaa caccaacatg tgcccggtga tcgacgggaa 240
 cagcaccacc ttccagcacc agcagccgtt gcaggaccgg atgttcaaat ttgaactcac 300

10

20

30

ccgccgtctg gaacacgact ttggcaaggt gaccaagcag gaagtcaaag agttcttccg 360
 ctgggctagt gatcacgtga ctgaggtgac gcatgagttc tacgtcagaa agggcggagc 420
 cagcaaaaga cccgcccccg atgacgcgga tataagcgag cccaagcggg cctgtccctc 480
 agtcacggac ccacgcgctg cagacgcgga aggagctccg gtggactttg ccgacaggta 540
 ccaaaacaaa tgttctcgtc acgcgggcat gcttcagatg ctgtttccct gcaaacgtg 600
 cgagagaatg aatcagaatt tcaacatttg cttcacgcac ggggtcagag actgtttaga 660
 atgtttcccc ggctgttcag aatctcaacc ggtcgtcaga aaaaagacgt atcggaagct 720
 gtgtgcgatt catcatctgc tggggcgggc acccgagatt gcttgctcgg cctgcgacct 780
 ggtcaacgtg gacctggacg actgtgtttc tgagcaataa atgacttaa cggggtatgg 840
 ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc attcgcgagt 900
 ggtgggacct gaaacctgga gccccgaaac ccaaagccaa ccagcaaaag caggacgacg 960
 gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg 1020
 gggagccctt caacgcggcg gacgcagcgg cctctgagca cgacaaggcc tacgaccagc 1080
 agctcaaagc ggggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgcgcagcgc gagtttcagg 1140
 agcgtctgca agaagatacg tcatttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc ttccaggcca 1200
 agaagcgggt tctcgaacct ctccgtcttg ttgaggaagg cgctaagacg gctcctggaa 1260
 agaagagacc catagactct ccagactcct ccacgggcat cggcaaaaaa ggccagcagc 1320
 ccgctaaaaa gaagctcaat tttggtcaga ctggcgactc agagtcagtc cccgacctc 1380
 aacctcttgg agaacctcca gcagcgccct ctagtgtggg atctgggtaca atggtgcag 1440
 gcggtggcgc accaatggca gacaataacg aaggtgccga cggagtgggt aatgcctcag 1500
 gaaattggca ttgcgattcc acatggctgg gcgacagagt catcaccacc agcaccagaa 1560
 cctgggccct cccacactac aacaaccacc totacaagca aatctccagc agcagctcag 1620
 gagccaccaa tgacaaccac tacttcggct acagcaccct ctgggggtat tttgacttta 1680
 acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac aacaactggg 1740
 gattccggcc caagaagctg cggttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag gaggtcaca 1800
 cgaatgacgg cgtcacgacc atcgctaata accttaccag cacggttcag gtcttctcgg 1860
 actcggataa ccagctgccg tacgtctcgg gctctgcgca ccagggtctg ctgcctccgt 1920
 tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acggctacct gactctgaac aacggcagcc 1980
 aatcgggtgg cgttctctcc ttctactgcc tggaatattt cccctctcaa atgctgagaa 2040
 cgggcaacaa ctttgagtgc agttacagct tcgaggacgt gcctttccac agcagctacg 2100
 cgcacagcca gagcctagac cggctgatga accctctcat cgaccagtac ctgtactacc 2160
 tggcccgac ccagagcacc acgggttcca ccagggaact gcaatttcat caagctgggc 2220

10

20

30

ccaatactat ggccgagcag tcaaagaact ggctgcctgg accctgctat aggcacacagg 2280
 gactgtcaaa gaacttggac tttaacaaca acagcaattt tgcttgact gctgccacta 2340
 aatatcatct gaatggcaga aactctttga ccaatcctgg cattcccatg gcaaccaaca 2400
 aggatgatga ggaccagttc ttcccatca acgggggtact ggtttttggc aagacgggag 2460
 ctgcccaaca aactacgctg gaaaacgttc tgatgaccag cgaggaggag atcaagacca 2520
 ctaaccctgt ggctacagaa gaatacgggtg tggctctccag caacctgcag ccgtctacag 2580
 ccgggcctca atcacagact atcaacagcc agggagcact gcctggcatg gtctggcaga 2640
 accgggacgt gtatctgcag ggtcccatct gggccaaaat tcctcacacg gatggcaact 2700
 ttcaccgcgc tcctctgatg gggggttttg gactcaaaca cccgcctcca cagatcctga 2760
 tcaaaaacac acctgtacct gctaatactc cggaggtggt tactcctgcc aagtttgct 2820
 ccttcacac gcagtacagc accggacaag tcagcgtgga aatcgagtgg gagctgcaga 2880
 aagaaaacag caagcgttg aaccagaaa ttcagtatac ttocaattat gccagtcta 2940
 ataattgtga atttgctgtg aacctgatg gtgtttatac tgagcctgcg ccatttgga 3000
 ctggttacct ccccgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccggt tgattcgttt 3060
 cagttgaact ttggtctctg cgaagggcga attc 3094

<210> 23
 <211> 3095
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone F3

<400> 23
 gaattcgccc ttccgagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60
 acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgagtgccaa tggggcgagg ctccagtataa 120
 acaccatcag ggttcacagc aaattcaaca ttattagact tggcataatt ggaagtatac 180
 tgaattttctg ggttcacagc cttgctgttt tctttctgca gctccactc gatttccacg 240
 ctgacttgctc cggctgctga ctgcgtgatg aaggaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300
 tccggaggat tagcaggtag aggtgtgttt ttgatcagga tctgtggagg cgggtgtttg 360
 agtccaaaac cgcccatcag aggagacggg tgaagttgc catccgtgtg aggaattttg 420
 gccagatgg gacctgcag atacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggcagtgct 480
 ccttggtgtg tgatagtctg tgattgagc ccgctgttag acgactgcag gttgctggag 540
 accacaccgt attcttctgt agccacaggg ttagtgggtct tgatctctc ctgctggtc 600
 atcagaacgt ttccacgct agttttgttg gcagctccc tcttgccaaa aaccagtacc 660
 ccgttgatgg gaaagaactg gtcccatca tccttggttg ttgccatggg aatgccagga 720
 ttggtcaaag agtttctgcc attcagatga tathtagtgg cagcagttca ggcaaaattg 780

10

20

30

ctgttgttgt taaagtccaa gttctttgac agtctctgtt gcctatagca ggggccaggc 840
 agccagttct ttgactgctc ggccatagta ttggggcccag cttgatgaaa ttgcagttcc 900
 ctgggtggaac ccgtggtgct ctgggtcccg gccaggtagt acaggtagct gtcgatgaga 960
 ggggttcatca gccgggtctag gctctggctg tgcggctagc tgctgtggaaggcacgtcc 1020
 tcgaagctgt aactgaactc aaagtgtgtt cccgtttctca gcatttgaga ggggaaatat 1080
 tccaggcagt agaaggagga acggcccacc gattggctgc cgttgccag agtcaggtag 1140
 ccgtactgag gaatcatgaa gacgtccgc gggaacggag gcaggcagcc ctgggtgcgca 1200
 gagccgagga cgtacggcag ctgggtattcc gagtccgaga agacctgaac cgtgctggta 1260
 aggttattag cgtggtgctg gacgcctca ttcgttgtga cctccttgac ctggatgttg 1320
 aggagcttga accgcagctt cttggggccg aatccccagt tgttgttgat gagtgcctgc 1380
 cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaa ctgttaaagt caaaatcccc ccagggggtg 1440
 ctgtagccga agtagtggtt gtcattgggt gctcctgagc tgctgctgga gatttgcttg 1500
 tagagggtgt tgttgtaggt ggggagggcc caggttcttg tgctggtggt gatgactctg 1560
 tcgcccagcc atgtggaatc gcaatgccaa tttcctgagg cattaccac tccgtcggca 1620
 ccttcgttat tgtctgccat tgggtgcgca ccgctgcag ccattgtacc agatcccaca 1680
 ctagagggcg ctgctggagg ttctccaaga ggttgagggt cggggactga ctctgagtcg 1740
 ccagtcctgac caaaattgag cttcttttta ggggctgct ggcctttttt gccgatgcc 1800
 gtggaggagt ctggagagcc tatgggtctc ttctttccag gagccgtctt agccgcttcc 1860
 tcaaccagac cgagaggttc gagaaccgc ttcttggcct ggaagactgc tcgcccagg 1920
 ttgccccaa atgacgtatc ttcttgagca cgctcctgaa actcggcgtc ggcgtggtta 1980
 taccgcaggt acggtattgc acccgcttg agctgctggt cgtaggcctt gtcgtgctcg 2040
 agggcgcctg cgtccgcgc gttgacggc tccccctgt cagtcctgtt gaagggtccg 2100
 aggtacttgt agccaggag caccagacc cggccgctgt cctgcttttg ctggttggt 2160
 ttgggtttcg gggctccagg ttccaggtcc caccactgc gaatgccctc agagaggttg 2220
 tcctcgagcc aatctggaag ataaccatcg gcagccatac ctggtttaag tcatttatcg 2280
 ctcagaaaca cagtcgtcca ggtccacgtt gaccaggtcg caggccgagc aagcaatctc 2340
 ggggtccccg cccagcagat gatgaatgc acacagcttc cgatacgtct tttttctgac 2400
 gaccggttga gattctgaca cgcgggggaa acattctaaa cagtctctga ccccgctcgt 2460
 gaagcaaatg ttgaaattct gattcattct ctgcacgtt ttgcaggga acagcacctg 2520
 aagcatgccc gcgtgacgag aacatttggt ttggtacctg tcggcaaagt ccaccggagc 2580
 tccttcgcg tctgacgtcg atgggtccgt gactgagga cgggcccgct tgggtcgtct 2640
 tatatccgc tcacggggg cgggtctttt gctggctccg cctttctga cgtagaactc 2700

10

20

30

```

atgcgtcacc tcagtcacgt gatcactagc ccagcggag aactctttga cttcctgctt 2760
tgtoaccttg ccaaagtcgt gttccagacg gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc 2820
ctgcaacggg tgctgggtgt cgaagggtgt gctgttccg tcgatcacgg cgcacatggt 2880
gggtgttgag gtgacgatca cgggggtggg atcgatctgg gcggacgact tgcacttttg 2940
gtccacgcgc accttgctgc cggcgagaat ggccttgccg gactccaaga ccttggccgt 3000
catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga agggaaagt 3060
ctcattggtc cagttgacgc agcaaggggc aattc 3095

```

```

<210> 24
<211> 3095
<212> DNA
<213> new AAV serotype, clone F5

```

```

<400> 24
gaattcgccc ttgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60
acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgagtgcga tggggcgagg ctacgtataa 120
acaccatcag ggttcacagc aaattcaaca ttattagact tggcataatt ggaagtatac 180
tgaatttctg gttccacg cttgtgtgtt tctttctgca gctccactc gatttccacg 240
ctgacttgtc cgggtgtgta ctgctgtatg aaggaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300
tccggaggat tagcaggtac aggtgtgttt ttgatcagga tctgtggagg cgggtgttcg 360
agtccaaaac cggccatcag aggagacggg tgaagttgc catccgtgtg aggaattttg 420
gcccagatgg gaccctgcag atacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggcagtgtc 480
ccttggtgtg tgatagtctg tgattgaggc cggctgttag acgaactgag gttgctggag 540
accacaccgt attcttctgt agccacaggg ttagtgggtc tgatctctc ctgctggtc 600
atcagaacgt tttccagcgt agttttgttg gcagctccg tcttgccaaa aaccagtacc 660
ccgttgatgg gaaagaactg gtccctcatc tccttgttgg ttgccatggg aatgccagga 720
ttggtcaaa agtttctgcc attcagatga tatattagtg cagcagtcca ggcaaaattg 780
ctgttgttgt taaagtccaa gttctttgac agtctctgtt gcctatagca gggtcaggc 840
agccagttct ttgactgtc ggccatagta ttggggccag cttgatgaaa ttgcagttcc 900
ctggttgaac ccgtggtgct ctgggtcccg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgaga 960
gggttcatca gccggtctag gctctggctg tgcgcgtagc tgctgtggaa aggcacgtcc 1020
tcgaagctgt aactgaactc aaagtgttg cccgttctca gcatttgaga ggggaaatat 1080
tccaggcagt agaaggagga acggcccacc gattggctgc cgttgttcag agtcaggtag 1140
ccgtactgag gaatcatgaa gacgtccgcc gggaacggag gcaggcagcc ctggtgcgca 1200
gagccgagga cgtacggcag ctggtattcc gagtccgaga agacctgaac cgtgctggta 1260
aggttattag cgatggctgt gacgccgtca ttcgttgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

```

10

20

30

aagagcttga accgcagctt cttgggcccg aatccccagt tgttggtgat gagtcgctgc 1380
cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaaat ctgttaaagt caaaatcccc ccaggggggtg 1440
ctgttagccga agtagtggtt gtcattlggtg gctcctgagc tgcctgctgga gatttgcttg 1500
tagagggtgt tglttgtaggt ggggagggcc caggttcttg tgcctggtgt gatgactctg 1560
tcgcccagcc atgtggaatc gcaatgccaa ttccctgagg cattaccac tccgtcggca 1620
ccttcgttat tgtctgcctg tggctgcgca ccgcctgcag ccattgtacc agatcccaca 1680
ctagagggcg ctgctggagg ttctccaaga ggttgagggt cggggactga ctctgagtcg 1740
ccagtctgac caaaattgag cttcttttta ggggctgct gccctttttt gccgatgccc 1800
gtggaggagt ctggagagtc tatgggtctc ttctttccag gagccgtctt agcgccctcc 1860
tcaaccagac cgagaggttc gagaaccgc ttcttgccct ggaagactgc tcgcccagg 1920
ttgccccaa atgacgtatc ttcttgagg cgctcctgaa actcggcgct gccgtggtta 1980
taccgcaggt acggattgtc acccgctttg agctgctggt cgtaggcctt gtcgtgctcg 2040
aggcccgctg cgtccgcgc gttgacgggc tcccccttgt cgagtccgtt gaagggtccg 2100
aggtaactgt agccaggag caccagacc ccggccgtct cctgcttttg ctggttggt 2160
ttgggtttcg gggctccagg ttccaggtcc caccactgc gaatgccctc agagaggttg 2220
tcctcgagcc aatctggaag ataaccatcg gcagccatac ctggtttaag ccattttattg 2280
ctcagaaaca cagtcgtcca ggtccacgtt gaccaggctg caggccgagc aggaatctc 2340
gggtgcccgc cccagcagat gatgaatgc acacagcttc cgatacgtct tttttctgac 2400
gaccggttga gattctgaca cgcggggaa acattctaaa cagtctctga cccgtgct 2460
gaagcaaatg ttgaaattct gattcattct ctgcacgtt ttgcaggga acagcatctg 2520
aagcatgccc gcgtggcgag aacatttgtt ttggtacctg tcggcaaagt ccaccggagc 2580
tccttcgctg tctgacgtcg atgggtccgt gactgagga caggcccgct tgggctcgt 2640
tatatccgct tcacggtggg cgggtctttt gctggctccg cctttctga cgtagaactc 2700
atgcgtcacc tcagtcacgt gatcactagc ccagcgaag aactctttga cttcctgctt 2760
tgtcaccttg ccaaagtcgt gttccagacg gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc 2820
ctgcaacggc tgctggtgct cgaagggtgt gctgttccc tcgatcacgg cgcgcattgt 2880
ggtgttggaq gtgacgatca cgggggtggg atcgatctgg gcggacgact tgcacttttg 2940
gtccacgcgc accttgctgc cgcggagaat ggccttggcg gactccacga ccttggccgt 3000
catcttgccc tcctccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga agggaaagt 3060
ctcattggct cagttgacgc agcaaggcg aattc 3095

10

20

30

<210> 25
 <211> 3142
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone H6

<400> 25
 aaaacgacgg gccagtgatt gtaatacgac tcactatagg gcgaaattga aattagcggc 60
 cgcgaaattcg cctttcgcag agaccaaagt tcaactgaaa cgaattaaac ggtttattga 120
 ttaacaagca attacagatt acgagtcagg tatctggtgc caatggggcg aggctctgaa 180
 tacacaccat tagtgtccac agtaaagtcc acattaacag acttggttga gttggaagtg 240
 tactgaattt cgggattcca gcgtttgctg ttctccttct gcagctccca ctcgatctcc 300
 acgctgacct gtcccggtga atactgtgtg atgaaagaag caaacttggc agaactgaag 360
 tttgtgggag gattggctgg aacgggagtg tttttgatca tgatctgagg aggcgggtgt 420
 ttgagtccaa aacctcccat cagtggagaa ggatgaaagt gtccatcggg gtgaggaatc 480
 ttggcccaaa tgggtccctg caggtacacg tctcgatcct gccacaccat accaggtaac 540
 gctccttggg gattgacagt tccagtagtt ggaccagtgt ttgagttttg caaattattt 600
 gacacagtcc cgtactgctc cgtagccacg ggattgggtg cctgattttc ttcttcatct 660
 gtaatcatga ctttttccaa atccgcgtcg ttggcatttg ttcttctgtt accaaatatt 720
 agggttccat gcattgggaa aaacttttct tcgtcactct tgtgactggc catagctggg 780
 cctggattaa ccaacgagtc ccggccattt agatgatact ttgtagctgc agtccaggga 840
 aagttgctgt tgttgttgtc gtttgctgtt ttgacagac gctgctgtct gtgcaagggt 900
 ccaggcagcc agtttttagc ttgaagagac atgttggttg gtccagcttg gctaaacagt 960
 agccgagact gctgaagagt tccactattt gtttgtgtct tgttcagata atacaggtag 1020
 tggtcgatca gaggattcat cagccgatcc agactctggc tgtgagcgtg gctgctgtgg 1080
 aaaggcacgt cttcaaaagt gtagctgaac tgaaagtgtt ttccagtacg cagcatctga 1140
 gaaggaaagt actccaggca gtaaaaggaa gagcgtccta ccgcctgact cccgttgttc 1200
 aggggtgagg atccatactg tgggaccatg aagacgtccg ctggaaacgg cgggaggcat 1260
 ccttgatgcg ccgagcccag gacgtacggg agctggtaet ccgagtcagt aaacacctga 1320
 accgtgctgg taaggttatt ggcaatcgtc gtcgtaccgt cattctgctg gacctctttg 1380
 acttgaatat taaagagctt gaagttgagt cttttgggac ggaatccccg gttgtgtgtg 1440
 acgagctctt gccagtcacg tgggtgaaaag tggcagtggg atctgttgaa gtcaaaatac 1500
 cccagggggg tgctgtagcc aaagttagtg ttgtcgttgc tggctcctga ttggtgtggg 1560
 atttgcttgt agaggtggtt gttgtatgtg ggcaggggcc aggttcgggt gotgtgtgtg 1620
 atgactctgt cggccagcca ttgggaatcg caatgccaat ttctgagga attaccact 1680
 ccacggcac cctcgttatt gtctgccatt ggtgcgccac tgccctgtagc cattgtagta 1740

10

20

30

gatcccagac cagagggggc tgctgggtggc tgtccgagag gctgggggtc aggtacggag 1800
tctgogtctc cagtctgacc aaaatttaat ctttttcttg caggctgctg gcccgctttt 1860
ccggtttccg aggaggagtc tggtctccaca ggagagtgtc ctaccggcct cttttttccc 1920
ggagcgtctc taacaggctc ctcaaccagg cccagagggt caagaaccct cttttttgcc 1980
tggaagactg ctggtccgag gttgccccca aaagacgtat cttctttaag gcgctcctga 2040
aactctgcgt cggcgtgggt gtacttgagg tacgggttgt ctccgctgtc gagctgccgg 2100
tcgtaggcct tgtcgtgtc gagggccg cgctctgcct cgttgaccgg cttccccttg 2160
tcgagtccgt tgaaggggtc gaggtacttg taccaggaa gcacaagacc cctgctgtcg 2220
tccttatgcc gctctgcggg ctttgggtgt ggtggggcag gtttgagctt ccaccactgt 2280
cttattcctt cagagagagt gtctctgagc caatctggaa gataaccatc ggcagccata 2340
cctgatttaa atcatttatt gtccagagat gcagtcaccc aaatccacat tgaccagatc 2400
gcaggcagtg caagcgtctg gcacccttcc catgatatga tgaatgtagc acagtttctg 2460
atagcccttt ttgacgacag aaacgggttg agattctgac acgggaaagc actctaaaca 2520
gtctttctgt ccgtgagtga agcagatatt tgaattctga ttcatctctc cgcattgtct 2580
gcagggaaac agcatcagat tcattgcccac gtgacgagaa catttgtttt ggtacctgtc 2640
cgcgtagttg atcgaagctt ccgcgtctga cgctcgatgg tggcgaactg actcgcgcg 2700
ccgtttgggc tcacttatat ctgcgtcact gggggcgggt cttttcttag ctccaccctt 2760
tttgacgtag aattcatgct ccacctcaac cagtgatcc ttgcccacc ggaaaaagtc 2820
tttcacttcc tgcttgggtga cctttccaaa gtcattgatc agacggcggg taagttcaaa 2880
tttgaacatc cggctcttgca acggctgtcg gtgctcgaag gtcgttgagt tcccgtaat 2940
cacggcgcac atgttgggtg tggagggtgac gatcacggga gtcgggtcta tctgggccga 3000
ggacttgcat ttctggtcca cagcacctt gcttctcca agaattggctt tggccgactc 3060
cacgacctg gcggtcatct tcccctctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatg 3120
gtaaaaggaa agttctcatt gg 3142

<210> 26
<211> 3075
<212> DNA
<213> new AAV serotype, clone H2

<400> 26
tgagaacttt cctttcaacg attgcgtcgg acaagatggt gatctgggtg gaggagggga 60
agatgaccgc caaggtcgtg gactcggcca aagccattct tggaggaagc aaggtgcgtg 120
tggaccagaa atgcaagtcc tcggcccaga tagaccgac tcccgatgc gtcacctcca 180
acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga actcaacgac cttcgagcac cagcagccgt 240
tgcaagaccg gatgttcaaa tttgaactta cccgcgtct ggatcatgac tttggaaagg 300

10

20

30

tcaccaagca ggaagtgaag gactttttcc ggtgggcaaa ggatcacgtg gttgaggtgg 360
 agcatgaatt ctacgtcaaa aagggtggag ctaagaaaag acccgcccc agtgacgcag 420
 atataagtga gcccacaacg gcgcgcgagt cagttgcgca gccatcaacg tcagacgcgg 480
 aagcttcgat caactacgcg gacaggtacc aaaaacaaat gttctcgtca cgtgggcatg 540
 aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga atcagaattc aaatatctgc 600
 ttcactcacg gacagaaaga ctgttttagag tgctttcccg tgtcagaatc tcaaccogtt 660
 tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgtacatc atcatatcat gggaaagggtg 720
 ccagacgctt gcaactgcctg cgatctggtc aatgtggatt tggatgactg catctctgaa 780
 caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatgggtat cctccagatt ggctcgaagg 840
 cactctctct gaagggataa gacagtgggt gaagctcaaa cctggccac caccacaaa 900
 gcccgacagc cggcataagg acgacagcag gggctctgtg ctctctgggt acaagtacct 960
 cggacccttc aacggactcg acaaggggga gccgggtcaac gaggcagacg ccgcgggcct 1020
 cgagcacgac aaggcctacg accggcagct cgacagcgga gacaaccgt acctcaagta 1080
 caaccacgcc gacgcagagt ttcaggagcg ccttaaagaa gatacgtctt ttgggggcaa 1140
 cctcgacga gcagctctcc aggcgaaaaa gagggttctt gaacctctgg gcctggttga 1200
 ggaacctgtt aagacggctc cgggaaaaaa gaggccgta gagcactctc ctgtggagcc 1260
 agactctctc tcgggaacgg gaaaagcggg ccagcggcct gcaagaaaaa gattaaattt 1320
 tggtcagact ggagacgcag actccgtacc tgaccccgag cctctcggac agccaccagc 1380
 agccccctct ggtctgggat ctactacaat ggctacagc agtggcgac caatggcaga 1440
 caataacgag ggtgcgatg gagtgggtaa ttcctcagga aattggcatt gcgattccca 1500
 atggtcgggc gacagagtca tcaccaccag caccgaacc tgggcctgc ccacatacaa 1560
 caaccacctc tacaagcaaa tctccagcca atcaggagcc agcaacgaca accactactt 1620
 tggctacagc accccctggg ggtattttga ctcaacaga ttccactgcc acttttcacc 1680
 acgtgactgg caaagactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaaa gactcaactt 1740
 caagctcttt aatattcaag tcaaagaggt cagcagaat gacggtagc cgacgattgc 1800
 caataacctt accagcacgg ttcaggtgtt tactgactcg gactaccagc tcccgtacgt 1860
 cctgggctcg gcgcacaaag gatgcctccc gccgtttcca gcggacgtct tcatggctcc 1920
 acagtatgga tacctcacc tgaacaacgg gactcaggcg gtaggacgct ctccctttta 1980
 ctgcctggag tactttctct ctcagatgct gcgtactgga aacaacttct agttcagcta 2040
 cacttttgaa gacgtgcctt tccacagcag ctacgtcac agccagagtc tggatcggct 2100
 gatgaatcct ctgatcgacc agtacctgta ttatctgaac aagacacaaa caaatagtgg 2160
 aactcttcag cagtctcggc tactgttttag ccaagctgga ccaaccaaca tgtctcttca 2220

10

20

30

agctaaaaac tggctgacctg gaccttgcta cagacagcag cgtctgtcaa aacaggcaaa 2280
 cgacaacaac aacagcaact ttccctggac tgcagctaca aagtatcatc taaatggccg 2340
 ggactcgttg gttaatccag gaccagctat ggccagtcac aaggatgacg aagaaaagtt 2400
 tttcccatg catggaaccc tgatatattg taaacaagga acaaatgcc aacgacggga 2460
 tttggaaaat gtcattgatta cagatgaaga agaaatcagg gccaccaatc ccgtggctac 2520
 ggagcagtac gggactgtgt caaataattt gcaaaactca aacactggtc caactactgg 2580
 aactgtcaat cgccaaggag cgttacctg tatggtgtgg caggatcgag acgtgtacct 2640
 gcagggaccc atttgggcca agattcctca caccgatgga cactttcatc cttctccact 2700
 gatgggaggt tttggactca aacaccggc tcctcagatc atgatcaaaa acactccgt 2760
 tccagccaat cctccacaa acttcagttc tgccaagttt gcttctttca tcacacagta 2820
 ttccacggga caggtcagcg tggagatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2880
 ctggaatccc gaaattcagt acacttccaa ctacaacaag tctgttaatg tggactttac 2940
 tgtggacact aatggtgtgt attcagagcc tcgccccatt ggcaccagat acctgactcg 3000
 taatctgtaa ttgcttgta atcaataaac cgtttaattc gtttcagttg aactttggtc 3060
 tctgogaagg gcgaa 3075

<210> 27
 <211> 3128
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.8

<400> 27
 gaattcgccc ttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgatc tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgctgga ccaaaagtgc aagtcttcg 180
 ccagatcga tcccccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
 aactcaccg ccgtctggag caccgacttg gcaagggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcgctg ggcgcaggat cactgtaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagaccc gccccgatg acgcgataa aagcgagccc aagcgggcct 480
 gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccc 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg ttccctgca 600
 agacatgca gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcagcggg accagagact 660
 gtccagaatg ttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgccattcat catctgctag ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

10

20

30

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
 ggtatggctg ccgatgggta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaacca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtcaa cggggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggag agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccgtt agagccatca cccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
 atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
 tcagagtcag tggccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
 ggatctggta caatggctgc aggcgggtgc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacggagtgg gtagttcttc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
 gtcattacca ccagcaccgc aacctgggccc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
 caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
 accccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
 cagcgactca tcaacaacaa ctgggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
 aacatccagg tcaaggaggt cagcgagaat gaaggacca agaccatcgc caataacctt 1860
 accagcacga ttcaggctct tacggactcg gaataccagc tcccgtaagt cctcggctct 1920
 ggcgaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
 tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggcccgt cctccttcta ctgcctggag 2040
 tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
 gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
 ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
 actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaac 2280
 tggctacccc ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
 aacagcaact ttgcttgga cggtgccacc aagtatcacc tgaatggcag agactctctg 2400
 gtaaatcccc gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460
 agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
 gttatgctaa ccagttagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580
 ggcgtgggtg ccgataacct gcaacagcaa aacgcgcctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640
 agtcaaggag ccttacctgg catgggtctg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

10

20

30

atctggggcca agattcctca cacggacggc aactttcctc ctctcgccgt gatgggaggg 2760
 tttggactga aacacccgcc tctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820
 cctccaacta ctttcagtc agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
 caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940
 gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggacttttg tgtcaatact 3000
 gagggctactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccggt acctcaccgc taacctgtaa 3060
 ttgcctgtta atcaataaac cggctaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
 gcgaattc 3128

<210> 28
 <211> 3128
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.15

<400> 28
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgac tggtagggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc gccagcaagg tgcgctgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
 cccagatcga cccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300
 aactcaccgc ccgtctggag catgactttg gcaaggtagc aaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcgctg ggdcgaggat cagctgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagaccg gcccccgatg acgcgataa aagcgagccc aagcgggcct 480
 gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
 agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcgcggg accagagact 660
 gttcagaatg tttcccgggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgccattcat catctgctgg gcggggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
 ggtatggctg ccgatgggta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttccctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacttgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggag agcagtcctc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggtg aggaaggcgc taagacggct 1260

10

20

30

cctggaaaga agagaccggt agagccatca cccagcggtt ctccagactc ctctacgggc 1320
 atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
 tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
 ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacggagtgg gtagttccctc aggaatttgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
 gtcattacca ccagcaccgg aacctggggc cccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
 caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaagaca acacctactt cggctacagc 1680
 accccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
 cagcgactca tcaacaaca ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
 aacatccagg tcaaggaggt cagcgagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
 accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtagct cctcggctct 1920
 gcgcaccagg gctgcccgc cccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
 taactgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccggt cctccttcta ctgcctggag 2040
 tactttcctt ctcaaatgcg gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
 gacgtgcctt ttacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
 ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
 actcagcagt tgctatcttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
 tggctaccgg ggcctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
 aacagcaact ttgcttgga cggtgccacc aagtatcacc tgaatggcag agactctctg 2400
 gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt tttccatcc 2460
 agcggagtct tgatgttttg gaaacagggc gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
 gttatgctaa ccagtgaagc agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580
 ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgcgcctc ctattgtagg ggcgtcaac 2640
 agtcaaggag ccttaacctg catggtcttg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
 atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcacc cttcgccgct gatgggaggc 2760
 tttggactga aacaccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820
 cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
 caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaagaga acagcaagcg ctggaacca 2940
 gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000
 gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcaccggtt acctaccgg taacctgtaa 3060
 ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc gtttcagttg aactttggtc tctcggaagg 3120
 gcgaattc 3128

10

20

30

<210> 29
 <211> 3197
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype. clone 42.5b

<400> 29
 gaattcgcgc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgac tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaagg cattctcggc ggcagcaagg tgcgctgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
 ccagatcga cccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
 aactaccccg cgtctcggg cagcactttg gcaagggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcgctg ggcgcaggat cagctgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagaccg gcccccgatg acgcggtata aagcgagccc aagcgggcct 480
 gccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg ttccctgca 600
 agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcacagg accagagact 660
 gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcggtctcc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaacca 840
 ggtatggctg ccgatgggta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttctctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggag agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccggt agagccatca cccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
 atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
 tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgagggccc ctctggtctg 1440
 ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacgagtggt gtagttcttc aggaatttgg cattgctgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
 gtcattacca ccagcaccgg aacctgggac ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
 caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaaccgac acacctactt cggctacagc 1680
 accccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

10

20

30

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
 aacatccagg tcaaggaggt cagcgagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
 accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtagct cctcggtctt 1920
 ggcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg ggggagctct tcatgattcc tcagtacggg 1980
 tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtggggcgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
 tacttttctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
 gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
 ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
 actcagcagt tgcatttttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
 tggctaccgg ggccttgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
 aacagcaact ttgcttgagc cgttgccacc aagtatcatt tgaatggcag agactctctg 2400
 gtaaatcccg gtgtcgtat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460
 agcggagctt tgatgttttg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
 gttatgctaa ccagtggaga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580
 ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgcgcctc ctattgtagg ggcggtcaac 2640
 agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
 atctgggcca agattcctca caggacggc aactttcatt cttcgcgct gatgggaggg 2760
 tttggactga aacaccgcc tctcagatc ctgattaaga atacacctgt tccgcggat 2820
 cctccaacta ccttcagtca agccaagctg cgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
 caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaacca 2940
 gagattcagt atacttccaa ctactacaaa totacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000
 gagggtaact attcagagcc tcgccccatt ggcaccggtt acctcaccg taacctgtaa 3060
 ttgcctgtta atcaataaac cgttaattc gtttcagttg aactttgggc tctgcgaagg 3120
 gccaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gggtaattc tgagcttggc 3180
 gtaatcatgg gtcatag 3197

<210> 30
 <211> 2501
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.1b

<400> 30
 gaattcgccc ttggctgctt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60
 gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggctct ggagtcggcc 120
 aaggccattc atcatctgct ggggcgggct ccgagattg cttgctcggc ctgcgatctg 180
 gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa tgacttaaac caggtatggc 240

10

20

30

tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc tctgagggca ttcgcgagtg	300
gtgggacttg agacctggag ccccgaaacc caaagccaac cagcaaaagc aggacgacgg	360
ccgggggtctg gtgcttccctg gctacaagta cctcggaccc ttcaacggac tcgacaaggg	420
agagccggtc aacgaggcag acgcccgggc cctcggagcag gacaaggcct acgacaagca	480
gctcggagcag ggggacaacc cgtacctcaa gtacaaccac gccgacgccg agtttcagga	540
gcgtcttcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg cgagcagtct tccaggccaa	600
gaagcgggtt ctcgaaacct tcggctctggg tgaggaaggc gctaagacgg ctccctggaaa	660
gaagagaccc atagaatccc ccgactcctc caccggcctc ggcaagaaag gccagcagcc	720
cgctaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca gagtccagtgc ccgacctca	780
accaatcggg gaaccccccg caggccccctc tggctctggga tctggcaciaa tggctgcagg	840
cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgcgcag ggagtggtta gttcctcagg	900
aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac	960
ctgggcccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa atctccaacg ggacatcggg	1020
aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc ccctgggggt attttgactt	1080
taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag cgactcatca acaacaactg	1140
gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac atccaggtea aggaggtcac	1200
gcagaatgaa ggcaccaaga ccctcgccaa taaccttacc agcacgattc aggtctttac	1260
ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg caccagggct gcctgcctcc	1320
gttcccgcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac ctgactctga acaacggcag	1380
tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac tttccttctc aaatgctgag	1440
aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac gtgccttttc acagcagcta	1500
tgcgcacagc caaagcctgg accggtgat gaacccccctc atcgaccagt acctgtacta	1560
cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact cagcagttgc tattttctca	1620
ggccgggctt aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg ctaccggggc cctgctaccg	1680
gcagcaacgc gtctccacga cagtgtcgca aaataacaac agcaactttg cttggaccgg	1740
tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta aatcccgggtg tcgctatggc	1800
aacgcacaag ggcgacgaag agcgattttt tccatccagc ggagtcctga tgtttgggaa	1860
acaggggagt ggaaaagaca acgtagacta tagcagcgtt atgctaacca gtgaggaaga	1920
aatcaaaacc accaaccagc tggccacaga acagtacggc gtgggtggcg ataacctgca	1980
acagcaaaac gccgtccta ttgtaggggc cgtcaacagt caaggagcct tacctggcat	2040
ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggctctatc tgggccaaga ttcctcacac	2100
ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt ggactgaaac acccgctcc	2160

10

20

30

tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct ccaactacct tcagtcaagc 2220
 caagctggcg tcgttcatca cgcagtagag caccggacag gtcagcgtgg aaattgaatg 2280
 ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgtg gaaccagag attcagtata cttccaacta 2340
 ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag ggtacttatt cagagcctcg 2400
 cccattggc acccgttacc tcaccgtaa cctgtaattg cctgttaac aataaacgg 2460
 ttgattcgtt tcagttgaac tttggtctca agggcgaatt c 2501

<210> 31
 <211> 3113
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.13

10

<400> 31
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgac tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaagg cattctcggc ggcagcaagg tgcgctgga ccaaagtgc aagtcgtccg 180
 cccagatcga tcccccccc gtgacgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatgtg 300
 aactcaccgc ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcgctg ggccgaggat cactgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagacc gcccccgatg acgcggataa aagcagagcc aagcggccct 480
 gccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
 agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcagggg accagagact 660
 gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggc cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgcattcat catctgctgg ggccggctcc cgagattgct tgcctggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaacca 840
 ggtatggctg ccgatggtta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaacca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtaaa cgcgggggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccagc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtcttcaaga agatagctct tttgggggca acctcggggc agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccat agaatcccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320
 cagcagcccc ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgcct 1380

20

30

gacctcaac caatcggaga acccccgcga ggcctctctg gtctgggac tggtacaatg 1440
 gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgcgcagcg agtgggtagt 1500
 tcttcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcac caccaccagc 1560
 accgaacct gggccctccc cactacaac aaccacctct acaagcaaat ctccaacggg 1620
 acatcgggag gaagcaccac cgacaacacc tacttcggct acagcaccac ctgggggtat 1680
 ttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740
 aacaactggg gattccggcc caagagactc aactcaagc tctcaacat ccaggtaag 1800
 gaggtcacgc agaataagg caccaagacc atcgccaata acctaccag cagattcag 1860
 gtctttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtctcgc gtctgcgca ccagggtcgc 1920
 ctgectccgt tcccgcgga cgtcttcacg attcctcagt acgggtacct gactctgaac 1980
 aacggcagtc aggcctggg ccgttctctc ttctactgcc tggagtactt tccttctcaa 2040
 atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctaccagt ttgaggacgt gccttttca 2100
 agcagctatg cgacacagca aagcctggac cggctgatga accccctcat cgaccagtac 2160
 ctgtactacc tgtctggac tcagtccacg ggaggtaccg caggaactca gcagttgcta 2220
 tttctcagg ccgggcctaa taacatgtcg gctcaggcca aaaactggct acccgggccc 2280
 tgctaccggc agcaacgcgt ctccacgaca gtgtcgcaaa ataacaacag caactttgct 2340
 tggaccgggt ccaccaagta tcactcgaat ggcagagact ctctggtaaa tccgggtgct 2400
 gctatggcaa cgcacaaggc cgacgaagag cgatttttcc catccagcgg agtcttgatg 2460
 tttgggaaac agggagctgg aaaagacaac gtggactata gcagcgttat gctaaccagt 2520
 gaggaagaaa tcaaaaccac caaccagtg gccacagaac agtacggcgt ggtggccgat 2580
 aacctgcaac agcaaaacgc cgctcctatt gtaggggccc tcaacagtca aggagcctta 2640
 cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcttatctg ggccaagatt 2700
 cctcacacgg acggcaactt tcactcctcg ccgctgatgg gaggctttgg actgaaacac 2760
 ccgctctctc agatcctgat taagaataca cctgttcccg cggatcctcc aactaccttc 2820
 agtcaagcca agctggcgct gttcatcacg cagtacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2880
 attgaatggg agctgcagaa agagaacagc aagcgctgga acccagagat tcagtatact 2940
 tccaactact acaaatctac aaatgtggac ttgtctgtca atactgaggg tacttattca 3000
 gagectcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtagcc tgtaattgcc tgttaatcaa 3060
 taaacgggtt gattcgtttc agttgaactt tggctctctg gaaggcgaa ttc 3113

<210> 32
 <211> 3113
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.3a

10

20

30

<400> 32
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgac tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgctgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
 ccagatcga tcccccccc gtgacgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
 aactcaccg ccgtctggag catgactttg gcaagggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcgctg ggcgcaggat cactgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagacc gcccccgatg acgcgataa aagcgagccc aagcgggcct 480
 gccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtagca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg cttccctgca 600
 agacatgca gagaatgaat cagaatttca gcatttgctt cagcgacggg accagagact 660
 gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaacca 840
 ggtatggctg ccgatggta ctttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtgtt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgggtg ataaccacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtcttcaaga agatagctct tttgggggca acctcgggag agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagacccat agaatcccc gactctcca cgggcacgag caagaaaggc 1320
 cagcagcccc ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgcgc 1380
 gacctcaac caatcgga gacccccgca ggccctctg gtctgggac tggtacaatg 1440
 gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacg agtyggtagt 1500
 tccctaggaa attggcattg cgattccaca tagctgggag acagagtcac caccaccagc 1560
 acccgaaact gggccctccc cactacaac aaccacctct acaagcaaat ctccaacggg 1620
 acatcgggag gaagaccaaa cgacaacac tacttccggt acagcaccoc ctgggggtat 1680
 tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740
 aacagctggg gattccggcc caagagactc aacttcaagg tcttcaacat ccaggtcaag 1800
 gaggtcacgc agaataaggg caccaagacc atcgccaata accttaccag cagattcag 1860
 gtctttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggtgc 1920

10

20

30

ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtacct gactctgaac 1980
 aacggcagtc agggcggtgg cgttccctcc ttctactgcc tggagtactt tcttctcaa 2040
 atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctaccagt ttgaggacgt gccttttcac 2100
 agcagctacg cgcacagcca aagcctggac cggctgatga acccctcat cgaccagtac 2160
 ctgtactacc tgtctcggac tcagtccacg ggaggtagcg caggaaactca gcagttgcta 2220
 ttttctcagg cggggcctaa taacatgtcg gctcaggcca aaaactggct acccgggccc 2280
 tgctaccggc agcaacgcgt ctccacgaca ctgtcgcaaa ataacaacag caactttgct 2340
 tggaccggtg ccaccaagta tcatctgaat ggcagagact ctctggtaaa tcccggtgtc 2400
 gctatggcaa cgcacaagga cgacgaagag cgattttttc catccagcgg agtcttgatg 2460
 tttgggaaac agggagctgg aaaagacaac gtggactata gcagcgttat gctaaccagt 2520
 gaggaagaaa tcaaaaccac caaccagtg gccacagaac agtacggcgt ggtggccgat 2580
 aacctgcaac agcaaaacgc cgtcctatt gtaggggccc tcaacagtca aggagcetta 2640
 cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtctatctg ggccaagatt 2700
 cctcacacgg acggcaactt tcctccttcg ccgctgatgg gaggttttgg actgaaacac 2760
 ccgcctctc agatcctgat taagaatata cctgttcccg cggatcctcc aactacctc 2820
 agtcaagcca agctggcgtc gtctcatcag cagtacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2880
 attgaatggg agctgcagaa agagaacagc aagcgtgga acccagagat tcagtatact 2940
 tccaactact acaaactctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg tacttattca 3000
 gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaacc tgtaattgcc tgtaaatcaa 3060
 taaaccggtt aattcgtttc agttgaactt tggctctctg gaagggcgaa ttc 3113

<210> 33
 <211> 2504
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.4

<400> 33
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgac tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180
 atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240
 atggctgccg atggttatct tcagatttg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300
 gagtgtggg acttgaacc tggagcccc aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360
 gacggccggg gtctgtgtct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420
 aagggagagc cggtaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480
 aagcagctcg agcaggggga caaccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcgagttt 540

10

20

30

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600
 gccagaagc gggttctcga acctctcggc ctgggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660
 ggaaagaaga gacccataga atccccgcac tccctccacgg gcacgcgcaa gaaaggccag 720
 cagcccgccta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgcac 780
 cctcaaccaa tcggagaacc ccccgagggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840
 gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900
 tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctggggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960
 cgcacctggg cctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatato aagtcagagc 1020
 ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcacc cctggggcta ttttgacttc 1080
 aacagattcc actgccactt ctcatcacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140
 ggattccggc ccaagagact caacttcaag ctcttcaaca tccaggtaaa ggaggtcacg 1200
 cagaatgaag gcaccaagac catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtctttacg 1260
 gactcggaat accggctccc gtacgtcctc ggctctggc accagggctg cctgcctccg 1320
 ttccggcgcg acgtcttcat gattcctcag tacgggtacc tgactctgaa caacggcagt 1380
 caggccgttg gccgttctc cttctactgc ctggagtact ttcttctca aatgctgaga 1440
 accggcaaca actttgagtt cagctaccag tttaggagc tgccctttca cagcagctac 1500
 gcgcacagcc aaagcctgga ccggctgatg aacccctca tgaccagta cctgtactac 1560
 ctgtctcgga ctacgtccac gggaggtacc gcaggaaact agcagttgct atttctcag 1620
 gccgggccta ataacatgtc ggctcaggcc aaaaactggc taccggggcc ctgctaccgg 1680
 cagcaacgcg tctccacgac actgtcgcaa aataacaaca gcaactttgc ttggaccggt 1740
 gccaccaagt atcatctgaa tggcagagac tctctggtaa atcccggtgt cgtataggca 1800
 acgcacaagg acgacgaaga gcgatttttt ccctccagcg gactcttgat gtttgggaaa 1860
 caggggagctg gaaaagacaa cgtggactat agcagcgta tgctaaccag tgaggaagaa 1920
 atcaaaaacca ccaaccaggt gccacagaa cagtacggcg tggtggccga taacctgcaa 1980
 cagcaaaacg ccgctcctat tgtaggggcc gtcaacagtc aaggagcctt acctggcatg 2040
 gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag gtcctatct gggccaagat tctcacacg 2100
 gacggcaact ttcatccttc gccgtgatg ggaggtttg gactgaaaca ccgcctcct 2160
 cagatcctga ttaagaatac acctgttccc gcggatcctc caactacctt cagtcaagcc 2220
 aagccggcgt cgttcacac gcagtacagc accggacagg tcagcgtgga aattgaatgg 2280
 gagctgcaga aagagaacag caagcgctgg aaccagaga ttcagtatac ttccaactac 2340
 tacaaatcta caaatgtgga ctttgctgtc aatactgagg gtacttattc agagcctcgc 2400
 cccattggca ccggttacct caccgtaac ctgtaattgc ctgttaatca ataaaccggt 2460

10

20

30

taattcggtt cagttgaact ttggtctctg cgaaggcgga attc

2504

<210> 34
 <211> 3106
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.5a

<400> 34
 gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgattg 60
 cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 120
 cgccaaggcc atttctggcg gcagcaaggc gcgcgtggac caaaagtgc agtcgtccgc 180
 ccagatcgac cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240
 cgggaacagc accacccctc agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatattga 300
 actcaccgcg cgtctggagc atgacttttg caaggcgaca aagcagggaag tcaaagagtt 360
 cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcac gatttctacg tcagaaaggg 420
 tggagccaac aagagacccg ccccgatga cgcggataaa agcgagccca agcgggcccg 480
 cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtyg actttgccga 540
 caggtagcaa aacaaatgtt ctgcgtcagc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 600
 aacatgcgag agaattgaac agaattcaa catttgcttc acgcacggga ccagagactg 660
 ttcagaatgt ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 720
 gaaactctgt gccattcatt atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 780
 cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 840
 gtatggctgc cgatggttat ctccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 900
 gcgagtgggt ggacttgaac cctggagccc cgaaacccaa agccaaccag caaagcagg 960
 acgacggccg gggctctggt ctctctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 1020
 acaagggaga gccggtcaac gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgac aaggcctacg 1080
 acaagcagct cgagcagggg gacaaccctg acctcaagta caaccacgcc gacgccgagt 1140
 ttcaggagcg tcttcaagaa gatagctctt ttgggggcaa cctcgggcca gcagtcttcc 1200
 gggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 1260
 ctggaaagaa gagaccata gaatcccccg actcctccac gggcatcggc aagaaggcc 1320
 agcagcccg ctaaaagaag ctcaactttg gcagactgg cgaactcagag tcagtgcccg 1380
 accccaacc tctcgagaa cctcccgccg cgcctcagg tctgggatct ggtacaatgg 1440
 ctgcaggcgg tggcgacca atggcagaca ataacgaagg cgcgcagga gtgggtaatg 1500
 cctccggaaa ttggcattgc gattccacat ggctggcgca cagagtcatc accaccagca 1560
 cccgcacctg ggcctgccc acctacaaca accacctcta caagcagata tcaagtcaga 1620
 gcggggctac caacgacaac cacttctctg gctacagcac cccctggggc tattttgact 1680

10

20

30

tcaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcacc aacaacaacc 1740
 ggggattccg gccagaaaag ctgcggttca agttgttcaa catccaggtc aaggagggtca 1800
 cgacgaacga cggcggttacg accatcgcta ataaccttac cagcacgatt cagggtcttct 1860
 cggactcgga gtaccaactg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc tgccctccctc 1920
 cgttccctgc ggacgtgttc atgattccctc agtacggata tctgactcta aacaacggca 1980
 gtcagtctgt gggacgttcc tccttctact gcctggagta ctttccctct cagatgctga 2040
 gaacgggcaa taactttgaa ttacgtctacc agtttgagga cgtgcccttt cacagcagct 2100
 acgcgcacag ccaaagcctg gaccggctga tgaacccctc catcgaccag tacctgtact 2160
 acctgtctcg gactcagtcg acgggaggtc ccgcaggaac tcagcagttg ctattttctc 2220
 aggcggggcc taataacatg tcggctcagg ccaaaaactg gctaccgggg ccttgctacc 2280
 ggcagcaacg cgtctccacg acactgtcgc aaaataacaa cagcaacttt gcttggaccg 2340
 gtgccaccaa gtatcatctg aatggcagag actctctggt aaatcccggt gtcgctatgg 2400
 caacgcacaa ggacgacgaa gagcgatttt ttccatccag cggagtcttg atgtttggga 2460
 aacagggagc tggaaaagac aacgtggact atagcagcgt tatgctaacc agtgagggaag 2520
 aaatcaaaac caccaaccca gtggccacag aacagtacgg cgtggtggcc gataacctgc 2580
 aacagcaaaa cgcgcgtcct attgtagggg ccgtcaacag tcaaggagcc ttacctggca 2640
 tggcctggca gaacggggac gtgtacctgc agggctctat ctgggccaaag attcctcaca 2700
 cggacggcaa ctttcatcct tcgccgtga tgggaggctt tggactgaaa caccgcctc 2760
 ctcagatcct gattaagaat acacctgttc ccgcggatcc tccaactacc ttcagtcaag 2820
 ccaagctggc gtogttcacc acgcagtaca gcaccggaca ggtcagcgtg gaaattgaat 2880
 gggagctgca gaaagagaa agcaagcgtc ggaaccaga gattcagtat acttccaact 2940
 actacaaatc tacaaatgtg gactttgtcg tcaatactga gggtaactat tcagagcctc 3000
 gccccattgg caccggttac ctcaccgcta acctgtaatt gcctgttaat caataaacgg 3060
 gttaatctgt ttacgttgaa ctttggcttc tgcgaagggc gaattc 3106

<210> 35
 <211> 2489
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.10

<400> 35
 gaattcgccc ttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgac tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtgaagt 120
 ccgccaaagg cattcatcat ctgctggggc gggtcccgga gattgcttgc tgggcttgcg 180
 atctgggtcaa cgtggacctg gatgactgtg ttcttgagca ataatgact taaaccaggt 240
 atggctgccc atggttatct tccagatttg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

10

20

30

gagtgggtggg acttgaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360
 gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420
 aagggagagc cggtaacga ggcagacgcc gcgccctcg agcacgaca ggcctacgac 480
 aagcagctcg agcaggggga caaccctgac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540
 caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggagagc agtcttccag 600
 gccagaagc gggttctcga acctctcggc ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660
 ggaagaaga gaccataga atccccgac tcctccacgg gcacggcag gaaaggccag 720
 cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780
 cctcaaccaa tcggagaacc ccccgaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840
 gcaggcgggt gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900
 tcgggaaatt ggcattcgga ttccacatgg ctgggagaca gagtcatcac caccagcacc 960
 cgcacctggg ccctgccac ctacaacaac cacctctaca agcagatata aagtcagagc 1020
 ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcacc ccctggggcta ttttgacttc 1080
 aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140
 ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtaaa ggaggtaacg 1200
 acgaacgagc gcgttaacg catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1260
 gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctggc accagggtcg cctccctccg 1320
 ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatata tgactctaaa caacggcagt 1380
 cagtctgtgg gacgttctc cttctactgc ctggagtact ttcttctca gatgtgaga 1440
 acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttaggaag tgcctttcca cagcagctat 1500
 gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatccctca tcgaccagta cctgtactac 1560
 ctggcccgga ccagagcac tacgggtcc acaaggagc tgcagttcca tcaggctggg 1620
 cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgccc gacctgtta tcggcagcag 1680
 agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1740
 aaataccatc tgaatggtag aaattcata accaaccgg gcgtagccat ggccaccaac 1800
 aaggacgagc aggaccagtt ctttccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1860
 gctgccaaca agacaacgct ggaacacgt ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1920
 accaatcccg tggctacaga agaatacgg gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1980
 gccggacccc agacacagac tgtcaacagc cagggggctc tgcccgccat ggtctggcag 2040
 aaccgggacg tgtacctgca gggctccatc tgggcaaaa ttcctcacac ggacggcaac 2100
 tttcaccogt ctccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgctcc tcaaattctc 2160
 atcaaaaaa ccccggtacc tgctaactct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 2220

10

20

30

tcatttatca cgcagtagag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2280
 aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2340
 aataatgtgg aatttgcgtg caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg cccattggc 2400
 acccgttacc tcaccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaacggg ttaattcggt 2460
 tcagttgaac ttggtcaag ggcgaattc 2489

<210> 36
 <211> 2495
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.3b

<400> 36
 gaattcgccc ttctacggc tgcgtcaact agaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgatc tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccg aattgcttgc tcggcctgcg 180
 atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg ttctgagca ataatgact taaaccaggt 240
 atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300
 gagtgggtgg acttgaaacc tggagcccc aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360
 gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctg gacccttcaa cggactcgac 420
 aaggagagc cgttcaacga ggcagacgc gccggccctg agcagacaa ggctacgac 480
 aagcagctcg agcaggggga caaccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcaggttt 540
 caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttcag 600
 gccaagaagc gggttctcga acctctcgtg ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660
 ggaaagaaga gaccataga atccccgac tcctccacgg gcacccgcaa gaaaggccag 720
 cagcccgtc aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtggccgac 780
 cctcaaccaa tcggagaacc ccccgaggc cctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840
 gcaggcgggt gcgtccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900
 tccggaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca ggtcatcac caccagcac 960
 cgcacctggg cctgcccac ctacaacaac cactctaca agcagatct aagtacagac 1020
 ggggtacca acgacaacca cttcttcggc tacagaccc cctggggcta ttttgacttc 1080
 aacagattcc actgccactt ctaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140
 ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200
 acgaacgag gcgttacgac catcgcta ataaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1260
 gactcggagt accaactgcc gtacgtctc ggctctgccc accagggtg cctccctccg 1320
 ttccctcggc acgtgtcat gattcctcag tacggatata tgactctaaa caacggcagt 1380
 cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgtgaga 1440

10

20

30

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttaggaag tgcctttcca cagcagctat 1500
 ggcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatccctca tcgaccagta cctgtactac 1560
 ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggtggg 1620
 cccaacacca tggcagagca atcaagaac tggctgccc gacctgtta tcggcagcag 1680
 agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac accagtaact ttgcctggac cggggccact 1740
 aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaaccgg gcgtagccat ggccaccaac 1800
 aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaacgggg 1860
 gctgccaaca agacaacgtt ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1920
 accaatcccg tggctacaga acagtacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1980
 gccggacccc agacacagac tgtcaacagc cagggggctc tgcccggcat ggtctggcag 2040
 aaccgggacg tgtacctgca gggctccatc tgggcaaaa ttcttcacac ggacggcaac 2100
 tttcaccctt cttccctgat gggcgattt ggactcaaac acccgctcc tcaaatctc 2160
 atcaaaaaca ccccggtacc tgctaactc cagaggtgt ttactcctgc caagtttgc 2220
 tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtg agatcgagt ggaactgcag 2280
 aaagaaaaca gcaaacgtg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2340
 aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg cccattggc 2400
 acccgttacc tcaccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaacgg ttaattcgtt 2460
 tcagttgaac ttggtctct gcgaaggcg aattc 2495

10

20

<210> 37
 <211> 3098
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.11

<400> 37
 gaattgccc ttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgatc tggggggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgctgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180
 cccagatcga tcccacccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
 aactcaccgc ccgtctggag cagcactttg gcaaggtag aaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttccgctg ggcgaggat cactgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagacc gccccgatg acgggataa aagcgagccc aagcgggcct 480
 gccctcagt cgggatcca tcgacgtcag acgggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
 agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcacggg accggagact 660

30

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggg cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
 ggtatggctg ccgatgggta ttttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaacca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaagggag agccggtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caagccctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggg ataaccacgc cgacggccgag 1140
 tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggag agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagacctat agaatcccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320
 cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgcct 1380
 gacctcaac caatcgaga acccccgcga gggccctctg gtctgggata tgggtacaatg 1440
 gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtaat 1500
 gcctccggaa attggcattg cgattccaca tggctgggag acagagtcac caccaccagc 1560
 acccgacct gggccctgcc cacttacaac aaccacctct acaagcagat atcaagtcag 1620
 agcggggcta ccaacgacaa ccacttctc ggctacagca cccctgggg ctattttgac 1680
 ttcaacagat tccactgcca cttctacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 1740
 tggggattcc gggccagaaa gctgcggttc aagttgttca acatccaggt caaggaggtc 1800
 acgacgaacg acggcggtac gaccatcgct aataacctta ccagcacgat tcaggtcttc 1860
 tcggactcgg agtaccact gccgtacgtc ctgggtctg cgcaccaggg ctgcctccct 1920
 ccgttccctg cggacgtgtt catgattcct cagtacggat atctgactct aaacaacggc 1980
 agtcagtctg tgggacgttc ctcttctac tgctggagt actttccttc tcagatgctg 2040
 agaacgggca ataactttga attcagctac acctttgagg aagtgccttt ccacagcagc 2100
 tatgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaatccc tcacgacca gtacctgtac 2160
 tacctggccc ggaccagag cactacgggg tcacaaggg agctgcagtt ccacaggct 2220
 gggcccaaca ccatggcga gcaatcaaag aactggctgc ccggaccctg ttatcggcgg 2280
 cagagactgt caaaagacat agacagcaac aacaacagta actttgcctg gaccggggcc 2340
 actaaatacc atctgaatgg tagaatttca ttaaccaacc cgggctagc catggccacc 2400
 aacaaggacg acgaggacca gttctttccc atcaacggag tgctggtttt tggcaaacg 2460
 ggggctgcc acaagacaac gctggaaaac gtgctaata ccagcgagga ggagatcaaa 2520
 accaccaatc ccgtggctac agaagaatac ggtgtggtct ccagcaacct gcaatcgtct 2580

10

20

30

acggccggac cccagacaca gactgtcaac agccaggggg ctctgcccgg catggtctgg 2640
 cagaaccggg acgtgtacct gcaggggtccc atctgggcca aaattccctca cacggacggc 2700
 aactttcacc cgtctccctt gatggggcga tttggactca aacacccgcc tectcaaatt 2760
 ctcatcaaaa acaccccggt acctgtcaat cctccagagg tgtttactcc tgccaagttt 2820
 gcctcattta tcacgcagta cagcaccggc caggtcagcg tggagatcga gtgggaactg 2880
 cagaaagaga acagcaaacg ctggaatcca gagattcagt acacctcaaa ttatgccaag 2940
 tctaataatg tgggaatttg tgtcaacaac gaagggggtt atactgagcc tcgccccatt 3000
 ggcaccggtt acctcaccgg taacctgtaa ttacttgta atcaataaac cggttgattc 3060
 gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg gcgaattc 3098

10

<210> 38
 <211> 3276
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.6a

<400> 38
 gaattcgccc ttgcagaga ccaagttca actgaaacga attaacgggt ttattgatta 60
 acaggcaatt acaggttacg ggtgaggtaa cgggtgcca tggggcgagg ctcagtataa 120
 acccttctgt tgttgacagc aaattccaca ttattagact tggcataatt tgaggtgtac 180
 tgaatctctg gattccagcg ttgtctgttt tctttctgca gttccactc gatctccacg 240
 ctgacctggc cgggtctgta ctgcgtgata aatgaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300
 tctggaggat tagcaggtac cgggggtgtt ttgatgagaa tttgaggagg cgggtgtttg 360
 agtccaaatc cgtccatcag gggagacggg tgaaggttc cgtccgtgtg aggaattttg 420
 gccagatgg gacctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc gggcagagcc 480
 ccctggctgt tgacagtctg tgtctgggtt cggccgtag acgattgcag gttgctggag 540
 accacaccgt attcttctgt agccacggga ttggtggttt tgatctctc ctctctgtc 600
 attagcacgt ttccagcgt tgtctgtttg gcagccccg ttttgccaaa aaccagcact 660
 ccgttgatgg gaaagaactg gtctctgtcg tccttgtttg tggccatggc tacgccggg 720
 ttggttaatg aatttctacc attcagatgg tatttagtgg ccccggtcca ggcaaagtta 780
 ctgtttgtgt tgctgtctat gttttttgac agtctctgct gccgataaca ggggtccggc 840
 agccagttct ttgattgtct ggccatggtg ttgggccag cctgatggaa ctgcagctcc 900
 cttgtggacc cgtagtgtct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgagg 960
 ggattcatca gccggtccag gctctggcta tgcgcatagc tgctgtggaa aggcacttcc 1020
 tcaaagggtg agctgaattc aaagtattg cccgttctca gcacttgaga aggaaagtac 1080
 tccaggcagt agaaggagga acgtcccaca gactgactgc cgttgtttag agtcagatat 1140
 ccgtactgag gaatcatgaa cactccgca gggaacggag ggaggcagcc ctggtgcgca 1200

20

30

gagccgagga cgtacggcag ttggtactcc gagtccgaga agacctgaat cgtgctggta 1260
 aggttatttag cgtatggtcgt aacgccgtcg tccgtcgtga cctccttgac ctggatgttg 1320
 aacaacttga accgcagctt tctgggcccg aatccccagt tgttgttgat gagtgcgtgc 1380
 cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaaat ctgttaaagt caaaataccc ccaggggggtg 1440
 ctgtagccga agtaggtgtt gtctgttggtg ctccctcccg atgtcccgtt ggagatttgc 1500
 ttgtagaggt ggttgttgta ggtggggagg gcccaggctc ggtgctggtt ggtgatgact 1560
 ctgtcgccca gccatgtgga atcgcaatgc caatttcctg aggaactacc cactccgtcg 1620
 gcgccttcgt tattgtctgc cattggagcg ccaccgcctg cagccattgt accagatccc 1680
 agaccagagg ggcctgcggg gggttctccg attggttgag ggtcggggcac tgactctgag 1740
 tcgccagtct gcccaaagtt gagtctcttt ttccggggct gctggcctgt cttgccgatg 1800
 ccgtagagg agtctggaga acgctggggg gatggctcta ccggtctctt cttccagga 1860
 gccgtcttag cgccttcctc aaccagaccg agaggttcga gaaccgcctt cttggcctgg 1920
 aagactgctc gcccgagggt gccccaaaa gacgtatctt ctgaagacg ctctgaaac 1980
 tcggcgctcg cgtggttgta cttgaggtag gggttgtccc cctgctcgag ctgcttgtcg 2040
 taggccttgt cgtgctcgag ggccggggcg tctgcctcgt tgaccggctc tcccttgtcg 2100
 agtccgttga agggtcctag gtactttag ccaggaagca ccagaccgg gccgtcgtcc 2160
 tgcttttctg ggttggttgc ggttttcggg gctccagggt tcaagtccca ccaactcgga 2220
 atgcctcag agaggttgtc ctcgagccaa tctggaagat aaccatcggc agccatacct 2280
 ggtttaagtc atttattgtc cagaaacaca gtcattccag tccacgttga ccagatcgca 2340
 ggccgagcaa gcaatctcgg gagcccgccc cagcagatga tgaatggcac agagtttccg 2400
 atacgtcctc tttctgacga ccggttgaga ttctgacacg ccggggaaac attctgaaca 2460
 gtctcttggt ccgtgcgtga agcaaatgtt gaaattctga ttcatctctc cgcattgtct 2520
 gcagggaaac agcatctgaa gcatgcccgc gtgacgagaa cacttgtttt ggtacctgtc 2580
 ggcaaagtcc accggagctc ctccgcgtc tgacgtcgat ggatgcaaaa tgcgcgcaaaa 2640
 gcactcacgt gacagctaat acaggaccac tcccctatga cgtgatttac gtcagcgcta 2700
 tgcccgctg acgagaacat ttgttttggg acctgtcggc aaagtccacc ggagctcctt 2760
 ccgctctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc tcgcttttat 2820
 ccgctcctc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag aactcatgag 2880
 ccacctcgtt cactgatcc tgcgccagc ggaagaactc ttgacttcc tgctttgtca 2940
 ccttgccaaa gtcattgtcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc cgtctctgca 3000
 acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat caccgggcac atgttgggtg 3060
 tggaaagtac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga agacttgac ttttgggtca 3120

10

20

30

cgcgccacctt gctgcgcgcg agaatggcct tggcggactc cagcaccttg gccgtcatct 3180
 tgccctctctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga aagttctcat 3240
 tgggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3276

<210> 39
 <211> 3084
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 43.1

<400> 39
 gaattcgccc ttctacggc tgcataaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgatc tggtagggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgctgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
 ccagatcga cccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagttcg 300
 aactcaccgc ccgtctggag cagcactttg gcaagggtgac caagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttccgctg ggcgaggat cagctgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gcggagccag caaaagaccg gccccgatg acgcggtatg aagcagagccc aagcgggcct 480
 gccctcagtg cgcggtacca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
 aaacgtgcga gaaaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcgacggg gtcagagact 660
 gctcagaatg tttccccggt gcatacagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aaaacgtatc 720
 agaaaactgtg tgccattcat catctgtctg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggacgact gtgtttctga gcaataaatg acttaacca 840
 ggtatggctg ccgatggcta tcttcagat tggcttgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtlacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtaaa cgcggcggaac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcggggc agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccggt agagccatca cctcagcgtt cccccgactc ctccacgggc 1320
 atcggaaga aaggccacca gcccgcgaga aagagactga actttgggca gactggcgac 1380
 tcggagtcag tccccgacc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc ctctggtctg 1440
 ggatctggtg caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacggagtgg gtagttctctc aggaatttgg cattgcatc ccacatggct gggcgacaga 1560

10

20

30

gtcattacca ccagcaccgg aacctggggc ctgcccacct acaacaacca tctctacaag 1620
 caaatctcca acgggacatc gggaggaagc actaacgaca acacctactt tggctacagc 1680
 accccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
 cagcgactca tcaacaataa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
 aacatccagg tcaaggaggt cagcgagaat gaaggcaca agaccatcgc caataacctt 1860
 accagcacga ttcagggtgt tacggactcg gaataccagc tcccgtagct ccccggtctt 1920
 ggcgaccagg gctgcctccc tccgttcccg gcggagctct tcatgattcc tcagtacggg 1980
 tatctgaccc taaacaatgg cagtcaggct gtggggcgtt cctccttcta ctgcctggaa 2040
 tacttccctt ctcaaatgct gaggacgggc aacaactttg aattcagcta cactctcgag 2100
 gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac agccagagcc tggaccggct gatgaacctt 2160
 ctcatcgacc agtacctgta ttacttatcc agaactcagt ccacaggagg aactcaaggt 2220
 actcagcaat tgttattttc tcaagccggg ccgcgaaaca tgtcggctca ggccaagaac 2280
 tggctacctg gaccgtggtt ccgtcagcaa cgagtttcca cgacactgtc gcaaaacaac 2340
 aacagcaatt ttgcttggtt cgggtgccacc aagtatcacc tgaatggcag agactccctg 2400
 gttaatcccg gcgttgccat ggctaccac aaggacgacg aggagcgctt cttcccgta 2460
 agcggagttc taatgttttg caagcagggg gctggaaaag acaatgtgga ctacagcagc 2520
 gtgatgctca ccagcgaaga agaaattaaa actactaacc cagtggctac agagcagtat 2580
 ggtgtggttg cagacaacct gcagcagacc aacggagctc ccattgtggg aactgtcaac 2640
 agccaggggg ccttacctgg tatggtctgg caaaaccggg acgtgtacct gcaggggccc 2700
 atctggggca aaattcctca cagcgacggc aactttcacc cttcgcgct gatgggagc 2760
 tttggactga aacaccgcc tctcagatc ctggtgaaaa acactcctgt tctgcggat 2820
 cctccgacca ccttcagcca ggccaagctg gcttctttta tcacgcagta cagcaccgga 2880
 caggtcagcg tggaaatcga atgggagctg cagaaagaaa acagcaagcg ctggaacca 2940
 gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000
 gagggacttt attcagagcc tcgcccatt ggcactcgtt atctcaccg taatctgtaa 3060
 ttgcttggtt atcaataaac cgtt 3084

10

20

30

<210> 40
 <211> 2370
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 43.5

<400> 40
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgatc tgggtgggag agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga cccaccccc gtgacgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagtccg 300
 aactcaccog ccgtctggag cagcactttg gcaaggtgac caagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcogctg ggcgcaggat cagctgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
 gcggagccag caaaagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480
 gccctcagtc cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagacgctg ttccctgca 600
 aaacgtgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcagcggg gtcagagact 660
 gctcagaatg ttcccccgtt gcacagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aaaacgtatc 720
 agaaaactgtg tgccattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggacgact gtgtttctga gcaataaatg acttaacca 840
 ggtatggctg ccgatggta tcttcagat tggcttgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtgtt gggacctgaa acctggagcc ccgaaacca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtaa cgcggcgac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgcag 1140
 tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggtt aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccggt agagccatca cctcagcgtt ccccgactc ctccacgggc 1320
 atcggcaaga aagccacca gcccgcgaga aagagactga actttgggca gactggcgac 1380
 tcggagtcat tcccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc ctctggtctg 1440
 ggatctggtt caatggctgc aggcggtggc gctccaatg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacggagtgg gtagttctc aggaatttg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
 gtcacacca ccagcaccg aacctgggc ctgccacct acaacaacca tctctacaag 1620
 caaatctcca acgggacatc gggaggaagc actaacgaca acacctactt tggctacagc 1680
 accccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
 cagcgactca tcaacaataa ctggggatc cgcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
 aacatccag tcaaggaggt cagcagaat gaaggacca agaccatcgc caataacctt 1860
 accagcacga ttcaggtgtt tacggactcg gaataccagc tccgtacgt cctcggctct 1920
 gcgcaccagg gctgcctccc tccgttccc gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
 tatctgaccc taaacaatgg cagtcaggct gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggaa 2040
 tacttccctt ctcaaatgct gaggacgggc aacaactttg aattcagcta caccttcgag 2100

10

20

30

gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac agccagagcc tggaccggct gatgaaccct 2160
 ctcatcgacc agtacctgta ttacttatcc agaactcagt ccacaggagg aactcaaggt 2220
 actcagcaat tgttattttc tcaagccggg cccgcaaaca tgytggtcga ggccaagaac 2280
 tggtacctg gaccgtgtta ccgtcagcaa cgagtttcca cgacactgtc gcaaaacaac 2340
 aacagcaatt ttgctggacc ggtgccacca 2370

<210> 41
 <211> 3123
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 43.12

<400> 41
 gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60
 gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120
 aaggccattc tcggcggcag caagggtgcg gtggaccaa agtgcaagtc gtccgccag 180
 atcgacccca ccccggtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgcgtt gattgacggg 240
 aacagcacca ccttcgagca ccagcagccg ttgcaggacc ggatgttcaa gttcgaactc 300
 acccgccgtc tggagcacga ctttggcaag gtgaccaagc aggaagtcaa agagtcttc 360
 cgctggggcg aggatcagc gaccgaggtg gcgcatgagt ttacgtcag aaagggcgga 420
 gccagcaaaa gaccgcgcc cgtatgacgg gatataagcg agccaagcg ggcctgcccc 480
 tcagtccggg atccatcgac gtcagacgcg gaaggagctc cgggtggactt tgccgacagg 540
 tacaaaaaca aatgttctcg tcacgcgggc atgctccaga tgctgtttcc ctgcaaaacg 600
 tgcgagagaa tgaatcagaa tttcaacatt tgcttcacgc acggggtcag agactgctca 660
 gaatgtttcc cgggtgcate agaattctca cgggtcgtca gaaaaaaaaac gtatcagaaa 720
 ctgtgtgcca ttcatcatct gctggggcgg gcacccgaga ttgcttgctc ggcctgcgat 780
 ctggtcaacg tggacctgga cgactgtgtt totgagcaat aaatgactta aaccaggat 840
 ggctgccgat ggttatcttc cagattggct tgaggacaac ctctctgagg gcattcgcga 900
 gtggtgggac ctgaaacctg gagccccgaa acccaaagcc aaccagcaaa agcaggacga 960
 cggccgggggt ctggtgtctc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 1020
 gggggagccc gtcaacgcgg cggacgcagc ggcctctgag cagacaagg cctacgacca 1080
 gcagctcaaa ggggtgaca atccgtacct gcggtataac cagccgacg ccgagtttca 1140
 ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttcaggc 1200
 caagaagcgg gttctcgaa cctctggtct ggttgaggaa ggcgctaaga cggctcctgg 1260
 aaagaagaga ccggtagagc catcacctca gcgttcccc gactcctcca cgggcatcgg 1320
 caagaaaggc caccagcccg cgagaaagag actgaacttt gggcagactg gcgactcgga 1380
 gtcagtcccc gacctcaac caatcggaga accaccagca ggccctctg gtctgggac 1440

10

20

30

tgggtacaatg gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg 1500
 agtgggtagt tcttcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcac 1560
 caccaccagc acccgaaact gggccctgcc caccataaac aaccatctct acaagcaaatt 1620
 ctccaacggg acatcgggag gaagcactaa cgacaacacc tactttgggt acagcaccac 1680
 ctgggggtat ttgacttca acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg 1740
 actcatcaac aataactggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat 1800
 ccagggtcaag gaggtcacgc agaataagg caccaagacc atcgccaata accttaccag 1860
 cagcattcag gtgtttacgg actcgggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca 1920
 ccagggtcgc ctccctccgt tcccgcgga cgtcttcatt attcctcagt acgggtatct 1980
 gacctaaac aatggcagtc aggtgtggg cgttctctcc ttctactgcc tggaaactt 2040
 ccttctcaaa atgtcaggga cgggcaacaa ctttgaattc agctacacct tcgaggacgt 2100
 gcctttccac agcagctacg cgcacagcca gagcctggac cggctgatga acctctcat 2160
 cgaccagtac ctgtattact tatccagaac tcagtccaca ggaggaactc aaggctactca 2220
 gcaattgtta tttctcaag ccggggccgc aaacatgtcg gctcaggcca agaactggt 2280
 acctggaccg tgttaccgtc agcaacgagt ttccacgaca ctgtcgcaaa acaacaacag 2340
 caattttgct tggaccggtg ccaccaagta tcacctgaat ggcagagact ccttggttaa 2400
 tcccgcggtt gccatggcta ccacaagga cgacgaggag cgcttcttcc cgtcaagcgg 2460
 agttctaatt tttggcaagc agggggctgg aaaagacaat gtggactaca gcagcgtgat 2520
 gctcaccagc gaagaagaaa ttaaaactac taacctcagt gctacagagc agtatggtgt 2580
 ggtggcagac aacctgcagc agaccaacgg agctccatt gtgggaactg tcaacagcca 2640
 gggggcctta cctgglatgg tctggcaaaa ccgggacgtg tacctgcagg gcccactctg 2700
 ggcaaaaatt cctcacagcg acggcaactt tcctccttcg ccgctgatgg gaggtttgg 2760
 actgaaacac ccgctctc agatcctggt gaaaaaact cctgttctc cggatcctcc 2820
 gaccaccttc agccaggcca agctggcttc tttatcacg cagtacagca ccggacaggt 2880
 cagcgtggaa atcgaatggg agctgcagaa agaaaacagc aagcgtgga acccagagat 2940
 tcagtatact tccaactact acaaatctac aatgtggac ttgctgtca atactgaggg 3000
 tacttattca gagcctcgcc ccattggcac tcgttatctc acccgtaac tgtaattgct 3060
 tgttaataca taaaccggtt aattcgttcc agttgaactt tggctctcgc gaaggcgaa 3120
 ttc 3123

10

20

30

<210> 42
 <211> 3122
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 43.20

<400> 42
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatgggtatc tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtctgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgtgtgga ccaaaagtgc aagtcttcg 180
 ccagatcga tcccccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag cggcaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300
 aactcaccog ccgtctggag catgactttg gcaagggtgac gaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcgcgtg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttccac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagaccg gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480
 gccctcagt cgggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg ttccctgca 600
 agacatgca gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcgacggg accagagact 660
 gttcagaatg ttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaacca 840
 ggtatggctg ccgatggta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgcaggcc ggggtctggt gcttctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtaaa cggggcgagc gcagcggccc tcgagcacga caaagcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataatcacgc cgcgcggag 1140
 tttcaggagc gtctgcaaga agatagctct tttgggggca acctcgggag agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagactggt agagcagtcg ccacaagagc cagactcttc ctcgggcac 1320
 ggcaagacag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 1380
 gagtcagtc ccgaccacaa acctctcgga gaacctccag cagccccctc aggtctggga 1440
 cctaatacaa tggcttcagg cgggtggcgt ccaatggcag acaataacga aggcgcggac 1500
 ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 1560
 atcaccacca gcaccgaac ctgggccttg ccacactaca acaaccacct ctacaagcaa 1620
 atctccaacg gcacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctatttttg ctacagcacc 1680
 ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact ttccaccacg tgactggcaa 1740
 cgactcatca acaacaattg gggattccgg ccaaaaagac tcaacttcaa gctgttcaac 1800
 atccaggtca aggaagtcac gacgaacgaa ggcaccaaga ccacgcgcaa taatctcacc 1860
 agcacctgac aggtctttac ggactcggag taccagttac cgtacgtgct aggatccgct 1920

10

20

30

caccagggat gtctgcctcc gttcccgccg gacgtcttca cggttcctca gtacggctat 1980
 ttaacttttaa acaatggaag ccaagccctg ggacgttccct ccttctactg tctggagtat 2040
 ttcccatcgc agatgctgag aaccggcaac aactttcagt tcagctacac cttcgaggac 2100
 gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg acaggctgat gaatccctc 2160
 atcgaccagt acctgtacta cctggtcaga acgcaaacga ctggaactgg agggacgcag 2220
 actctggcat tcagccaagc gggtcctagc tcaatggcca accaggctag aaattgggtg 2280
 cccggacctt gctaccggca gcagcgcgtc tccacgacaa ccaaccagaa caacaacagc 2340
 aactttgcct ggacgggagc tgccaagttt aagctgaacg gccgagactc tctaataaat 2400
 ccgggcgttg caatggcttc ccacaaggat gacgacgacc gcttcttccc ttcgagcggg 2460
 gtccctgattt ttggcaagca aggagccggg aacgatggag tggattacag ccaagtgcgt 2520
 attacagatg aggaagaaat caaggctacc aaccccgctg ccacagaaga atatggagca 2580
 gtggccatca acaaccaggc cgccaatacg caggcgcaga ccggactcgt gcacaaccag 2640
 ggggtgattc ccggcatggt gtggcagaat agagacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 2700
 gccaaaattc ctcacacgga cggcaacttt caccgctctc cctgatggg cggctttgga 2760
 ctgaagcacc cgcctcctca aattctcctc aagaacacac cggttccagc ggaccggccg 2820
 cttaccttca accaggccaa gctgaactct ttcacacgc agtacagcac cggacaggtc 2880
 agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tccagagatt 2940
 caatacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa cacggaagga 3000
 gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaattacat 3060
 gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctctgag aagggcgaat 3120
 tc 3122

<210> 43
 <211> 3117
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 43.21

<400> 43
 gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60
 gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggctgt ggagtcggcc 120
 aaggccattc tcggcgccag caaggctgct gtggacccaa agtgcaagtc ttccgccag 180
 atcgatccca ccccgctgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg 240
 aacagcacca ccttcgagca ccagcagccg ttgcaggacc ggatgttcaa atttgaactc 300
 acccgccgtc tggagcatga ctttggaag gtgacgaagc aggaagtcaa agagttcttc 360
 cgctggggcg aggatcacgt gaccgagggt gcgcacatggt tccacgtcag aaagggtgga 420

10

20

30

gccacaaga gacccgcccc cgatgacgcg gatataagcg agcccaagcg ggccctgcccc 480
 tcagtgcggg atccatcgac gtcagacgcg gaaggagctc cgggtggactt tgccgacagg 540
 taccaaaaca aatgtttctcg tcacgcgggc atgcttcaga tgcgtgttcc ctgcaagaca 600
 tgcgagagaa tgaatcagaa tttcaacatt tgcttcacgc acgggaccag agactgttca 660
 gaatgtttcc cgggcgtgtc agaattctaa cgggtcgtca gaaagaggac gtatcgga 720
 ctctgtgcga ttcatcatct gctggggcgg gctcccgaga ttgcttgctc ggccctgcgat 780
 ctgggtcaacg tggacctgga tgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggat 840
 ggctgcccgat gggttatcttc cagattggct cgaggacaac ctctctgagg gcattcgcga 900
 gtgggtgggac ttgaaacctg gagccccgaa acccaagcc aaccagcaa agcaggacga 960
 cggccgggggt ctgggtgcttc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 1020
 gggggagccc gtcaacgcgg cggacgcagc ggccctcgag cagacaaaag cctacgacca 1080
 gcagctcaaa gcgggtgaca atccgtacct gcggtataat cagcccgacg ccgagtttca 1140
 ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttccaggc 1200
 caagaagcgg gttctcgaa ctctcggctc ggttgaggaa ggcgctaaga cggctcctgg 1260
 aaagaagaga ccggtagagc agtcgccaca agagccagac tcctcctcgg gcacggcaa 1320
 gacaggccag cagcccgtta aaaagagact caattttggt cagactggcg actcagagtc 1380
 agtccccgac ccacaacctc tcggagaacc tcagcagcc ccctcaggtc tgggacctaa 1440
 tacaatggct tcaggcgggt gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt 1500
 gggtaattcc tcgggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggggaca gagtcacac 1560
 caccagcacc cgaacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcaaatctc 1620
 caacggcacc tcgggaggaa gccaacga caaacctat ttggtctaca gacccccctg 1680
 ggggtatatt gacttcaaca gattccactg tcacttttca ccacgtgact ggcaacgact 1740
 catcaacaac aattggggat tccggcccaa aagactcaac ttcaagctgt tcaacatcca 1800
 ggtcaaggaa gtcacgacga acgaaggcag caagaccatc gccataatc tcaccagcac 1860
 cgtgcgggtc tttacggact cggagtacca gttaccgtac gtgctaggat ccgctcacca 1920
 gggatgtctg cctccgttcc cggcggacgt ctccatgggt cctcagtacg gctatttaac 1980
 ttttaacaat ggaagccaag ccctgggacg ttcctccttc tactgtctgg agtatctccc 2040
 atcgagatg ctgagaaccg gcaacaactt tcagttcagc tacaccttcg aggacgtgcc 2100
 tttccacagc agctacgcgc acagccagag cctggacagg ctgatgaatc ccctcatcga 2160
 ccagtacctg tactacctgg tcagaacgca aacgactgga actggaggga cgcagactct 2220
 ggcattcagc caagcgggtc ctagctcaat ggccaaccag gctagaaatt ggggtgccgg 2280
 accttgctac cggcagcagc gcgtctccac gacaaccaac cagagcaaca acagcaactt 2340

10

20

30

tgcctggacg ggagctgcca agtlttaagct gaacggccga gactctctaa tgaatccggg 2400
 cgtggcaatg gcttcccaca aggatgacga cgaccgcttc ttcccttcga gcggggctct 2460
 gatttttggc aagcaaggag ccgggaacga tggagtggat tacagccaag tgctgattac 2520
 agatgaggaa gaaatcaagg ctaccaaccc cgtggccaca gaagaatatg gagcagtggc 2580
 catcaacaac caggccgcca atacgcaggc gcagaccgga ctctgtcaca accagggggg 2640
 gattcccgcc atgggtgtgc agaatagaga cgtgtacctg cagggtccca tctgggcca 2700
 aattcctcac acggacggca actttcacc gtctccctg atgggcggct ttggactgaa 2760
 gcaccgcgct cctcaaattc tcatcaagaa cacaccggt ccagcggacc cgcgccttac 2820
 cttcaaccag gccaaagtga actctttcat cagcagtagc agcaccggac aggtcagcgt 2880
 ggaaatcgag tgggagctgc agaaagaaaa cagcaaaccg tggaatccag agattcaata 2940
 cacttccaac tactacaaat ctacaaatgt ggactttgct gtcaacacgg aaggagttaa 3000
 tagcagacct cgcccattg gcaccggtta cctcaccgc aacctgtaat tacatgttaa 3060
 tcaataaacc ggttaattcg tticagttga actttggtct ctgcgaaggg cgaattc 3117

<210> 44
 <211> 3121
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 43.23

<400> 44
 gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgattg 60
 cgtcgacaag atgggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 120
 cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgtgtggac caaaagtgc agtcttccgc 180
 ccagatcgat cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240
 cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgacg gaccggatgt tcaaatttga 300
 actcaccgcg cgtctggagc atgactttgg caaggtagc aagcaggaag tcaaagagt 360
 cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttccacg tcagaaagg 420
 tggcgccaac aagagaccgc ccccgatga cgcggatata agcgagcca agcgggcctg 480
 cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccgggtg actttgccga 540
 caggtagcaa aacaaatgtt ctogtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 600
 gacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga ccagagactg 660
 ttcagaatgt ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 720
 gaaactctgt gcgattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 780
 cgatctgctc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 840
 gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 900
 gcgagtgggt ggacttgaac cctggagccc cgaaacccaa agccaaccag caaaagcagg 960

10

20

30

acgacggccg ggggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 1020
 acaaggggga gcccgtaac gcggcgagc cagcggccct cgagcacgac aaagcctacg 1080
 accagcagct caaagcgggt gacaatccgt acctgcggta taatcacgcc gacgccgagt 1140
 ttcaggagcg tctgcaagaa gatacgtcct ttgggggcaa cctcggggcg gcagtcttcc 1200
 aggccaaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 1260
 ctggaaagaa gagaccggtg gagcagtcgc cacaagagcc agactcctcc tcgggcatcg 1320
 gcaagacagg ccagcagccc gctaaaaaga gactcaattt tggtcagact ggcgactcag 1380
 agtcagtccc cgaccacaa cctctcggag aacctccagc agccccctca ggtctgggac 1440
 ctaatacaat ggcttcaggc ggtggcgctc caatggcaga caataacgaa ggcgcgagc 1500
 gagtgggtaa ttctcggga aattggcatt gcgattccac atggctgggg gacagagtca 1560
 tcaccaccag caccogaacc tgggcccctgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcaa 1620
 tctccaacgg cactcggga ggaagcacca acgacaacac ctattttggc tacagcacc 1680
 cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgtcactt ttcaccacgt gactggcaac 1740
 gactcatcaa caacaattgg ggattccggc ccaaaagact caacttcaag ctgttcaaca 1800
 tccaggtcaa ggaagtacg acgaacgaag gcaccaagac catcgccaat aatctacca 1860
 gcaccgtgca ggtctttacg gacttggagt accagttacc gtacgtgcta ggatccgctc 1920
 accagggatg tctgcctccg ttcccggcg acgtcttcat ggttcctcag tacggctatt 1980
 taactttaaa caatggaagc caagccctgg gacgttctc cttctactgt ctggagtatt 2040
 tcccacgca gatgccgaga accggcaaca actttcagtt cagctacacc ttcgaggacg 2100
 tgcccttcca cagcagctac gcgcacagcc agagcctgga caggctgatg aatccccca 2160
 tcgaccagta cctgtactac ctggtcagaa cgcaaacgac tggaactgga gggacgcaga 2220
 ctctggcatt cagccaagcg ggtcctagct caatggccaa ccaggctaga aattgggtgc 2280
 ccggaccctg ctaccggcag cagcgcgtct ccacgacaac caaccagaac aacaacagca 2340
 actttgcctg gacgggagct gccaaagtta agctgaacgg ccgagactct ctaatgaatc 2400
 cgggcgtggc aatggcttcc cacaaggatg acgacgaccg cttcttccct tcgagcgggg 2460
 tctgtatttt tggcaagcaa ggagccggga acgatggagt ggattacagc caagtgtga 2520
 ttacagatga ggaagaaatc aaggctacca acccgtggc cacagaagaa tatggagcag 2580
 tggccatcaa caaccaggcc gccaatagc aggcgcagac cggactcgtg cacaaccagg 2640
 ggggtgattcc cggcatggtg tggcagaata gagacgtgta cctgcagggt cccatctggg 2700
 ccaaaattcc tcacacggac ggcaacttcc acccgtctcc cctgatgggc ggctttggac 2760
 tgaagcacc gcctctcaa attctcatca agaacacacc ggttcagcg gacccgcgc 2820
 ttaccttcaa ccaggccaag ctgaactctt tcatcacgca gtacagcacc ggacaggtca 2880

10

20

30

gcgtggaaat cgagtgggag ctgcagaaag aaaacagcaa acgctggaat ccagagattc 2940
 aatacacttc caactactac aaatctacaa atgtggactt tgctgtcaac acggaaggag 3000
 tttatagcga gcctcgcccc attggcaccg gttacctcac ccgcaacctg taattacatg 3060
 ttaatcaata aaccgggttaa ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga agggcggaatt 3120
 c 3121

<210> 45
 <211> 3122
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 43.25

<400> 45
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgacg tgggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcgcc ggcagcaagg tgcgtgtgga ccaaaagtgc aagtcttcgg 180
 cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gacaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300
 aactcaccgc ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac gaagcaggaa gtcaaagggt 360
 tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagtccac gtgcgagccc 420
 aagcgggccc gccctcagt cgcggatcca togacgtcag accagaaagg gtggagccaa 480
 caagagaccg gcccccgatg acgcggatat aagcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
 agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcgacggg accagagact 660
 gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggg cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgcatcctat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
 ggtatggctg ccgatgggta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttccctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaagcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataatcacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccggt agagcagtcg ccacaagagc cagactcctc ctccggcctc 1320
 ggcaagacag gccagcagcc cgttaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 1380
 gagtcagtcc ccgaccacac acctctcgga gaacctccag cagcccccctc aggtctggga 1440

10

20

30

cctaatacaa tggcttcagg cgggtggcgt ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 1500
 ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 1560
 atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 1620
 atctccaacg gcacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctattttgg ctacagcacc 1680
 ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact ttccaccacg tgactggcaa 1740
 cgactcatca acaacaattg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgttcaac 1800
 atccaggtca aggaagtac gacgaacgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taatctcacc 1860
 agcaccgtgc aggtctttac ggaactcggg taccagttac cgtacgtgct aggatccgt 1920
 caccagggat gtctgctcc gttcccgcg gacgtcttca tggttcttca gtacggctat 1980
 ttaactttaa acaatggaag ccaagccctg ggacgttctt cttctacttg tctggagtat 2040
 tttccatcgc agatgctgag aaccggcaac aactttcagt tcagctacac cttcgaggac 2100
 gtgccttttc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg acaggctgat gaatccctc 2160
 atcgaccagt acctgtacta cctggtcaga acgcaaacga ctggaactgg agggacgcag 2220
 actctggcat tcagccaagc gggctctagc tcaatggcca accaggctag aaattgggtg 2280
 cccggacctt gctaccggca gcagcgcgtc tccacgacaa ccaaccagaa caacaacagc 2340
 aactttgcct ggacgggagc tgccaagttt aagctgaacg gccgagactc tctaataaat 2400
 ccgggcgttg caatggcttc ccacaaggat gacgacgacc gcttcttccc ttcgagcggg 2460
 gtctgtattt ttggcaagca aggagccggg aacgatggag tggattacag ccaagtgtg 2520
 attacagatg aggaagaaat caaggctacc aaccccgtag ccacagaaga atatggagca 2580
 gtggccatca acaaccaggc cgccaatcag caggcgcaga ccggactcgt gcacaaccag 2640
 ggggtgattc ccggcatggt gtggcagaat agagacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 2700
 gccaaaattc ctccacagga cggcaacttt caccctcttc ccttgatggg cggctttgga 2760
 ctgaagcacc cgcctcttca aattctcacc aagaacacac cggttccagc ggaccgcgg 2820
 cttaccttca accaggccaa gctgaactct ttcctcagc agtacagcac cggacaggtc 2880
 agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tccagagatt 2940
 caatacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa caccgagggg 3000
 gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaattacat 3060
 gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120
 tc 3122

10

20

30

<210> 46
 <211> 3128
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 44.1

<400> 46
 gaatttcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatgttgatc tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgctgga ccaaaagtgc aagccgtccg 180
 ccagatcga cccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgcg ggaccggatg ttcaagtttg 300
 aactcaccgc cgtctggag cagcactttg gcaagggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360
 tcttcgctg ggcgcaggat cactgtaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaaag 420
 gtggagccaa caagagaccg gccccgatg acgcgataa aagcgagccc aagcgggcct 480
 gcccctcagt cgggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
 aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacycacggg accagagact 660
 gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aagacgtatc 720
 ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctatgtgact gtgtttctga gcaataaatg acttaacca 840
 ggtatggctg ccgatggtta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtaaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgcccag 1140
 tttcaggagc gtctgcaaga agatagctct tttgggggca acctcgggcy agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaaga agagaccggt agagccatca cccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
 atcggcaaga aaggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
 tcagagtcatg tgcgcgacc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggctctg 1440
 ggatctggta caatggctgc aggcgggtgc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacggagtgg gtagttctc aggaatttg cattgcatc ccacatggct gggcgacaga 1560
 gtcattacca ccagcaccg aacctgggac ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
 caaatctcca acgggacttc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
 accccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
 cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cgcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
 aacatccagg tcaaggaggt cagcgagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
 accagcacga ttcaggctct tacggactcg gaataccagc tcccgtaact cctcggctct 1920

10

20

30

ggcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
 tacctgactc tgaacaatgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
 tacttttctt ctcaaattgt gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
 gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
 ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
 actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgcgggtca gccaaaaac 2280
 tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
 aacagcaact gtaaattccc gtgtcgctat ggcaaccac aaggacgacg aagagcgatt 2400
 ttgcctggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg ttttcgctcc 2460
 agcggagtct taatgttttg gaaacagga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
 gttatgctaa ccagtggagga agaaattaaa accaccaacc cagtggccac ggaacagtac 2580
 ggctgtgttg ccgataacct gcaacagcaa aacgcgcctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640
 agtcaaggag ccttacctgg catggtcttg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
 atctgggcca agattcctca caggacgga aactttcctc cctcgccgct gatgggaggc 2760
 tttggactga aacacccgcc tctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcgat 2820
 cctccaacta ccttcagtca agctaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
 caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaaa acagcaaacg ctggaaccca 2940
 gagattcaat acacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggacttcgc tgttaacaca 3000
 gatggcaatt attctgagcc tcgcccatt ggacccggtt acctacccg taatctgtaa 3060
 ttgctcgtta atcaataaac cgttgatc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
 gcgaattc 3128

<210> 47
 <211> 3128
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 44.5

<400> 47
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgatc tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggacgcaaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
 ccagatcga cccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagtttg 300
 aactacccc ccgtctggag cagcactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360
 tcttccgctg ggcgaggat cagtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagaccg gccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

10

20

30

gccccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtagcca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg ttcccttgc 600
 aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acattttgctt caccgacggg accagagact 660
 gttcagaatg ttcccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt tgtcagaaaa aagacgtatc 720
 ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggccggcacc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctatagtagt gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
 ggtatggctg ccgatgggta tcttcacagat tggctcagag acaacctctc tgagggcatt 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaacca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttccctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggggg agcccgtaaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggg ataaccacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtctgcaaga agatagctct tttgggggca acctcgggag agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccggt agagccatca cccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
 atcggcaaga aaggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
 tcagagtca gtcgccgccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
 ggatctggta caatggctgc aggcgggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacggagtgg gtagttctc aggaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
 gtcattacca ccagcaccgc aacctgggccc ctcccacct acaacaacca cctctacaag 1620
 caaatctcca acgggacttc gggaggaagc accaaccgaca acacctactt cggctacagc 1680
 accccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
 cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gacccaactt caagctcttc 1800
 aacatccagg tcaaggaggt caccgagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
 accagcacga ttcaggctct tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
 gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
 tacctgactc tgaacaatgg cagtcaggcc gtgggcccgt cctccttcta ctgcctggag 2040
 tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
 gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
 ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg tacccgagga 2220
 actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
 tggetacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
 aacagcaact ttgcctggac cgggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400

10

20

30

gtaaatacccg gtgtcgtat ggcaaccac aaggacgacg aagagcgatt tttccgtcc 2460
 agcggagtct taatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
 gttatgctaa ccagttagga agaaattaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580
 ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggcggtcaac 2640
 agtcaaggag ccttacctgg catggtcttg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
 atctgggcca agattcctca cacggacgga aactttcatc cctcgccgct gatgggaggg 2760
 tttggactga aacaccggcc tcttcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggt 2820
 cctccaacta ccttcagtca agctaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
 caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaagaaaa acagcaaacg ctggaaccca 2940
 gagattcaat acacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgttaacaca 3000
 gatggcactt attctgagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcaccgg taatctgtaa 3060
 ttgcttgta atcaataaac cggttgattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
 gcgaattc 3128

<210> 48
 <211> 1933
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 223.10

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1302)..(1302)
 <223> can be a, c, g or t

<400> 48
 caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60
 cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcggggc 120
 agcagtccttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
 taagacggca cctggaaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcacatcg 240
 caagaaaggc cagcagcccg cgaagaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300
 gtcagtcccc gacctcaac caatcggaga accaccagca ggccctctct gtctggggtc 360
 tggtaaatg gctgcaggcg gtggcgccacc aatggctgac aataacgagg gcgcgacgg 420
 agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctggggc acagagtcac 480
 caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaa aaccacctct acaagcaaat 540
 ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttgggtctaca gcacccctg 600
 ggggtatatt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660
 tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
 ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

10

20

30

gggttcagggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtccctcggt cgcgcacca 840
 gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtagc gatacctgac 900
 tctgaacaat ggcagccaat cggtaggcgg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960
 ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacccttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
 tttccacagc agctacggcg acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080
 ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140
 ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
 gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
 caactttgcc tggactgggt ccacaaaata ccattttaat gnaagaaatt cattgggttaa 1320
 tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgcagaggaa cgcttcttcc cttegagcgg 1380
 agttctaatt ttggcaaaa ctggagcagc taataaaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
 gacaaatgaa gaagaaatc gtccaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500
 aagcagcaac ttgcaggcgg ctgacccgc agccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560
 agccttacct ggcattggtt ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
 caagattcct cacacggagc gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
 gaaacaccgg cctccccaga tcttgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atctccaga 1740
 agtgtttact cctgccagt ttgcttctt catcacgag tacagcaccg ggcaagtcat 1800
 cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
 gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920
 ttactctgag cct 1933

<210> 49
 <211> 1933
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 223.2

<400> 49
 caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggg ataaccacgc 60
 cgcgcggcag tttcaggagt gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
 agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
 taagacggca cctggaaaga agcagccggg agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
 caagaaaggc cagcagcccg cgaanaagag actcaacttt ggcagactg gcgactcaga 300
 gtcagtcccc gacctcaac caatggaga accaccagca ggccctcttg gtctgggata 360
 tgggtacaatg gttgcaggcg gtggcgacc aatggctgac aataacgagg gcggcgacgg 420
 agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcac 480
 caccaccagc acccgaacct gggccctgcc caccataaac aaccacctct acaagcaaat 540

10

20

30

ctccagtcag tcagcagggg gcaccaacga taacgtctat ttccggtaca gcacccctg 600
 ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660
 tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
 ggtcaaggag gtcacgacga atgacgggtg cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780
 ggttcaggtc ttttcggact cggaaatca actgccgtac gtccctgggt ccgcgcacca 840
 gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtagc gatacctgac 900
 tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttccctcttc tactgcctgg agtactttcc 960
 ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt caccttttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
 tttccacagc agctacggcg acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc coctcatcga 1080
 ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140
 ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
 gcccggaact tgcttcggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
 caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaatt ggaagaaatt cattgggtta 1320
 tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttctccc ctctcagcgg 1380
 agttctaat tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
 gacaaatgaa gaagaaatc gtccctacca cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500
 aagcagcaac ttgcaggcgg ctgacacgcg agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560
 agccttacct ggcattggtc ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
 caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
 gaaacacccg cctccccaga tctgatcaa aaacacgccg gtacctgcta atcctccaga 1740
 agtgtttact cctgccagt ttgcttctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800
 cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
 gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccaggggtg 1920
 ttactctgag cct 1933

<210> 50
 <211> 1933
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 223.4

<400> 50
 caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60
 cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
 agcagttctc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
 taagacggca cctggaaaga agcagaccgt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
 caagaaaggc cagcagcccg cgaanaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

10

20

30

gccagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggccctcttg gtctgggata 360
 tggtaaatg gctgcaggcg gtggcgacac aatggctgac aataacgagg gcgcccagcg 420
 agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca cggctgggag acagagtcac 480
 caccaccagc acccgaaact gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540
 ctccagttag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttgggttaca gacccccctg 600
 ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660
 tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
 ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780
 ggttcaggtc ttttcggact cgggaatatca actgccgtac gtccctgggt ccggcgacca 840
 gggctgcttg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900
 tctgaacaat ggcagccaat cggtaggcgg ttccctcttc tactgcttg agtactttcc 960
 ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
 tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctgggcccg ctgatgaac cctcatcga 1080
 ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggctact ctggcaatcg 1140
 ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
 gccccgacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
 caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattgggtta 1320
 tcccgggtgc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380
 agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
 gacaaatgaa gaagaaattc gtctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500
 aagcagcaac ttgcaggcgg ctacgaccgc agcccagaca caagtgttta acaaccaggg 1560
 agccttacct ggcattggtc ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
 caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
 gaaacaccgg cctcccaga tctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740
 agtgtttact cctgccagt ttgcttctt catcacgag tacagcaccg ggcaagtcag 1800
 cgttgagatc gaatgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
 gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920
 ttactctgag cct 1933

10

20

30

<210> 51
 <211> 1933
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 223.5

<400> 51
 caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag ttccaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
 agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
 taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
 caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300
 gccagtcccc gacctcaac caatcggaga accaccagca ggccctcttg gtctgggatc 360
 tggtaaatg gctgcaggcg gtggcgacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420
 agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca cggctgggcg acagagtcac 480
 caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540
 ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taactgttat ttcggctaca gacccccctg 600
 ggggtatctt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660
 tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
 ggtcaaggag gtacagcga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780
 ggttcaggtc ttttcggact cgggaatatca actgccgtac gtctcgggt cgcgcacca 840
 gggctgcttg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtaag gatacctgac 900
 tetgaacaat ggcagccaat cggtaggcgg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960
 ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
 tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctgggccgg ctgatgaatc cctcatcga 1080
 ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140
 ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
 gcccgacact tgcttcggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
 caactttgac tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattgggtta 1320
 tcccgggtgc gccatggcaa ccacaaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380
 agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
 gacaaatgaa gaagaaatc gtctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500
 aagcagcaac ttgcaggcgg ctacgaccgc agccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560
 agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
 caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
 gaaacaccgg cctccccaga tctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740
 agtgtttact cctgccagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800
 cgttgagatc gaatgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
 gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccaggggtg 1920
 ttactctgag cct 1933

10

20

30

<210> 52
 <211> 1933
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 223.6

<400> 52
 caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60
 cgacgcccag tttcagcagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
 agcagtcctc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctgggtg agacgccagc 180
 taagacggca cctggaaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcacatcg 240
 caagaaaggc cagcagcccg cgaanaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300
 gtcagtcccc gacctcaac caatcggaga accaccagca ggccccctct gtctgggato 360
 tggtaacaat gctgcaggcg gtggcgacc aatggctgac aatagcgagg gcgccgacgg 420
 agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcac 480
 caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cactacaac aaccacctct acaagcaaat 540
 ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggtaca gcacccctg 600
 ggggtatctt gacttcaaca gattccattg ccactctca ccacgtgact ggcagcgact 660
 tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
 ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780
 ggttcaggtc ttttcggact cgggaatatc actgcctgac gtctctgggt ccgcgcacca 840
 gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gtctatgatt cgcagctacg gatacctgac 900
 tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccc ttctctcttc tactgcctgg agtactttcc 960
 ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacttttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
 tttccacagc agctacgagc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc cctcatcga 1080
 ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140
 ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
 gcccgacact tgcttcgggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
 caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccattttaat ggaagaaatt cattgggtta 1320
 tcccggtgtc gccatggcaa ccacaaagga cgacgaggaa cgcttcttcc ctctgagcgg 1380
 agttctaatt tttggcaaaa ctgggacgac taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
 gacaaatgaa gaagaaattc gtctaccaca cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500
 aagcagcaac ttgcaggcgg ctacgaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560
 agccttacct ggcattggtc ggcagaacgg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
 caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
 gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

10

20

30

agtgtttact cctgccaagc ttgttctctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800
 cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
 gtacacctcc aacttttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccaggggtg 1920
 ttactctgag cct 1933

<210> 53
 <211> 1933
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 223.7

<400> 53
 caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggg ataaccacgc 60
 cgacgcagag ttacaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
 agcagtcctc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
 taagacggca cctggaaaga agcgaccggg agactcgcca gactccacct cgggcacatcg 240
 caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300
 gtcagtcctc gacctcaac caatcggaga accaccagca ggccctctg gtctgggac 360
 tggtaacaatg gctgcaggcg gtggcgacac aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420
 agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggag acagagtcac 480
 caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacttacaac aaccacctct acaagcaaat 540
 ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccctg 600
 ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660
 tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
 ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780
 ggttcaggtc ttttcggacc cgggaatatc actgcgtagc gtcctcggct ccgcgcacca 840
 gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtagc gatacctgac 900
 tctgaacaat ggcagccaat cggtaggcg ttcctccttc tactgcctgg agtaactttc 960
 ttctcagatg ctgagaacg gcaacaactt cacttttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
 tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaac ccctcatcga 1080
 ccagtagctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140
 ggaactgcag ttttatcagg ggcgacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
 gcccgacact tgcttcggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
 caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattgggtta 1320
 tcccgtgtgc gccatggcaa ccacaaagga cgacgaggaa cgcttctctc ctccgagcgg 1380
 agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
 gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

10

20

30

aagcagcaac ttgcaggcgg ctacgaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560
agccttacct ggcattgtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
gaaacaccgg cctccccaga tctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740
agtgtttact cctgccaaga ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800
cgttgagatc gagggtgggc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920
ttactctgag cct 1933

<210> 54
<211> 3123
<212> DNA
<213> new AAV serotype, clone A3.4

<400> 54
gaattcgccc ttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60
gcgtcgacaa gatggtgatc tgggtggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120
ctgccaaagc cattctgggt ggaagcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180
cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acggaaactc gaccaccttc gaggaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300
aacttaccgg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360
ttttccgggt ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420
gtggagccaa gaaaaggccc gccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggccc 480
gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcgggca 540
ggtacaaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600
aatgcgaaag aatgaatcag aattcaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660
tggaatgctt tcccgtgtca gaattccaac ccgtttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720
aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagaaccaga cgctgcact gcctgcgacc 780
tggtaaatgt ggacttggat gactgtatct ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840
gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900
tgggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960
agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020
ggagagccgg tcaacgaggc agacgcggcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080
cagctcaagc aagggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggagcg tgaatttcag 1140
gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200
aaaaagaggg tactcgagcc tcttgggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260

10

20

30

aaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact ctctcctggg catcggcgaa 1320
 tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aatttttggtc agactggcga cacagagtca 1380
 gtcccagacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaata 1440
 acaatggctt caggcgggtg ggcaccaatg gcagacgata acgaaggcgc cgacggagtg 1500
 ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggacag agttatcacc 1560
 accagcaca gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620
 agcgaatcgg gagccacca cgacaaccac tacttoggct acagcaccac ctgggggtat 1680
 tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740
 aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800
 gaggtcacgc agaattgatg aaccacgacc atcgccaata accttaccag caggggtcag 1860
 gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gtctggctca ccagggctgc 1920
 cttccgcctt tcccagcaga cgtcttcatt attctcagt acggctactt gactctgaac 1980
 aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040
 atgctgagga cgggaaacaa ctccaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100
 agcagctacg cgcacagcca gactctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160
 ctgtattacc tgagcaaac tcagggatca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220
 ttcagccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280
 agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaattgaca acaacaacag tgaatttgct 2340
 tggactgcag ccaccaaata ttacctgaat ggaagaaatt ctctggctaa tccggggccc 2400
 ccaatggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460
 tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgtt tattacagac 2520
 gaagaagaaa tcagaacaac taatctgtg gctacagaac aatcaggaca ggttgccacc 2580
 aaccatcaga gtcaggacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatttta 2640
 cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700
 cctcacacgg acggacactt tcctcttct ccgctcatgg gaggttttg actgaaacac 2760
 cctctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccacttcc 2820
 actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca ccggacaggt cagcgtggaa 2880
 atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccagaaat tcagtacacc 2940
 tccaactaca acaagtccgt gaatgtggag ttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000
 gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgtaaatgaa 3060
 taaaccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggctctctg gaagggcgaa ttcgcgccg 3120
 cta 3123

10

20

30

<210> 55
 <211> 3113
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone A3.5

<400> 55
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatggtgacg tgggtggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120
 ctgccaaaagc cattctgggtt ggaagcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180
 ccagatcgca cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300
 aacttaccgg ccgtttggat catgactttg ggaagggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360
 ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420
 gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatataa aaatgagccc aagcgggccc 480
 gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcggaca 540
 ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt cctgtcgac 600
 aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660
 tggaatgctt tcccgtgtca gaattctaac ccgttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720
 aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagtaccaga cgctgcact gctgcgacc 780
 tggtaaatgt ggacttggtg gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840
 gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900
 tgggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaacctc accaacaaca ccgggacgac 960
 agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ctttcaacgg actcgacaaa 1020
 ggagagccgg tcaacgaggc agacgccggc gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080
 cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcgggacgc tgaatttcag 1140
 gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200
 aaaaagaggg tactcgagcc tcttgggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggtccttgga 1260
 aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcaaa 1320
 tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380
 gtcccagacc ctcaaccaat cggagaacct cccgcagccc cctctggtgt gggatctaata 1440
 acaatggctt caggcgggtg ggcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 1500
 ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560
 accagcacia gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620
 agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcaccac ctgggggtat 1680
 tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaat 1740

10

20

30

aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800
gaggtcacgc agaattgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cacggtgcag 1860
gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggtgc 1920
cttcgcgcgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980
aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040
atgctgagga cgggaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100
agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160
ctgtattacc tgagcaaac tcagggtaca agtggaaaca cgcagcaatc gagactgcag 2220
ttcaaccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280
agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatagaca acaacaacag tgaatttgct 2340
tggactgcag ccaccaata ttaccggaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400
ccaatggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcacc 2460
tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgtc tattacagac 2520
gaagaagaaa tcagaacgac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580
aaccgtcaga gtcagaacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640
cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700
cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggcttttg actgaaacac 2760
cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatccgc gaccacttcc 2820
actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca ccggacaggt cagcgtggaa 2880
atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccggaat tcagtacacc 2940
tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag ttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000
gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060
taaaccgatt tatgcgttcc agttgaactt tggctctctg gaagggcgaa ttc 3113

<210> 56
<211> 3122
<212> DNA
<213> new AAV serotype, clone A3.7

<400> 56
agcggccgag aattogccct ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgaa aactttccct 60
tcaacgattg cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggaaagatg accgccaagg 120
tcgtggaatc tgccaaagcc attctgggtg gaagcaaggt tcgtgtggac cagaaatgca 180
ggctcttcggc ccagatcgac ccgactccgg tgattgtcac ctctaaccac aacatgtgcg 240
ccgtgattga cggaaactcg accaccttcg agcaccagca gccgttgcaa gaccggatgt 300
tcaaatttga acttaccgac cgtttggatc atgacttttg gaaggtcacc aagcaggaag 360

10

20

30

tcaaagactt tttccggtgg gctcaagatc acgtgactga ggtggagcat gagttctacg 420
 tcaaaaaggg tggagccaag aaaaggcccg ccccgatga tgtatatata aatgagccca 480
 agcgggcgcg cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga cgcggaagct tcgataaact 540
 acgcggacag gtaccaaacc aaatgtttct gtcacgtggg catgaatctg atgctgtttc 600
 cctgtcgaca atgcgaaaga atgaatcaga attcaaatat ctgcttcaca cacgggcaaa 660
 aagactgttt ggaatgcttt cccgtgtcag aatctcaacc cgtttctgtc gtcagaaaaa 720
 cgtatcagaa actttgttac attcatcata tcacgggaaa agtaccagac gcctgcactg 780
 cctgcgacct ggtaaatgtg gacttggatg actgtatttc tgagcaataa atgacttaaa 840
 tcaggatagg ctgctgacgg ttatcttcca gattggctcg aggacactct ctctgaagga 900
 atcagacagt ggtggaagct caaacctggc ccaccaccgc cgaaacctaa ccaacaacac 960
 cgggacgaca gtaggggtct tgtgcttctt ggggtacaagt acctcggacc ctccaacgga 1020
 ctcgacaaag gagagccggt caacgaggca gacgccggcg ccctcgagca cgacaaagcc 1080
 tacgaccacc agctcaagca aggggacaac ccgtacctca aatacaacca cgcggacgct 1140
 gaatttcagg agcgtcttca agaagatacg tctttcgggg gcaacctcgg gcgagcagtc 1200
 ttccaggcca aaaagagggc actcagacct cttgtgtctg ttgaggaagc tgttaagacg 1260
 gctcctggaa aaaagagacc tatagagcag tctcctgcag aaccggactc ttctcgggc 1320
 atcggcaaat caggccagca gcccgctaag aaaagactca attttgggtca gactggcgac 1380
 acagagtcag tccagacccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcagcccc ctctgggtgtg 1440
 ggatctaata caatggcttc agcggtggg gcaccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacggagtgg gtaattcctc gggaaattgg cattgcgatt ccacatggat gggcgacaga 1560
 gttatcacca ccagcacaag aacctgggcc ctccccacct acaataatcg cctctacaag 1620
 caaatctcca gcgaatcggg agccaccaac gacaaccact acttcgggta cagcaccccc 1680
 tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcga 1740
 ctcatcaaca acaactgggg atttagacco aagaaactca atttcaagct cttcaacatc 1800
 caagtcaagg aggtcacgca gaatgatgga accacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1860
 acggtgcagg tcttcacaga ctctgagtac cagctgcctt acgtcctcgg ttcggctcac 1920
 cagggtgccc ttccgccgtt cccagcagac gtcttcatga ttcttcagta cggctacttg 1980
 actctgaaca atggcagcca agcggtagga cgttcttcat tctactgtct agagtatttt 2040
 cctctcaga tgctgaggac gggaaacaac ttcacctca gctacacttt tgaagacgtg 2100
 cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agtctggatc ggctgatgaa tcctctcatt 2160
 gaccagtacc tgtattacct gagcaaaact cagggtacaa gtggaacaac gcagcaatcg 2220
 agactgcagt tcagccaagc tgggcctagc tccatggctc agcaggccaa aaactggcta 2280

10

20

30

ccgggaccca gctaccgaca gcagcgaatg tctaagacgg ctaatgacaa caacaacagt 2340
 gaatttgctt ggactgcagc caccaaatat tacctgaatg gaagaaatc tctggccaat 2400
 cccgggcccc caatggccag tcacaaggac gatgaggaaa agtatttccc catgcacgga 2460
 aatctcatct ttggaaaaca aggcacagga actaccaatg tggacattga atcagtgcctt 2520
 attacagacg aagaagaaat cagaacaact aatcctgtgg ctacagaaca atacggacag 2580
 gttgccacca accatcagag tcagaacacc acagcttcct atggaagtgt ggacagccag 2640
 ggaatcttac ctggaatggt gtggcaggac cgcgatgtct atcttcaagg tcccatttgg 2700
 gccaaaactc ctcacacgga cggacacttt catccttctc cgctcatggg aggcatttga 2760
 ctgaaacacc ctctcccca gatcctgac ctaaacacac ctgtgccagc gaatcccgcg 2820
 accactttca ctcttgaaa gtttgcttgc ttattaccc agtattccac cggacaggtc 2880
 agcgtggaaa tagagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa cccagaaatt 2940
 cagtacacct ccaactaaa caagtcggtg aatgtggagt ttaccgtgga cgcaaacggt 3000
 gtttattctg aaccocgccc tattggcact cgttacctta cccggaactt gtaatttcct 3060
 gttaatgaat aaaccgattt atgcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120
 tc 3122

<210> 57
 <211> 3123
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone A3.3

<400> 57
 gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgctgcacaa gatggtgac tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120
 ctgccaagc cattctgggt ggaggcaagg ttctgttgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180
 cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300
 aacttaccog ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360
 ttttccgggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420
 gtggagccaa gaaaaggccc gccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggccc 480
 gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcggaca 540
 ggtacaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt cctgtcgcac 600
 aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660
 tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgtttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720
 aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagtlaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780
 tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840

10

20

30

gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900
 tgggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaacctc accaacaaca ccgggacgac 960
 agtaggggctc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020
 ggagagccgg tcaacgaggc agacgccggc gccctcggc acgacaaaagc ctacgaccac 1080
 cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acggggacgc tgaatttcag 1140
 gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200
 aaaaagaggg tactcgagcc tcttgggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260
 aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcgcaaaa 1320
 tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380
 gtcccaggcc ctcaaccaat cggagaacct cccgcagccc cctctggtgt gggatctaata 1440
 acaatggctt caggcgggtg ggcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 1500
 ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560
 accagcaca gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620
 agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcaccac ctgggggtat 1680
 tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740
 aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800
 gaggtcacgc agaattgatg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cgcggtgcag 1860
 gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcgggtca ccagggtgc 1920
 cttccgcctt tcccagcaga cgtcttcgat attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980
 aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040
 atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100
 agcagctacg cgcacagcca gagtctgat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160
 ctgtattacc tgagcaaac tcaggggtaca agtggacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220
 ttcagccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280
 agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatagca acaacaacag tgaatttgct 2340
 tggactgcag ccaccaata ttacctgaat ggaagaaatt ctctgggtcaa tcccgggccc 2400
 ccagtgcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460
 tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgtt tattacagac 2520
 gaagaagaaa tcagaacaac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580
 aaccatcaga gtcagaacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaattcta 2640
 cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700
 cctcacacgg acggacactt tcaccttct ccgctcatgg gaggttttg actgaaacac 2760

10

20

30

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccg caccactttc 2820
 actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca cctgacaggt cagcgtggaa 2880
 atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccagaaat tcagtacacc 2940
 tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000
 gaaccccccc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060
 taagccgatt tatgcgttcc agttgaactt tggctctctc gaagggcgaa ttcgtttaaa 3120
 cct 3123

<210> 58
 <211> 2969
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 42.12

10

<400> 58
 gaattcgccc ttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
 gcgtcgacaa gatgggtgac tgggtggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgctgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
 cccagatcga cccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gaccaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
 aactcaccgg ccgtctggag cagcactttg gcaagggtgc aaagcaggaa gtcaaagagt 360
 tcttcctgct ggccgaggat cagctgaccg aggtggcgca tgagtctctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggtata aagcgagccc aagcgggcct 480
 gccccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
 agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt caccgacggg accagagact 660
 gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
 ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
 gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
 ggtatggctg ccgatgggta tcttcagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcac 900
 cgcgagtggg gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
 gacgacggcc ggggtctggt gcttctctgg tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
 gacaaggagg agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
 gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140
 tttcaggagc gtcttcaaga agatagctct tttgggggca acctcgggag agcagtcttc 1200
 caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
 cctggaaaga agagaccggt agagccatca cccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

20

30

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
 tcagagtcag tgcccagccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
 ggatctggta caatggctgc aggcgggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
 gacggagtgg gtagttcctc aggaatttgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
 gtcattacca ccagcaccgc aacctgggccc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
 caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
 accccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
 cagcgactca tcaacaacaa ctgggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
 aacatccagg tcaaggaggt cagcgagaat gaaggacca agaccatcgc caataacctt 1860
 accagcacga ttcaggctct tacggactcg gaataccagc tcccgtagct cctcggtctt 1920
 gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
 tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggcccgt cctccttcta ctgcctggag 2040
 tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
 gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gacgaacccc 2160
 ctcatcgacc agtacctgta ctacctggcc cggaccacaga gcaactacgg gtccacaagg 2220
 gggctgcagt tccatcaggc tgggcccac accatggccg agcaatcaaa gaactggctg 2280
 cccggaccct gttatcgga cagagactg tcaaaaaaca tagacagcaa caacaacagt 2340
 aactttgcct ggaccgggac cactaaatac catctgaatg gtagaaattc attaaccaac 2400
 cggggcgtag ccatggccac caacaaggac gacgaggacc agttctttcc catcaacgga 2460
 gtgctgggtt ttggcaaaac gggggctgcc aacaagacaa cgctggaaaa cgtgctaattg 2520
 accagcgagg aggagatcaa aaccaccaat cccgtggcta cagaagaata cgggtgggtc 2580
 tccagcaacc tgcaatcgtc tacggccgga cccagacac agactgtcaa cagccagggg 2640
 gctctgcccg gcatgggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 2700
 aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccgtctcccc tgatggggcg atttggactc 2760
 aaacaccgc ctctcaaat tctcatcaag tatacttcca actactacaa atctacaaat 2820
 gtggactttg ctgtcaatac tgagggtact tattcagagc ctgcgccat tggcaccggt 2880
 tacctcaccg gtaacctgta attgcctgtt aatcaataaa ccggtaatt cgtttcagtt 2940
 gaactttggt ctctgcgaag ggcgaattc 2969

<210> 59
 <211> 3129
 <212> DNA
 <213> new AAV serotype, clone 44.2

<400> 59
 gaattcgccc ttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

10

20

30

gogtcgacaa gatggtgac tgggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
 ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
 ccagatcga cccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
 acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agcgtttgca ggaccggatg ttcaagtttg 300
 aactacccc cgtctggag cagcactttg gcaagggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360
 tcttcgctg ggcgcaggat cagctgaccg aggtggcgca cagtttctac gtcagaaagg 420
 gtggagccaa caagagacc ccccccgatg acgcggataa aagcagagcc aagcgggcct 480
 gccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
 acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg ttccctgca 600
 aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cagcagcggg accagagact 660
 gttcagaatg ttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggg cgtcagaaaa aagacgtatc 720
 ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg gggcgggcac ccgagattgc ttgctcggcc 780
 tgcgatctgg tcaacgtgga cctagatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaac 840
 aggtatggct gccgatggtt atcttccaga ttggctogag gacaacctct ctgagggcat 900
 tcgcgagtgg tgggacttga aacctggagc ccgaaaccc aaagccaacc agcaaaagca 960
 ggacgacggc cggggtctgg tcttctctgg ctacaagtac ctccgaccct tcaacggact 1020
 cgacaagggg gagccgtca acgcggcgga cgcagcgcc ctcgagcacg acaaggccta 1080
 cgaccagcag ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgagg tataaccacg ccgacgcoga 1140
 gtttcaggag cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt 1200
 ccaggccaag aagcgggttc tcgaacctct cggctctggt gaggaaggcg ctaagacggc 1260
 tcctggaaag aagagaccgg tagagccatc acccagcgt tctccagact cctctacggg 1320
 catcggcaag aaaggccagc agcccgcga aaagagactc aactttgggc agactggcga 1380
 ctcagagtca gtgcccagc ctcaaccaat cggagaaccc ccgcagggc cctctggtct 1440
 gggatctggt acaatggctg caggcggtgg cgctccaatg gcagacaata acgaaggcgc 1500
 cgacggagtg ggtagttcct caggaaattg gcattgcgat tccacatggc tggcgacag 1560
 agtcacacc accagacccc gaacctgggc cctccccacc tacaacaacc acctctaca 1620
 gcaaactctc aacgggactt cgggaggaag caccaacgac aacacctact tcggctacag 1680
 caccocctgg gggatatttg actttaacag attccactgc cacttctcac cactgactg 1740
 gcagcgactc atcaacaaca actggggatt cggcccaag agactcaact tcaagctctt 1800
 caacatccag gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct 1860
 taccagcacg attcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc 1920
 tgcgcaccag ggctgcctgc ctccgttccc gggggacgtc ttcatgattc ctcagtacgg 1980

10

20

30

gtacctgact ctgaacaatg gcagtcaggc cgtggggcgt tcctccttct actgcctgga 2040
gtactttcct tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct accagtttga 2100
ggacgtgcct ttccacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaaccc 2160
cctcatcgac cagtacctgt actacctgtc tcggactcag tccacgggag gtaccgcagg 2220
aactcagcag ttgctatttt ctcaggccgg gcctaataac atgtcggctc aggcacaaaa 2280
ctggctaccc gggccctgct accggcagca acgcgtctcc acgacactgt cgcaaaataa 2340
caacagcaac ttgctctgga ccggtgccac caagtatcat ctgaatggca gagactctct 2400
ggtaaatccc ggtgtcgcta tggcaaccca caaggacgac gaagagcgat tttttccgct 2460
cagcggagtc ttaatgtttg ggaaacaggg agctggaaaa gacaacgtgg actatagcag 2520
cgttatgcta accagtgagg aagaaattaa aaccaccaac ccagtggcca cagaacagta 2580
cggcgtggtg gccgataacc tgcaacagca aaacgccgct cctattgtag gggccgtcaa 2640
cagtcaagga gccttacctg gcattgtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc 2700
tatctgggcc aagattcctc acacggacgg aaactttcat ccctcgcgc tgatgggagg 2760
ctttggactg aaacaccggc ctcctcagat cctgattaag aatacacctg ttcccgcgga 2820
tcctccaaat accttcagtc aagctaagct ggcgtcgttc atcacgcagt acagcaccgg 2880
acaggtcagc gtggaaattg aatgggagct gcagaagaa aacagcaaac gctggaaccc 2940
agagattcaa tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgttaacac 3000
agatggcact tattctgagc ctgcgcccat cggcacccgt tacctcacc gtaatctgta 3060
attgcttgtt aatcaataaa ccggttgatt cgtttcagtt gaactttggt ctctgcgaag 3120
ggcgaattc 3129

<210> 60
<211> 733
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone C1VE1
<400> 60

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

10

20

30

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

10

20

30

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
 325 330 335
 Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
 340 345 350
 Leu Ser Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
 355 360 365
 Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
 370 375 380
 Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
 385 390 400
 Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Gly Lys Val Pro Phe His Ser Met
 405 410 415
 Tyr Ala Tyr Ser Gln Ser Pro Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
 420 425 430
 Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn
 435 440 445
 Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe
 450 455 460
 Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
 465 470 475 480
 Arg Leu Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly
 485 490 495
 Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
 500 505 510
 Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
 515 520 525
 Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
 530 535 540
 Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu
 545 550 555 560
 Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
 565 570 575

10

20

30

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala
645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn
690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu
705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 61
<211> 733
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone C2VP1

<400> 61
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Leu
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe His Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

10

20

30

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

10

20

30

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
 340 345 350
 Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
 355 360 365
 Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
 370 375 380
 Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
 385 390 395 400
 Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met
 405 410 415
 Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
 420 425 430
 Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn
 435 440 445
 Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe
 450 455 460
 Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
 465 470 475 480
 Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly
 485 490 495
 Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
 500 505 510
 Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
 515 520 525
 Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
 530 535 540
 Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu
 545 550 555 560
 Gly Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
 565 570 575
 Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
 580 585 590

10

20

30

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala
645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685

Ser Lys Arg Arg Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn
690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu
705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 62
<211> 733
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone C5VP102

<400> 62
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Glu Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

10

20

30

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

10

20

30

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
 355 360 365
 Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
 370 375 380
 Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
 385 390 395 400
 Asn Phe Glu Thr Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met
 405 410 415
 Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Gly Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
 420 425 430
 Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn
 435 440 445
 Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe
 450 455 460
 Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
 465 470 475 480
 Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly
 485 490 495
 Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
 500 505 510
 Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
 515 520 525
 Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
 530 535 540
 Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu
 545 550 555 560
 Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
 565 570 575
 Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
 580 585 590
 Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
 595 600 605

10

20

30

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Tyr Pro Ala
645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Cys Gly Asn
690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu
705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 63
<211> 734
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone AAV4VP1

<400> 63
Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

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

10

20

30

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
 115 120 125
 Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
 130 135 140
 Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
 145 150 155 160
 Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
 165 170 175
 Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
 180 185 190
 Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
 195 200 205
 Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
 210 215 220
 Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
 225 230 235 240
 Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
 245 250 255
 Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
 260 265 270
 Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
 275 280 285
 Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
 290 295 300
 Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
 305 310 315 320
 Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
 325 330 335
 Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
 340 345 350
 Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
 355 360 365

10

20

30

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
 370 375 380
 Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
 385 390 395 400
 Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
 405 410 415
 Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
 420 425 430
 Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
 435 440 445
 Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
 450 455 460
 Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
 465 470 475 480
 Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
 485 490 495
 Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
 500 505 510
 Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
 515 520 525
 Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
 530 535 540
 Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
 545 550 555 560
 Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
 565 570 575
 Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
 580 585 590
 Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
 595 600 605
 Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
 610 615 620

10

20

30

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 64
<211> 736
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone AAV1

<400> 64
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

10

20

30

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140
 Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
 145 150 155 160
 Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
 165 170 175
 Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
 180 185 190
 Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
 195 200 205
 Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
 210 215 220
 Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
 225 230 235 240
 Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255
 Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
 260 265 270
 Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
 275 280 285
 His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
 290 295 300
 Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
 305 310 315 320
 Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
 325 330 335
 Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
 340 345 350
 Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
 355 360 365
 Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
 370 375 380

10

20

30

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

10

20

30

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 65
<211> 736
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone AAV6VP1

<400> 65
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

10

<210> 66
<211> 735
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone A3.3

<400> 66

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

20

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

30

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

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

10

20

30

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

10

20

30

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

10

<210> 67
<211> 735
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone A3.7

<400> 67
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

20

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

30

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Glu Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
 165 170 175
 Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
 180 185 190
 Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
 195 200 205
 Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
 210 215 220
 Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
 225 230 235 240
 Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn Arg Leu
 245 250 255
 Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
 260 265 270
 Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
 275 280 285
 Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
 290 295 300
 Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
 305 310 315 320
 Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
 325 330 335
 Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
 340 345 350
 Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
 355 360 365
 Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
 370 375 380
 Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
 385 390 395 400
 Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
 405 410 415

10

20

30

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
 420 425 430
 Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
 435 440 445
 Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
 450 455 460
 Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
 465 470 475 480
 Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
 485 490 495
 Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly
 500 505 510
 Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp
 515 520 525
 Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
 530 535 540
 Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
 545 550 555 560
 Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
 565 570 575
 Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr
 580 585 590
 Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
 595 600 605
 Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
 610 615 620
 Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
 625 630 635 640
 His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
 645 650 655
 Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
 660 665 670

10

20

30

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 68
<211> 735
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone A3.4

10

<400> 68
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

20

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

30

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Glu Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
 180 185 190
 Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
 195 200 205
 Ala Pro Met Ala Asp Asp Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
 210 215 220
 Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
 225 230 235 240
 Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255
 Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
 260 265 270
 Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
 275 280 285
 Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
 290 295 300
 Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
 305 310 315 320
 Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
 325 330 335
 Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
 340 345 350
 Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
 355 360 365
 Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
 370 375 380
 Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
 385 390 395 400
 Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
 405 410 415
 Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
 420 425 430

10

20

30

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
 435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
 450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
 465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
 485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly
 500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp
 515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
 530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
 545 550 555 560

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

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asp Thr Thr Ala Ser Tyr
 580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
 595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
 610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
 625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
 645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
 660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
 675 680 685

10

20

30

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 69
<211> 735
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone A3.5

<400> 69
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

10

20

30

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
 195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
 210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
 225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
 260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
 275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
 290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
 305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
 325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
 340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
 355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
 370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
 385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
 405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
 420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
 435 440 445

10

20

30

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Asn Gln
 450 455 460
 Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
 465 470 475 480
 Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
 485 490 495
 Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Pro Asn Gly
 500 505 510
 Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp
 515 520 525
 Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
 530 535 540
 Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
 545 550 555 560
 Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
 565 570 575
 Gly Gln Val Ala Thr Asn Arg Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr
 580 585 590
 Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
 595 600 605
 Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
 610 615 620
 Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
 625 630 635 640
 His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
 645 650 655
 Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
 660 665 670
 Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
 675 680 685
 Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
 690 695 700

10

20

30

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 70
<211> 735
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone AAV2

<400> 70
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

10

20

30

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
 195 200 205
 Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
 210 215 220
 Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
 225 230 235 240
 Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255
 Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
 260 265 270
 Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
 275 280 285
 Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
 290 295 300
 Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
 305 310 315 320
 Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
 325 330 335
 Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
 340 345 350
 Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
 355 360 365
 Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
 370 375 380
 Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
 385 390 395 400
 Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
 405 410 415
 Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
 420 425 430
 Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
 435 440 445

10

20

30

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
 450 455 460
 Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
 465 470 475 480
 Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
 485 490 495
 Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
 500 505 510
 Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
 515 520 525
 Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
 530 535 540
 Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
 545 550 555 560
 Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
 565 570 575
 Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
 580 585 590
 Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
 595 600 605
 Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
 610 615 620
 Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
 625 630 635 640
 His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
 645 650 655
 Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
 660 665 670
 Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
 675 680 685
 Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
 690 695 700

10

20

30

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 71
<211> 736
<212> ERT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone AAV3

<400> 71
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly
130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

10

20

30

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

10

20

30

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
 465 470 475 480
 Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
 485 490 495
 Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
 500 505 510
 Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
 515 520 525
 Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
 530 535 540
 Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
 545 550 555 560
 Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
 565 570 575
 Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
 580 585 590
 Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
 595 600 605
 Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
 610 615 620
 Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
 625 630 635 640
 Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
 645 650 655
 Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
 660 665 670
 Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
 675 680 685
 Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
 690 695 700
 Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
 705 710 715 720

10

20

30

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
 725 730 735

<210> 72
 <211> 737
 <212> PRT
 <213> capsid protein of AAV serotype, clone 3.3bVF1

<400> 72

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

Gln Gln Leu Asn Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg
 130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
 180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly
 195 200 205

10

20

30

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

10

20

30

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

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

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720

10

20

30

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
 725 730 735

Leu

<210> 73
 <211> 644
 <212> PRT
 <213> capsid protein of AAV serotype, clone 223-4

<400> 73
 Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
 1 5 10 15

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

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
 35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
 50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
 65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
 85 90 95

Gly Asp Ser Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
 100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
 115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
 130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile
 145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
 180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
 195 200 205

10

20

30

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

10

20

30

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 74
<211> 644
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 223.5

<400> 74
Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

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

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

10

20

30

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

10

20

30

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560

10

20

30

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 75
<211> 644
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 223.10

<220>
<221> MISC FEATURE
<222> (434)..(434)
<223> can be any amino acid

<400> 75

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

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

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

10

20

30

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
 115 120 125
 Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
 130 135 140
 Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
 145 150 155 160
 Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 165 170 175
 Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
 180 185 190
 Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
 195 200 205
 His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
 210 215 220
 Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
 225 230 235 240
 Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
 245 250 255
 Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
 260 265 270
 Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
 275 280 285
 Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
 290 295 300
 Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
 305 310 315 320
 Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
 325 330 335
 Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
 340 345 350
 Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
 355 360 365

10

20

30

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430

Asn Xaa Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620

10

20

30

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 76
<211> 644
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 223.2

<400> 76
Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

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

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Val Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205

10

20

30

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

10

20

30

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 77
<211> 644
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 223.7

<400> 77

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

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

10

20

30

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

10

20

30

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540

10

20

30

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Ile Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 78
<211> 644
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 223.6

<400> 78

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

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

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125

10

20

30

Ala Pro Met Ala Asp Asn Ser Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
 130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
 145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
 180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
 195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
 210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
 225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
 245 250 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
 260 265 270

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
 275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
 290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
 305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
 325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
 340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
 355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
 370 375 380

10

20

30

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

10

20

30

Tyr Ser Glu Pro

<210> 79
 <211> 738
 <212> PRT
 <213> capsid protein of AAV serotype, clone 44.1
 <400> 79

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205

10

20

30

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

10

20

30

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510
 Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525
 His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
 530 535 540
 Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
 545 550 555 560
 Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
 565 570 575
 Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
 580 585 590
 Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
 595 600 605
 Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
 610 615 620
 Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
 625 630 635 640
 Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
 645 650 655
 Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
 660 665 670
 Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
 675 680 685
 Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
 690 695 700
 Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
 705 710 715 720

10

20

30

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
 725 730 735

Asn Leu

<210> 80
 <211> 738
 <212> PRT
 <213> capsid protein of AAV serotype, clone 44.5

<400> 80

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205

10

20

30

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

10

20

30

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720

10

20

30

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 81
<211> 738
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 44.2

<400> 81
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

10

20

30

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

10

20

30

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510
 Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525
 His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
 530 535 540
 Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
 545 550 555 560
 Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
 565 570 575
 Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
 580 585 590
 Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
 595 600 605
 Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
 610 615 620
 Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
 625 630 635 640
 Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
 645 650 655
 Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
 660 665 670
 Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
 675 680 685
 Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
 690 695 700
 Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
 705 710 715 720

10

20

30

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
 725 730 735

Asn Leu

<210> 82
 <211> 738
 <212> PRT
 <213> capsid protein of AAV serotype, clone 29.3VP1

<400> 82

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Thr Thr Gly Ile
 145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205

10

20

30

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

10

20

30

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510
 Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525
 His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
 530 535 540
 Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Gly Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
 545 550 555 560
 Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
 565 570 575
 Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
 580 585 590
 Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
 595 600 605
 Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
 610 615 620
 Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
 625 630 635 640
 Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
 645 650 655
 Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
 660 665 670
 Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
 675 680 685
 Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
 690 695 700
 Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
 705 710 715 720

10

20

30

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
 725 730 735

Asn Leu

<210> 83
 <211> 738
 <212> PRT
 <213> capsid protein of AAV serotype, clone 29.5VP1

<400> 83

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190

10

20

30

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205
 Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
 210 215 220
 Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Gly Val
 225 230 235 240
 Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255
 Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Ser Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365
 Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
 405 410 415
 Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430
 Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445

10

20

30

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
 450 455 460
 Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asp Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510
 Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525
 His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
 530 535 540
 Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
 545 550 555 560
 Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
 565 570 575
 Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
 580 585 590
 Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
 595 600 605
 Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
 610 615 620
 Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
 625 630 635 640
 Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
 645 650 655
 Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
 660 665 670
 Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
 675 680 685
 Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
 690 695 700

10

20

30

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 84
<211> 738
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.15

<400> 84

10

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

20

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

30

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205
 Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
 210 215 220
 Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
 225 230 235 240
 Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255
 Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe
 355 360 365
 Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
 405 410 415
 Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430
 Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445

10

20

30

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
 450 455 460
 Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510
 Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525
 His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
 530 535 540
 Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
 545 550 555 560
 Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
 565 570 575
 Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
 580 585 590
 Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
 595 600 605
 Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
 610 615 620
 Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
 625 630 635 640
 Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
 645 650 655
 Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
 660 665 670
 Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
 675 680 685
 Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
 690 695 700

10

20

30

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 85
<211> 738
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.8

<400> 85

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

10

20

30

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190
 Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205
 Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
 210 215 220
 Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
 225 230 235 240
 Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255
 Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365
 Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
 405 410 415
 Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430

10

20

30

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445
 Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
 450 455 460
 Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510
 Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525
 His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
 530 535 540
 Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
 545 550 555 560
 Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
 565 570 575
 Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
 580 585 590
 Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
 595 600 605
 Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
 610 615 620
 Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
 625 630 635 640
 Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
 645 650 655
 Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
 660 665 670
 Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
 675 680 685

10

20

30

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 86
<211> 733
<212> PRT
<213> amino acid of AAV serotype, clone 42.13

10

<400> 86
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

20

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

30

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
 180 185 190
 Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
 195 200 205
 Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
 210 215 220
 His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
 225 230 235 240
 Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
 245 250 255
 Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
 260 265 270
 Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
 275 280 285
 Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe
 290 295 300
 Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
 305 310 315 320
 Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
 325 330 335
 Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu
 340 345 350
 Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe
 355 360 365
 Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
 370 375 380
 Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
 385 390 395 400
 Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
 405 410 415
 Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
 420 425 430

10

20

30

Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
 435 440 445
 Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
 450 455 460
 Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
 465 470 475 480
 Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser
 485 490 495
 Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
 500 505 510
 Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Gly Asp Glu
 515 520 525
 Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly
 530 535 540
 Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
 545 550 555 560
 Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
 565 570 575
 Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
 580 585 590
 Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
 595 600 605
 Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
 610 615 620
 Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
 625 630 635 640
 Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro
 645 650 655
 Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
 660 665 670
 Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
 675 680 685

10

20

30

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Ser Leu
725 730

<210> 87
<211> 733
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.3A

<400> 87
Met Ala Ala Asp Gly His Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190

10

20

30

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
 195 200 205
 Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
 210 215 220
 His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
 225 230 235 240
 Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
 245 250 255
 Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
 260 265 270
 Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
 275 280 285
 Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Ser Trp Gly Phe
 290 295 300
 Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
 305 310 315 320
 Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
 325 330 335
 Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu
 340 345 350
 Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe
 355 360 365
 Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
 370 375 380
 Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
 385 390 395 400
 Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
 405 410 415
 Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
 420 425 430
 Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
 435 440 445

10

20

30

Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
 450 455 460
 Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
 465 470 475 480
 Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser
 485 490 495
 Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
 500 505 510
 Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu
 515 520 525
 Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly
 530 535 540
 Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
 545 550 555 560
 Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
 565 570 575
 Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
 580 585 590
 Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
 595 600 605
 Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
 610 615 620
 Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
 625 630 635 640
 Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro
 645 650 655
 Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
 660 665 670
 Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
 675 680 685
 Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
 690 695 700

10

20

30

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 88
<211> 731
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.4

<400> 88
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

10

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

20

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

30

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
 195 200 205
 Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
 210 215 220
 His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
 225 230 235 240
 Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
 245 250 255
 Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
 260 265 270
 Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
 275 280 285
 Ser Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
 290 295 300
 Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
 305 310 315 320
 Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
 325 330 335
 Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Arg Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
 340 345 350
 Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
 355 360 365
 Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly
 370 375 380
 Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
 385 390 395 400
 Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe
 405 410 415
 His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
 420 425 430
 Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly
 435 440 445

10

20

30

Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn
 450 455 460
 Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
 465 470 475 480
 Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
 485 490 495
 Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
 500 505 510
 Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
 515 520 525
 Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
 530 535 540
 Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
 545 550 555 560
 Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
 565 570 575
 Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
 580 585 590
 Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
 595 600 605
 Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe
 610 615 620
 His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
 625 630 635 640
 Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr
 645 650 655
 Phe Ser Gln Ala Lys Pro Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
 660 665 670
 Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
 675 680 685
 Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr
 690 695 700

10

20

30

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 89
<211> 731
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.5A

<400> 89
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Arg Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

10

20

30

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
 210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
 225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
 245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
 260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
 275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Arg Gly Phe Arg Pro
 290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
 305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
 325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
 340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
 355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
 370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
 385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe
 405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
 420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly
 435 440 445

Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn
 450 455 460

10

20

30

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
 465 470 475 480
 Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Ser Asn Phe
 485 490 495
 Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
 500 505 510
 Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
 515 520 525
 Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
 530 535 540
 Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
 545 550 555 560
 Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
 565 570 575
 Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
 580 585 590
 Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Ala Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
 595 600 605
 Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe
 610 615 620
 His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
 625 630 635 640
 Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr
 645 650 655
 Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
 660 665 670
 Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
 675 680 685
 Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr
 690 695 700
 Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg
 705 710 715 720

10

20

30

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 90
<211> 733
<212> FRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.1B

<400> 90
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Arg Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
210 215 220

10

20

30

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
260 265 270

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
275 280 285

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe
290 295 300

Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320

Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
325 330 335

Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu
340 345 350

Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe
355 360 365

Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
370 375 380

Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
385 390 395 400

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
405 410 415

Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
420 425 430

Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
435 440 445

Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460

Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480

10

20

30

Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser
 485 490 495
 Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
 500 505 510
 Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Gly Asp Glu
 515 520 525
 Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly
 530 535 540
 Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
 545 550 555 560
 Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
 565 570 575
 Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
 580 585 590
 Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
 595 600 605
 Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
 610 615 620
 Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
 625 630 635 640
 Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro
 645 650 655
 Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
 660 665 670
 Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
 675 680 685
 Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
 690 695 700
 Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
 705 710 715 720
 Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
 725 730

10

20

30

```

<210> 91
<211> 738
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.5B

<400> 91
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1          5          10          15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20          25          30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35          40          45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50          55          60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65          70          75          80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85          90          95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115         120         125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130         135         140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145         150         155         160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165         170         175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180         185         190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195         200         205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210         215         220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225         230         235         240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245         250         255

```

10

20

30

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365
 Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
 405 410 415
 Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430
 Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445
 Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
 450 455 460
 Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510

10

20

30

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 92
<211> 738
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 43.1

10

20

30

<400> 92
 Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

 Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

 Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

 Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

 Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

 Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

 Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

 Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

 Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160

 Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175

 Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190

 Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205

 Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
 210 215 220

 Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
 225 230 235 240

 Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255

10

20

30

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365
 Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430
 Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445
 Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
 450 455 460
 Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510
 Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525

10

20

30

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 93

<211> 738

<212> PRT

<213> capsid protein of AAV serotype, clone 43.12

10

20

30

<400> 93

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

10

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

20

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
 210 215 220

30

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
 225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365
 Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430
 Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445
 Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
 450 455 460
 Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510

10

20

30

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
 515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
 530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
 545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
 565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
 580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
 595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
 610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
 625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val
 645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
 660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
 675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
 690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
 705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
 725 730 735

Asn Leu

<210> 94
 <211> 738
 <212> PRT
 <213> capsid protein of AAV serotype, clone 43.5

10

20

30

<400> 94
 Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

 Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

 Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

 Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

 Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

 Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

 Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

 Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

 Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160

 Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175
 |
 Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190

 Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205

 Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
 210 215 220

 Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
 225 230 235 240

 Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255

10

20

30

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365
 Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430
 Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445
 Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
 450 455 460
 Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
 485 490 495
 Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
 500 505 510

10

20

30

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 95

<211> 738

<212> PRT

<213> capsid protein of AAV serotype, clone AAV8

10

20

30

<400> 95

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

10

20

30

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255
 Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365
 Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430
 Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445
 Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
 450 455 460
 Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
 465 470 475 480
 Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
 485 490 495

10

20

30

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

10

20

30

```

<210> 96
<211> 736
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 43.21

<400> 96
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1          5          10          15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20          25          30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35          40          45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50          55          60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65          70          75          80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85          90          95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115         120         125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130         135         140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145         150         155         160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165         170         175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180         185         190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195         200         205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210         215         220

```

10

20

30

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
 225 230 235 240
 Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255
 Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
 260 265 270
 Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
 275 280 285
 Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
 290 295 300
 Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
 305 310 315 320
 Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
 325 330 335
 Asn Leu Thr Ser Thr Val Arg Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
 340 345 350
 Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
 355 360 365
 Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
 385 390 395 400
 Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
 405 410 415
 Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
 420 425 430
 Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
 435 440 445
 Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
 450 455 460
 Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
 465 470 475 480

10

20

30

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Ser
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

10

20

30

```

<210> 97
<211> 736
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 43.25

<400> 97
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1          5          10          15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20          25          30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35          40          45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50          55          60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65          70          75          80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85          90          95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115         120         125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130         135         140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145         150         155         160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165         170         175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180         185         190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195         200         205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210         215         220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225         230         235         240

```

10

20

30

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255
 Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
 260 265 270
 Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
 275 280 285
 Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
 290 295 300
 Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
 305 310 315 320
 Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
 325 330 335
 Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
 340 345 350
 Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
 355 360 365
 Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
 385 390 395 400
 Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
 405 410 415
 Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
 420 425 430
 Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
 435 440 445
 Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
 450 455 460
 Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
 465 470 475 480
 Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
 485 490 495

10

20

30

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
 500 505 510
 Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
 515 520 525
 Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
 530 535 540
 Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
 545 550 555 560
 Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
 565 570 575
 Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
 580 585 590
 Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
 595 600 605
 Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
 610 615 620
 Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
 625 630 635 640
 Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
 645 650 655
 Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
 660 665 670
 Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
 675 680 685
 Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
 690 695 700
 Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
 705 710 715 720
 Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
 725 730 735

10

20

30

<210> 98
 <211> 736
 <212> ERT
 <213> capsid protein of AAV serotype, clone 43.23

 <400> 98
 Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

 Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

 Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

 Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

 Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

 Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

 Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

 Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

 Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
 145 150 155 160

 Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
 165 170 175

 Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
 180 185 190

 Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
 195 200 205

 Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
 210 215 220

 Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
 225 230 235 240

10

20

30

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255
 Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
 260 265 270
 Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
 275 280 285
 Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
 290 295 300
 Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
 305 310 315 320
 Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
 325 330 335
 Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu
 340 345 350
 Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
 355 360 365
 Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
 385 390 395 400
 Pro Ser Gln Met Pro Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
 405 410 415
 Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
 420 425 430
 Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
 435 440 445
 Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
 450 455 460
 Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
 465 470 475 480
 Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
 485 490 495

10

20

30

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
 500 505 510
 Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
 515 520 525
 Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
 530 535 540
 Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
 545 550 555 560
 Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
 565 570 575
 Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
 580 585 590
 Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
 595 600 605
 Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
 610 615 620
 Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
 625 630 635 640
 Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
 645 650 655
 Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
 660 665 670
 Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
 675 680 685
 Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
 690 695 700
 Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
 705 710 715 720
 Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
 725 730 735

10

20

30

```

<210> 99
<211> 736
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 43.20

<400> 99
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1          5          10          15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20          25          30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35          40          45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50          55          60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65          70          75          80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85          90          95

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

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115         120         125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130         135         140

Leu Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145         150         155         160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165         170         175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180         185         190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195         200         205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210         215         220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225         230         235         240

```

10

20

30

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255
 Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
 260 265 270
 Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
 275 280 285
 Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
 290 295 300
 Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
 305 310 315 320
 Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
 325 330 335
 Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
 340 345 350
 Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
 355 360 365
 Ala Asp Val Phe Thr Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
 385 390 395 400
 Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
 405 410 415
 Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
 420 425 430
 Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
 435 440 445
 Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
 450 455 460
 Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
 465 470 475 480
 Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
 485 490 495

10

20

30

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 100

<211> 736

<212> PRT

<213> capsid protein of AAV serotype, clone AAV9

10

20

30

400> 100
 Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
 1 5 10 15

 Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
 20 25 30

 Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
 35 40 45

 Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
 50 55 60

 Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
 65 70 75 80

 Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
 85 90 95

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

 Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125

 Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140

 Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
 145 150 155 160

 Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
 165 170 175

 Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
 180 185 190

 Glu Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
 195 200 205

 Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
 210 215 220

 Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
 225 230 235 240

 Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
 245 250 255

10

20

30

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
 260 265 270
 Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
 275 280 285
 Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
 290 295 300
 Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
 305 310 315 320
 Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
 325 330 335
 Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
 340 345 350
 Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
 355 360 365
 Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
 385 390 395 400
 Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
 405 410 415
 Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
 420 425 430
 Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
 435 440 445
 Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
 450 455 460
 Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
 465 470 475 480
 Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
 485 490 495
 Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
 500 505 510

10

20

30

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 101
<211> 728
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 24.1

<400> 101
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Cys Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 102
<211> 728
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.2REAL

<400> 102
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

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

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 103
<211> 728
<212> FRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 7.2VP1

<400> 103
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Gly Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

10

20

30

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

10

20

30

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400

Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

10

20

30

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 104

<211> 728

<212> PRT

<213> capsid protein of AAV serotype, clone 27.3VP1

<400> 104

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

10

20

30

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

10

20

30

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
 290 295 300
 Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
 305 310 315 320
 Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
 325 330 335
 Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
 340 345 350
 Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
 355 360 365
 Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
 370 375 380
 Arg Ser Ser Phe Cys Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
 385 390 395 400
 Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
 405 410 415
 His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
 420 425 430
 Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
 435 440 445
 Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Val
 450 455 460
 Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
 465 470 475 480
 Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
 485 490 495
 Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
 500 505 510
 Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Leu
 515 520 525
 Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
 530 535 540

10

20

30

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Arg Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Glu Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 105

<211> 728

<212> PRT

<213> capsid protein of AAV serotype, clone 16.3VP1

<400> 105

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

10

20

30

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

10

20

30

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
 305 310 315 320
 Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
 325 330 335
 Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
 340 345 350
 Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
 355 360 365
 Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Met Gly
 370 375 380
 Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
 385 390 395 400
 Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
 405 410 415
 His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
 420 425 430
 Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
 435 440 445
 Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
 450 455 460
 Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
 465 470 475 480
 Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
 485 490 495
 Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
 500 505 510
 Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Gly Gln Phe Phe
 515 520 525
 Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
 530 535 540
 Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
 545 550 555 560

10

20

30

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Gly Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Leu Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 106

<211> 728

<212> PRT

<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.10

<400> 106

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

10

20

30

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

10

20

30

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
 305 310 315 320
 Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
 325 330 335
 Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
 340 345 350
 Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
 355 360 365
 Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
 370 375 380
 Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
 385 390 395 400
 Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
 405 410 415
 His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
 420 425 430
 Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
 435 440 445
 Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
 450 455 460
 Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
 465 470 475 480
 Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
 485 490 495
 Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
 500 505 510
 Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
 515 520 525
 Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
 530 535 540
 Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
 545 550 555 560

10

20

30

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 107
<211> 728
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.3B

<400> 107
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

10

20

30

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

10

20

30

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
 325 330 335
 Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
 340 345 350
 Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
 355 360 365
 Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
 370 375 380
 Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
 385 390 395 400
 Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
 405 410 415
 His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
 420 425 430
 Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
 435 440 445
 Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
 450 455 460
 Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
 465 470 475 480
 Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Thr Ser Asn Phe Ala Trp
 485 490 495
 Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
 500 505 510
 Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
 515 520 525
 Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
 530 535 540
 Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
 545 550 555 560
 Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
 565 570 575

10

20

30

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 108

<211> 728

<212> FRT

<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.11

<400> 108

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

10

20

30

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

10

20

30

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
 325 330 335
 Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
 340 345 350
 Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
 355 360 365
 Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
 370 375 380
 Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
 385 390 395 400
 Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
 405 410 415
 His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
 420 425 430
 Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
 435 440 445
 Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
 450 455 460
 Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Arg Gln
 465 470 475 480
 Arg Leu Ser Lys Asp Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
 485 490 495
 Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
 500 505 510
 Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
 515 520 525
 Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
 530 535 540
 Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
 545 550 555 560
 Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
 565 570 575

10

20

30

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 109
<211> 729
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone F1VP1

<400> 109

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

10

20

30

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

10

20

30

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
 340 345 350
 Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
 355 360 365
 Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
 370 375 380
 Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
 385 390 395 400
 Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
 405 410 415
 Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
 420 425 430
 Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
 435 440 445
 Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
 450 455 460
 Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
 465 470 475 480
 Gln Gly Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
 485 490 495
 Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
 500 505 510
 Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
 515 520 525
 Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
 530 535 540
 Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
 545 550 555 560
 Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
 565 570 575
 Leu Gln Pro Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
 580 585 590

10

20

30

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

10

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Pro Arg Asn Leu
725

20

<210> 110
<211> 729
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone F5VP1@3

<400> 110
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

30

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

10

20

30

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
 355 360 365
 Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
 370 375 380
 Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
 385 390 395 400
 Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
 405 410 415
 Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
 420 425 430
 Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
 435 440 445
 Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
 450 455 460
 Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
 465 470 475 480
 Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
 485 490 495
 Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
 500 505 510
 Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
 515 520 525
 Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
 530 535 540
 Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
 545 550 555 560
 Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
 565 570 575
 Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
 580 585 590
 Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
 595 600 605

10

20

30

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 111
<211> 729
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone F3VP1

<400> 111
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

10

20

30

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

10

20

30

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
 355 360 365
 Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asp Asn Gly Ser Gln Ser Val
 370 375 380
 Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
 385 390 395 400
 Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
 405 410 415
 Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
 420 425 430
 Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
 435 440 445
 Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
 450 455 460
 Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
 465 470 475 480
 Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
 485 490 495
 Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
 500 505 510
 Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
 515 520 525
 Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
 530 535 540
 Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
 545 550 555 560
 Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
 565 570 575
 Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
 580 585 590
 Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
 595 600 605

10

20

30

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 112
<211> 735
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.6B

<400> 112
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

10

20

30

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125
 Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140
 Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160
 Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175
 Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190
 Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205
 Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
 210 215 220
 Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
 225 230 235 240
 Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255
 Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asp Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365

10

20

30

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
 370 375 380
 Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
 420 425 430
 Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 435 440 445
 Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His
 450 455 460
 Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro
 465 470 475 480
 Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn
 485 490 495
 Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
 500 505 510
 Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys
 515 520 525
 Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly
 530 535 540
 Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr
 545 550 555 560
 Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr
 565 570 575
 Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr
 580 585 590
 Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
 595 600 605
 Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
 610 615 620

10

20

30

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Asp Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 113
<211> 685
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone 42.12

<400> 113
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

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

10

20

30

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
 115 120 125
 Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
 130 135 140
 Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
 145 150 155 160
 Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
 165 170 175
 Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
 180 185 190
 Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
 195 200 205
 Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
 210 215 220
 Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
 225 230 235 240
 Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
 245 250 255
 Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
 260 265 270
 Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
 275 280 285
 Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
 290 295 300
 Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
 305 310 315 320
 Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
 325 330 335
 Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
 340 345 350
 Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
 355 360 365

10

20

30

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Gly Leu Gln Phe His
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly
530 535 540

Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr
545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr
565 570 575

Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr
580 585 590

Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

10

20

30

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
645 650 655

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
660 665 670

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
675 680 685

<210> 114
<211> 724
<212> PRT
<213> capsid protein of AAV serotype, clone AAVSCAP

<400> 114
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

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

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

10

20

30

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
 180 185 190
 Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
 195 200 205
 Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
 210 215 220
 Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
 225 230 235 240
 Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
 245 250 255
 Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
 260 265 270
 Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
 275 280 285
 Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
 290 295 300
 Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
 305 310 315 320
 Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
 325 330 335
 Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
 340 345 350
 Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
 355 360 365
 Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
 370 375 380
 Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
 385 390 395 400
 Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
 405 410 415
 Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
 420 425 430

10

20

30

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
 435 440 445
 Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
 450 455 460
 Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
 465 470 475 480
 Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
 485 490 495
 Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
 500 505 510
 Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
 515 520 525
 Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
 530 535 540
 Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
 545 550 555 560
 Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
 565 570 575
 Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
 580 585 590
 Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
 595 600 605
 Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
 610 615 620
 Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
 625 630 635 640
 Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
 645 650 655
 Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
 660 665 670
 Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
 675 680 685

10

20

30

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 115
<211> 9
<212> DNA
<213> DraIII restriction enzyme site

10

<400> 115

caccacgtc

9

<210> 116
<211> 28
<212> DNA
<213> AV2cas

<400> 116

cgcagagacc aaagttcaac tgaaacga

28

<210> 117
<211> 255
<212> DNA
<213> adeno-associated virus serotype 10

20

<400> 117

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcat tccacatggc tgggagacag agtcattcacc 60

accagcaccg gaacctgggt cctgccacc tacaacaacc acattctaca gcaaatctcc 120

agcgagacag gagccaccaa cgacaaccac tacttcgggt acagcaccgc ctgggggtat 180

tttgacttta acagattcca ctgccacttt tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattc 255

<210> 118
<211> 258
<212> DNA
<213> adeno-associated virus serotype 11

30

<400> 118

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcat tccacatggc tgggagacag agtcattcacc 60

accagcaccg gaacctgggc cctgccacc tacaacaacc acattctaca acaaatctcc 120

agcgcttcaa cggggggccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 180

tatatttgact ttaacagatt ccaactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc 240
aacaacaact ggggattc 258

<210> 119
<211> 255
<212> DNA
<213> adeno-associated virus serotype 12

<400> 119
ggtaattcct ccggaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgaccg agtcattacc 60
accagcaccg ggacttgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc 120
agccaatcgg gtgccaccaa cgacaaccac tacttoggct acagcaccgc ttgggggtat 180
tttgatttca acagattcca ctgccatttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240
aacaactggg gattc 255

<210> 120
<211> 2205
<212> DNA
<213> adeno-associated virus serotype, clone A3.1vp1

<400> 120
atggctgccc atggttatct tccagattgg ctgcaggaca ctctctctga aggaatcaga 60
cagtgggtga agctcaaac tggcccacca ccgccgaaac ctaaccaaca acaccgggac 120
gacagtaggg gtcttgtgct tcttgggtac aagtacctcg gaccttcaa cggactcgac 180
aaaggagagc cggtaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
caccagctca agcaaggga caaccgtac ctcaaatata accacgcgga cgtgaattt 300
caggagcgtc ttcaagaaga tacgtcttctc gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga gggactctga gctcttgggt ctggttgagg aagctgttaa gacggctcct 420
ggaaaaaaga gacctataga gcagtctcct gcagaaccgg actcttctc gggcatcggc 480
aatcagggcc agcagccgc taagaaaaga ctcaattttg gtcagactyg cgacacagag 540
tcagtccag accctcaacc aatcgagaa cccccgcag cccctctgg tgtgggatct 600
aatacaatgg ctacaggcgg tggggacca atggcagaca ataacgaagg cggcgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggga cagagttatc 720
accaccagca caagaacctg ggcctcccc acctacaata atcactcta caagcaaatc 780
tccagcgaat cgggagccac caacgacaac cactacttcg gctacagcac cccctggggg 840
tatatttgact ttaacagatt ccaactgtcac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc 900
aacaacaact ggggatttag acccaagaaa ctcaatttca agctcttcaa catccaagtc 960
aaggaggtca cgcagaatga tggaaccacg accatcgcca ataactttac cagcacggtg 1020

10

20

30

cagggtcttca cagactctga gtaccagctg ccctacgtcc tcgggttcggc tcaccagggc 1080
 tgcccttcgc cgttcccagc agacgtcttc atgattcttc agtacggcta cttgactctg 1140
 aacaatggca gccaaagcgtt aggaagcttct tcattctact gtctagagta ttttccctct 1200
 cagatgtctga ggacgggaaa caacttcacc ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260
 cacagcagct acgcgcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct cattgaccag 1320
 tacctgtatt acctgagcaa aactcagggc acaagtggaa caacgcagca atcgagactg 1380
 cagttcagcc aagctgggac tagctccatg gctcagcagg ccaaaaactg gctaccggga 1440
 cccagctacc gacagcagcg aatgtctaag acggctaattg acaacaacaa cagtgaattt 1500
 gcttggaactg cagccaccaa atattacctg aatggaagaa attctctggt caatcccggt 1560
 ccccaaatgg ccagtcacaa ggacgatgag gaaaagtatt tcccatgca cggaaatctc 1620
 atcttttgaa aacaaggcac aggaactacc aatgtggaca ttgaatcagt gcttattaca 1680
 gacgaagaag aaatcagaac aactaatcct gtggctacag aacaatacgg acaggttgcc 1740
 accaaccatc agagtcagaa caccacagct tcctatggaa gtgtggacag ccagggaatc 1800
 ttacctggaa tgggtgtggca ggaccgcgat gtctatcttc aagggtccat ttgggcaaaa 1860
 actcctcaca cggacygaca ctttcacatcct tctccgctca tgggaggcct tggactgaaa 1920
 caccctctc cccagatcct gatcaaaaac acacctgtgc cagcgaaatc cgcgaccact 1980
 ttcactctg gaaagtttgc ttcgttcatt acccagtatt ccaccggaca ggtcagcgtg 2040
 gaaatagagt gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaaccaga aattcagtag 2100
 acctccaact acaacaagtc ggtgaatgtg gagtttaccg tggacgcaaa cgggtgttat 2160
 tctgaacccc gccctattgg cactcgttac cttaccggga acttg 2205

10

20

【図 1 A】

FIG. 1A

1 50
 42_2
 42_6
 42_15
 42_5b
 42_1b
 42_13
 42_3a
 42_4
 42_5a
 42_10
 42_3b
 42_11
 42_6b
 43_1
 43_5
 43_12
 43_20
 43_21
 43_23
 43_25
 44_1
 44_5
 223_10
 223_2
 223_4
 223_5
 223_6
 223_7
 A3_4
 A3_5
 A3_7
 A3_9
 42_12
 AAV1 TTGGCCACTC CCTCTCTGCG CGCTGCTCG CTGGTGGGG CCGGCGGACC
 AAV2 TTGGCCACTC CCTCTCTGCG CGCTGCTCG CTGACTGAGG CCGGCGGACC
 AAV3 TTGGCCACTC CCTCTATGCG CACTGCTCG CTGGTGGGG CCGGCGGACC
 AAV8
 AAV9
 AAV7 TTGGCCACTC CCTCTATGCG CGCTGCTCG CTGGTGGGG CCGGCGGACC
 44_2

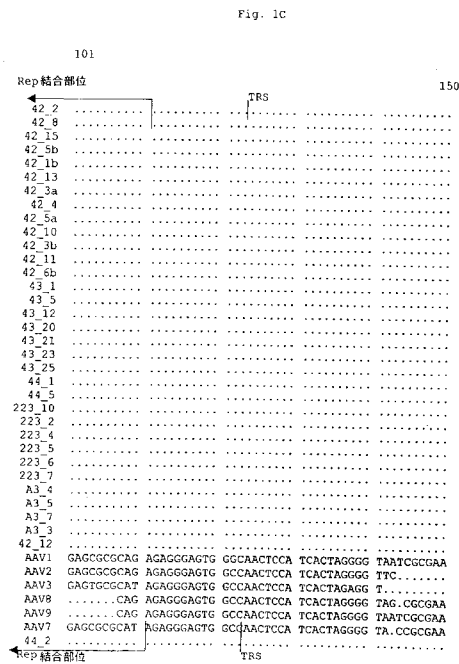
【図 1 B】

Fig. 1B

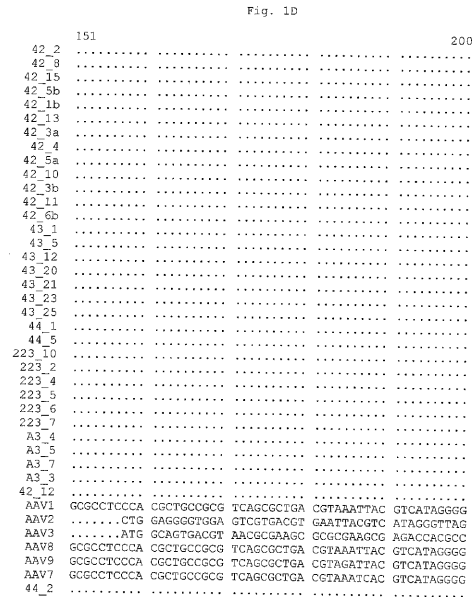
51 100
 42_2 Rep 結合部位
 42_6
 42_15
 42_5b
 42_1b
 42_13
 42_3a
 42_4
 42_5a
 42_10
 42_3b
 42_11
 42_6b
 43_1
 43_5
 43_12
 43_20
 43_21
 43_23
 43_25
 44_1
 44_5
 223_10
 223_2
 223_4
 223_5
 223_6
 223_7
 A3_4
 A3_5
 A3_7
 A3_9
 42_12
 AAV1 AAGGTCCGC AGACGGGAGA GCTCTGCTCT GCGGGGCCCA CCGAGCGAGC
 AAV2 AAGGTCCGC AGACGGGAGA GCTCTGCTCT GCGGGGCCCA CCGAGCGAGC
 AAV3 AAGGTCCGC AGACGGGAGA GCTCTGCTCT GCGGGGCCCA CCGAGCGAGC
 AAV8
 AAV9
 AAV7 AAGGTCCGC AGACGGGAGA GCTCTGCTCT GCGGGGCCCA CCGAGCGAGC
 44_2

Rep 結合部位

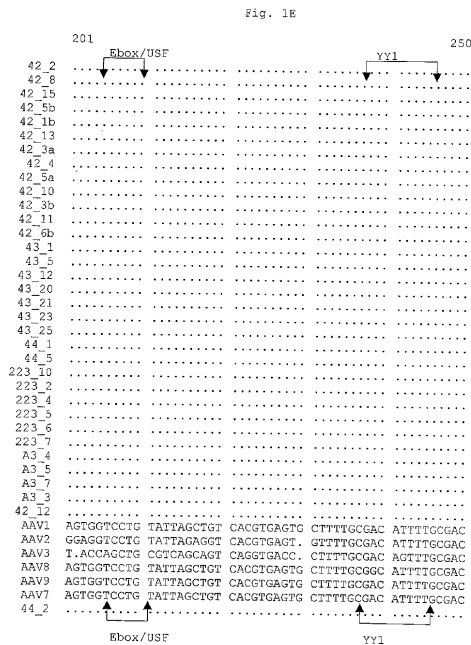
【図 1 C】



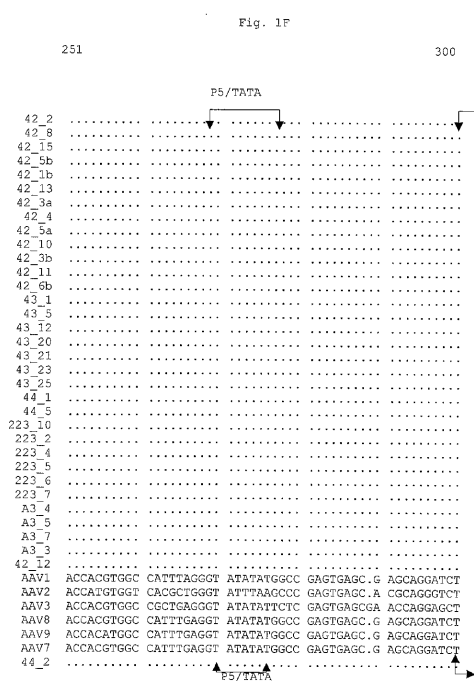
【図 1 D】



【図 1 E】

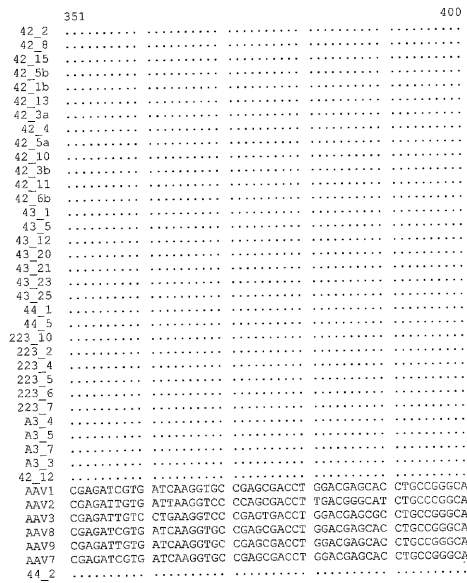
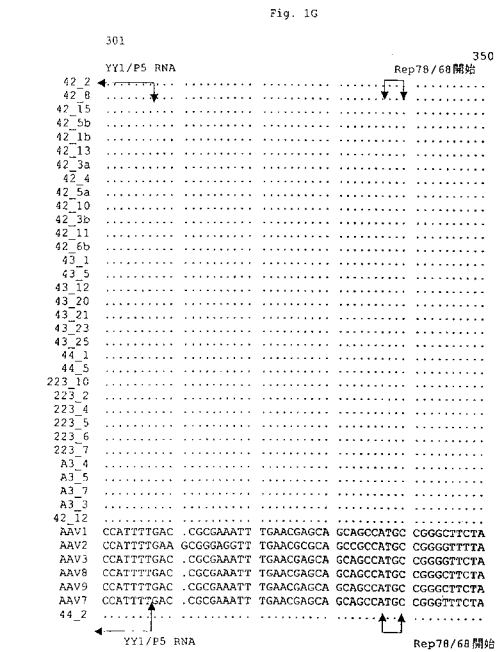


【図 1 F】



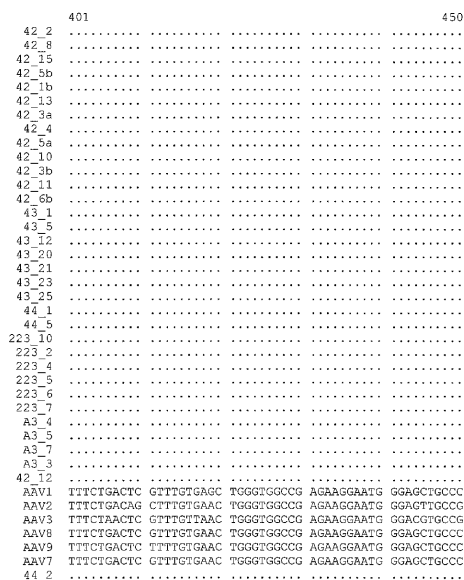
【図 1 H】

Fig. 1H



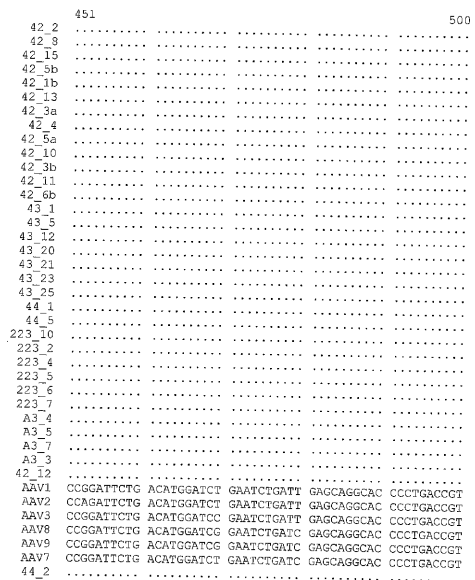
【図 1 I】

Fig. 11



【図 1 J】

Fig. 13



【図 1 K】

Fig. 1K

	501		550
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	GGCCGAGAG	CTGCAGCGG	ACTTCCTGGT
AAV2	GGCCGAGAG	CTGCAGCGG	AGATGGCG
AAV3	GGCCGAGAG	CTGCAGCGG	AGATGGCG
AAV8	GGCCGAGAG	CTGCAGCGG	AGATGGCG
AAV9	GGCCGAGAG	CTGCAGCGG	AGATGGCG
AAV7	GGCCGAGAG	CTGCAGCGG	AGATGGCG
44_2			

【図 1 L】

Fig. 1L

	551		600
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	AGGCCCGGA	GGCCCTTTC	TTTGTTCAGT
AAV2	AGGCCCGGA	GGCCCTTTC	TTTGTTCAGT
AAV3	AGGCCCGGA	GGCCCTTTC	TTTGTTCAGT
AAV8	AGGCCCGGA	GGCCCTTTC	TTTGTTCAGT
AAV9	AGGCCCGGA	GGCCCTTTC	TTTGTTCAGT
AAV7	AGGCCCGGA	GGCCCTTTC	TTTGTTCAGT
44_2			

【図 1 M】

Fig. 1M

	601		650
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	TTCCACCTCC	AGATTCCTGGT	GGAGACCACG
AAV2	TTCCACCTCC	AGATTCCTGGT	GGAGACCACG
AAV3	TTCCACCTCC	AGATTCCTGGT	GGAGACCACG
AAV8	TTCCACCTCC	AGATTCCTGGT	GGAGACCACG
AAV9	TTCCACCTCC	AGATTCCTGGT	GGAGACCACG
AAV7	TTCCACCTCC	AGATTCCTGGT	GGAGACCACG
44_2			

【図 1 N】

Fig. 1N

	651		700
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	GGGCCGCTTC	CTGAGTCAGA	TTAGGGACAA
AAV2	GGGCCGCTTC	CTGAGTCAGA	TTAGGGACAA
AAV3	GGGCCGCTTC	CTGAGTCAGA	TTAGGGACAA
AAV8	GGGCCGCTTC	CTGAGTCAGA	TTAGGGACAA
AAV9	GGGCCGCTTC	CTGAGTCAGA	TTAGGGACAA
AAV7	GGGCCGCTTC	CTGAGTCAGA	TTAGGGACAA
44_2			

【図 1 O】

Fig. 10

	701		750
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	C.GCGGGATC GAGCGC.ACC CTGCCCAACT GGTTCGCGGT GACCAA.GAC		
AAV2	CCGCGGGATC GAGCGC.ACT TTGCCCAACT GGTTCGCGGT CACAAA...G		
AAV3	CCGCGGGGTC GAGCGC.CAG CTTCCCAACT GGTTCGCGGT GACCAA...A		
AAV8	CCGCGGGGTC GAGCGCCACC TTGCCCAACT GGTTCGCGGT GACCAAAGAC		
AAV9	C.GCGGGATC GAGCGC.ACC CTGCCCAACT GGTTCGCGGT GACCAA.GAC		
AAV7	CTACCCGCGG GGTGAGGCC AGCTGCCCA ACTGGTTCGC GTGACCAAG		
44_2			

【図 1 P】

Fig. 1P

	751		800
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	GCG.TAATGG CGCCGGAGGG GGG.AACAA GTGGTGACG AGTGCTACAT		
AAV2	ACGAGAAATG GCGCGGAGG CGGGAACAAG GTGGTGATG AGTGCTACAT		
AAV3	ACGCGAAATG GCGCGGAGG CGGGAACAAG GTGGTGATG AGTGCTACAT		
AAV8	GCGGTAAATG CGCCGGGCGG GGGGAACAAG GTGGTGACG AGTGCTACAT		
AAV9	GCG.TAATGG CGCCGGGCGG GGG.AACAA GTGGTGACG AGTGCTACAT		
AAV7	ACGCGTAATG GCGCGGCGG GGGGAACAAG GTGGTGACG AGTGCTACAT		
44_2			

【図 1 Q】

Fig. 1Q

	801		850
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	CCCCAACTAC CTCTGCCCA AGACTCAGCC CGAGCTGCAG TGGGCGTGGA		
AAV2	CCCCAATTAC TTGCTCCCCA AATCCAGCC TGAGCTCCAG TGGGCGTGGA		
AAV3	CCCCAACTAC CTCTGCCCA AGACTCAGCC CGAGCTCCAG TGGGCGTGGA		
AAV8	CCCCAACTAC CTCTGCCCA AGACTCAGCC CGAGCTCCAG TGGGCGTGGA		
AAV9	CCCCAACTAC CTCTGCCCA AGACTCAGCC CGAGCTCCAG TGGGCGTGGA		
AAV7	CCCCAACTAC CTCTGCCCA AGACTCAGCC CGAGCTCCAG TGGGCGTGGA		
44_2			

【図 1 R】

Fig. 1R

	851		900
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	CTAACATGGA GGAGTATATA AGCGCTGTT TGAACCTGGC CGAGCGCAAA		
AAV2	CTAACATGGA GGAGTATATA AGCGCTGTT TGAACCTGGC CGAGCGCAAA		
AAV3	CTAACATGGA GGAGTATATA AGCGCTGTT TGAACCTGGC CGAGCGCAAA		
AAV8	CTAACATGGA GGAGTATATA AGCGCTGTT TGAACCTGGC CGAGCGCAAA		
AAV9	CTAACATGGA GGAGTATATA AGCGCTGTT TGAACCTGGC CGAGCGCAAA		
AAV7	CTAACATGGA GGAGTATATA AGCGCTGTT TGAACCTGGC CGAGCGCAAA		
44_2			

【図 1 S】

Fig. 1S

	901		950
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	CGGCTCGTGG	CGCAGCACCT	GACCCACGTC
AAV2	CGGCTCGTGG	CGCAGCACCT	GACCCACGTC
AAV3	CGGCTCGTGG	CGCAGCACCT	GACCCACGTC
AAV8	CGGCTCGTGG	CGCAGCACCT	GACCCACGTC
AAV9	CGGCTCGTGG	CGCAGCACCT	GACCCACGTC
AAV7	CGGCTCGTGG	CGCAGCACCT	GACCCACGTC
44_2			

【図 1 T】

Fig. 1T

	951		1000
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	CAAGGAGAA	CTGAACCCCA	ATTCTGACGC
AAV2	CAAGGAGAA	CTGAACCCCA	ATTCTGACGC
AAV3	CAAGGAGAA	CTGAACCCCA	ATTCTGACGC
AAV8	CAAGGAGAA	CTGAACCCCA	ATTCTGACGC
AAV9	CAAGGAGAA	CTGAACCCCA	ATTCTGACGC
AAV7	CAAGGAGAA	CTGAACCCCA	ATTCTGACGC
44_2			

【図 1 U】

Fig. 1U

	1051		1050
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	CCTCCGCGG	CTACATGGG	CTGGTCGGGT
AAV2	CCTCCGCGG	CTACATGGG	CTGGTCGGGT
AAV3	CCTCCGCGG	CTACATGGG	CTGGTCGGGT
AAV8	CCTCCGCGG	CTACATGGG	CTGGTCGGGT
AAV9	CCTCCGCGG	CTACATGGG	CTGGTCGGGT
AAV7	CCTCCGCGG	CTACATGGG	CTGGTCGGGT
44_2			

【図 1 V】

Fig. 1V

	1051		1100
42_2			
42_8			
42_15			
42_5b			
42_1b			
42_13			
42_3a			
42_4			
42_5a			
42_10			
42_3b			
42_11			
42_6b			
43_1			
43_5			
43_12			
43_20			
43_21			
43_23			
43_25			
44_1			
44_5			
223_10			
223_2			
223_4			
223_5			
223_6			
223_7			
A3_4			
A3_5			
A3_7			
A3_3			
42_12			
AAV1	ACCTCCGAG	AGCAGTGGAT	CCAGGAGGAC
AAV2	ACCTCCGAG	AGCAGTGGAT	CCAGGAGGAC
AAV3	ACCTCCGAG	AGCAGTGGAT	CCAGGAGGAC
AAV8	ACCTCCGAG	AGCAGTGGAT	CCAGGAGGAC
AAV9	ACCTCCGAG	AGCAGTGGAT	CCAGGAGGAC
AAV7	ACCTCCGAG	AGCAGTGGAT	CCAGGAGGAC
44_2			

【図 1 W】

Fig. 1W

1101	1150
42_2	
42_8	
42_15	
42_5b	
42_1b	
42_13	
42_3a	
42_4	
42_5a	
42_10	
42_3b	
42_11	
42_6b	
43_1	
43_5	
43_12	
43_20	
43_21	
43_23	
43_25	
44_1	
44_5	
223_10	
223_2	
223_4	
223_5	
223_6	
223_7	
A3_4	
A3_5	
A3_7	
A3_3	
42_12	
AAV1	CAACGCCGCT TCCAACTCGC GGTCCCAAGT CAAGGCCGCT CTGGACAATG
AAV2	CAATGCGGGC TCCAACTCGC GGTCCCAAT CAAGGCTGCG TTGGACAATG
AAV3	CAACGCCGGC TCCAACTCGC GGTCCCAAGT CAAGGCCGGG CTGGACAATG
AAV8	CAACGCCGCG TCCAACTCGC GGTCCCAAGT CAAGGCCGCG CTGGACAATG
AAV9	CAACGCCGGC TCCAACTCGC GGTCCCAAGT CAAGGCCGCG CTGGACAATG
AAV7	CAACGCCGCG TCCAACTCGC GGTCCCAAGT CAAGGCCGCG CTGGACAATG
44_2	

【図 1 X】

Fig. 1X

1151	1200
42_2	
42_8	
42_15	
42_5b	
42_1b	
42_13	
42_3a	
42_4	
42_5a	
42_10	
42_3b	
42_11	
42_6b	
43_1	
43_5	
43_12	
43_20	
43_21	
43_23	
43_25	
44_1	
44_5	
223_10	
223_2	
223_4	
223_5	
223_6	
223_7	
A3_4	
A3_5	
A3_7	
A3_3	
42_12	
AAV1	CGGGCAAGAT CATGGCGCTG ACCAAATCCG GCGCCGACTA CTTGGTAGGC
AAV2	CGGGCAAGAT TATGAGCCTG ACTAAACCG CCGCCGACTA CTTGGTAGGC
AAV3	CCTCCAAAGT CATGAGCCTG ACCAAGACCG CTCGCGACTA CTTGGTAGGC
AAV8	CGGGCAAGAT CATGGCGCTG ACCAAATCCG GCGCCGACTA CTTGGTAGGC
AAV9	CGGGCAAGAT CATGGCGCTG ACCAAATCCG GCGCCGACTA CTTGGTAGGC
AAV7	CGGGCAAGAT CATGGCGCTG ACCAAATCCG GCGCCGACTA CTTGGTAGGC
44_2	

【図 1 Y】

Fig. 1Y

1201	1250
42_2	
42_8	
42_15	
42_5b	
42_1b	
42_13	
42_3a	
42_4	
42_5a	
42_10	
42_3b	
42_11	
42_6b	
43_1	GA ATTGCCCCIT TGTACGGCTG
43_5	
43_12	
43_20	
43_21	
43_23	
43_25	
44_1	
44_5	
223_10	
223_2	
223_4	
223_5	
223_6	
223_7	
A3_4	
A3_5	
A3_7	
A3_3	
42_12	
AAV1	CCCGCTCCCG CGCGGACAT TAAACCAAC CGCATCTACC GCATCCTGGA
AAV2	CAGCAACCGG TGGAGGACAT TTCCAGCAAT CGCATCTATA AATCTTTGGA
AAV3	AGCAACCGCG TGGAGGACAT TACCAAGAAAT CGCATCTACC AATCTTTGGA
AAV8	CCCTCCCTGC CGCGGACAT TACCAAGAAAT CGCATCTACC GCATCCTGGA
AAV9	CCITCACTGC CGGTGGACAT TACGAGAAC CGCATCTACC GCATCCTGGA
AAV7	CCCTCCCTGC CGCGGACAT TAAACCAAC CGCATCTACC GCATCCTGGA
44_2	

【図 1 Z】

Fig. 1Z

1251	1300
42_2	
42_8	
42_15	
42_5b	
42_1b	
42_13	
42_3a	
42_4	
42_5a	
42_10	
42_3b	
42_11	
42_6b	CGTCACTGG ACCAATGAGA ACTTTCCCTT CAACGATTGC GTGGACAGA
43_1	
43_5	
43_12	
43_20	
43_21	
43_23	
43_25	
44_1	
44_5	
223_10	
223_2	
223_4	
223_5	
223_6	
223_7	
A3_4	
A3_5	
A3_7	
A3_3	
42_12	
AAV1	GCTCAACGCG TACGAACCTG CCTACGCCGG CTCGCTCTTT CTCGGCTGGG
AAV2	ACTCAACGCG TACGATCCC AATATGCGCG TTCCGTCTTT CTCGGATGGG
AAV3	GCTCAACGCG TACGATCCC ACTACGCCGG CTCGCTCTTT CTCGGCTGGG
AAV8	TCTCAACGCG TACGAACCTG CCTACGCCGG CTCGCTCTTT CTCGGCTGGG
AAV9	GCTCAACGCG TACGAACCTG CCTACGCCGG CTCGCTCTTT CTCGGCTGGG
AAV7	GCTCAACGCG TACGATCTG CCTACGCCGG CTCGCTCTTT CTCGGCTGGG
44_2	

【図 1 A A】

Fig. 1AA

	1301				1350
42_2					
42_8					
42_15					
42_5b					
42_1b					
42_13					
42_3a					
42_4					
42_5a					
42_10					
42_3b					
42_11					
42_6b	TGTTGATCTG GTGGGAGGAG GGCAGATGA CGGCCAAGGT COTGGAGTCC				
43_1					
43_5					
43_12					
43_20					
43_21					
43_23					
43_25					
44_1					
44_5					
223_10					
223_2					
223_4					
223_5					
223_6					
223_7					
A3_4					
A3_5					
A3_7					
A3_3					
42_12					
AAV1	CCACGAAAG GTTCGGGAG GGCAGACCA TCTGGCTGTT TGGGCGGGCC				
AAV2	CCACGAAAG GTTCGGGAG AGGACACCA TCTGGCTGTT TGGGCGGGCC				
AAV3	CGCAAGAGAA GTTCGGGAG AGGACACCA TCTGGCTGTT TGGGCGGGCC				
AAV8	CTACGAGAAA GTTCGGGAG GGCAGACCA TCTGGCTGTT TGGGCGGGCC				
AAV9	CACAAAGAGA GTTCGGGAG GGCAGACCA TCTGGCTGTT TGGGCGGGCC				
AAV7	CCACGAAAG GTTCGGGAG GGCAGACCA TCTGGCTGTT TGGGCGGGCC				
44_2					

【図 1 A B】

Fig. 1AB

	1351				1400
42_2					GAA TTGCGCCCTT
42_8					GAA TTGCGCCCTT
42_15					GAA TTGCGCCCTT
42_5b					GAA TTGCGCCCTT
42_1b					GAA TTGCGCCCTT
42_13					GAA TTGCGCCCTT
42_3a					GAA TTGCGCCCTT
42_4					GA ATTGCGCCCTT
42_5a					
42_10					GA ATTGCGCCCTT
42_3b					
42_11					GAA TTGCGCCCTT
42_6b	GCCAAAGCCA TTCTGGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC AAAAGTGCAG				
43_1					GAA TTGCGCCCTT
43_5					GAA TTGCGCCCTT
43_12					GAA TTGCGCCCTT
43_20					GAA TTGCGCCCTT
43_21					GAA TTGCGCCCTT
43_23					GAA TTGCGCCCTT
43_25					GAA TTGCGCCCTT
44_1					GAA TTGCGCCCTT
44_5					GAA TTGCGCCCTT
223_10					GAA TTGCGCCCTT
223_2					
223_4					
223_5					
223_6					
223_7					
A3_4					GA ATTGCGCCCTT
A3_5					GA ATTGCGCCCTT
A3_7					A GCGGCGCGCA ATTGCGCCCTT
A3_3					GA ATTGCGCCCTT
42_12					GAA TTGCGCCCTT
AAV1	ACCACGGGCA AGACCAACAT CGCGGAGGCC ATGCGCCACG CCGTGGCCCTT				
AAV2	ACTACCGGGA AGACCAACAT CGCGGAGGCC ATGCGCCACG CCGTGGCCCTT				
AAV3	ACGACGGGTA AAACCAACAT CGCGGAGGCC ATGCGCCACG CCGTGGCCCTT				
AAV8	ACGACGGGCA AGACCAACAT TCGGGAAGCC ATGCGCCACG CCGTGGCCCTT				
AAV9	ACCACGGGGA AGACCAACAT CGCGGAGGCC ATGCGCCACG CCGTGGCCCTT				
AAV7	ACCACGGGCA AGACCAACAT TCGGGAAGCC ATGCGCCACG CCGTGGCCCTT				
44_2					GA ATTGCGCCCTT

【図 1 A C】

Fig. 1AC

	1401				1450
42_2					
42_8					
42_15					
42_5b					
42_1b					
42_13					
42_3a					
42_4					
42_5a					
42_10					
42_3b					
42_11					
42_6b	GTCTTCGGC CACAGATGAT CCCACGCCCG TGATGGTCAC TTCCAACACC				
43_1					
43_5					
43_12					
43_20					
43_21					
43_23					
43_25					
44_1					
44_5					
223_10					
223_2					
223_4					
223_5					
223_6					
223_7					
A3_4					
A3_5					
A3_7					
A3_3					
42_12					
AAV1	CTACGGCTG GTCAACTGG ACCAATGAGA ACTTTCCCTT CAACGATTGC				
AAV2	CTACGGCTG GTCAACTGG ACCAATGAGA ACTTTCCCTT CAACGATTGC				
AAV3	CTACGGCTG GTCAACTGG ACCAATGAGA ACTTTCCCTT CAACGATTGC				
AAV8	CTACGGCTG GTCAACTGG ACCAATGAGA ACTTTCCCTT CAACGATTGC				
AAV9	CTACGGCTG GTCAACTGG ACCAATGAGA ACTTTCCCTT CAACGATTGC				
AAV7	CTACGGCTG GTCAACTGG ACCAATGAGA ACTTTCCCTT CAACGATTGC				
44_2					

【図 1 A D】

Fig. 1AD

	1451				1500
42_2					
42_8					
42_15					
42_5b					
42_1b					
42_13					
42_3a					
42_4					
42_5a					
42_10					
42_3b					
42_11					
42_6b	ATCATGTGCG CCGTGAATGA CGGGAAGAG ACCACCTTCG AGCACCAAGCA				
43_1					
43_5					
43_12					
43_20					
43_21					
43_23					
43_25					
44_1					
44_5					
223_10					
223_2					
223_4					
223_5					
223_6					
223_7					
A3_4					
A3_5					
A3_7					
A3_3					
42_12					
AAV1	GTGACAAGA TGGTGATCTG GTGGGAGGAG GGCAAGATGA CGGCCAAGGT				
AAV2	GTGACAAGA TGGTGATCTG GTGGGAGGAG GGCAAGATGA CGGCCAAGGT				
AAV3	GTGACAAGA TGGTGATCTG GTGGGAGGAG GGCAAGATGA CGGCCAAGGT				
AAV8	GTGACAAGA TGGTGATCTG GTGGGAGGAG GGCAAGATGA CGGCCAAGGT				
AAV9	GTGACAAGA TGGTGATCTG GTGGGAGGAG GGCAAGATGA CGGCCAAGGT				
AAV7	GTGACAAGA TGGTGATCTG GTGGGAGGAG GGCAAGATGA CGGCCAAGGT				
44_2					

【図 1 A E】

Fig. 1A E

1501 1550

42_2 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

42_8 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

42_15 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

42_5b CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

42_1b

42_13 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

42_3a CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

42_4

42_5a CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

42_10

42_3b

42_11 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

42_6b GCGGTTGCAG GACCGAGTGT TCAAAATTGA ACTOACCCGC COICTGGAGC

43_1 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

43_5 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

43_12 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

43_20 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

43_21 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

43_23 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

43_25 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

44_1 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

44_5 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

223_10

223_2

223_4

223_5

223_6

223_7

A3_4 CGTGGAAATCT GCCAAGGCCA TTCTGCGTGG AAGCAAGGTT CGTGTGGACC

A3_5 CGTGGAAATCT GCCAAGGCCA TTCTGCGTGG AAGCAAGGTT CGTGTGGACC

A3_7 CGTGGAAATCT GCCAAGGCCA TTCTGCGTGG AAGCAAGGTT CGTGTGGACC

A3_3 CGTGGAAATCT GCCAAGGCCA TTCTGCGTGG AAGCAAGGTT CGTGTGGACC

42_12 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

AAV1 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

AAV2 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

AAV3 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

AAV8 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

AAV9 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

AAV7 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

44_2 CGTGGAGTCC GCCAAGGCCA TTCTCGGCGG CAGCAAGGTG CGCGTGGACC

【図 1 A F】

Fig. 1A F

1551 1600

42_2 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_8 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_15 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_5b AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_1b

42_13 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_3a AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_4

42_5a AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_10

42_3b

42_11 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_6b ATGACTTTGG CAAGGTGACA AAGCAGGAAG TCAAGAGTTT GATCGTCACT

43_1 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

43_5 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

43_12 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

43_20 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

43_21 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

43_23 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

43_25 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

44_1 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

44_5 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

223_10

223_2

223_4

223_5

223_6

223_7

A3_4 AGAAATGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

A3_5 AGAAATGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

A3_7 AGAAATGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

A3_3 AGAAATGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

42_12 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

AAV1 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

AAV2 AGAAATGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

AAV3 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

AAV8 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

AAV9 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

AAV7 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

44_2 AAAAGTGCAA GTCTTCGCGC CAGATCGATC CCACCCCGCT GATCGTCACT

【図 1 A G】

Fig. 1A G

1601 1650

42_2 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

42_8 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

42_15 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

42_5b TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

42_1b

42_13 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

42_3a TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

42_4

42_5a TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

42_10

42_3b

42_11 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

42_6b GCGCGGATC ACCTGAGGCC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

43_1 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

43_5 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

43_12 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

43_20 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

43_21 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

43_23 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

43_25 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

44_1 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

44_5 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

223_10

223_2

223_4

223_5

223_6

223_7

A3_4 TCTAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAACTCGA CCACCTTCGA

A3_5 TCTAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAACTCGA CCACCTTCGA

A3_7 TCTAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAACTCGA CCACCTTCGA

A3_3 TCTAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAACTCGA CCACCTTCGA

42_12 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

AAV1 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

AAV2 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAACTCAA CCACCTTCGA

AAV3 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

AAV8 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

AAV9 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

AAV7 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

44_2 TCCAAACACCA ACATGTGCGC GTGATTGAC GGGAAACAGCA CCACCTTCGA

【図 1 A H】

Fig. 1A H

1651 1700

42_2 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_8 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_15 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_5b GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_1b

42_13 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_3a GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_4

42_5a GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_10

42_3b

42_11 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_6b TGGAGCTAAG AAGGACCCG CCGCGATGTA GCGGATGATA AGCGACGCCA

43_1 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

43_5 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

43_12 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

43_20 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

43_21 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

43_23 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

43_25 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

44_1 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

44_5 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

223_10

223_2

223_4

223_5

223_6

223_7

A3_4 GCGCCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

A3_5 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

A3_7 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

A3_3 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

42_12 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

AAV1 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

AAV2 ACACCCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

AAV3 GCACACAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

AAV8 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

AAV9 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

AAV7 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

44_2 GCACCAGCAG CGGTTACAAG ACCGGATGTT CAAATTGGAA CTCACCCGCC

【図 1 A I】

Fig. 1A1

42_2	1701	GTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	1750
42_8		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
42_15		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
42_1b		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
42_13							
42_1b							
42_3a		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC		ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
42_4					ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
42_5a		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGCGACACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
42_10							
42_3b							
42_3b		ACGCGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
42_3b				CGCGATCATC	CGACCTCAGA	CGCGGAGGAA	
42_6b							
43_1		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
43_5		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
43_12		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
43_20		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
43_21		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
43_21		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
43_21		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
44_1		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
44_5		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
223_10		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
223_2							
223_4							
223_5							
223_6							
223_7							
A3_4		GTTTGGATCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
A3_5		GTTTGGATCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
A3_7		GTTTGGATCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
A3_8		GTTTGGATCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
A3_8		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
AV1		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
AV2		GCTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
AV3		GTCTGGAGCA	TGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
AV8		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
AV9		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
AV7		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	
44_2		GCTCTGGAGCA	CGACTTTGGC	AAGGTGCACAA	ACGCAGGAAGT	CAAGAAGTTC	

【図 1 A J】

Fig. 1AJ

	1751				1809
42.2	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
42.8	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
42.15	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
42.5b	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
42.13					
42.13	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
42.3a	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
42.4					
42.5a	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
42.10					
42.3b					
42.3b	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
42.6b	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
43.1	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
43.5	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
43.12	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
43.20	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
43.21	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
43.21	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
43.25	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
44.1	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
44.5	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
223.10					
223.2					
223.4					
223.5					
223.7					
A3.4	TTCCGCTGGG	CTCAAGATCA	CGTGACCATG	GTGGGCATG	AGTTCTACGT
A3.5	TTCCGCTGGG	CTCAAGATCA	CGTGACCATG	GTGGGCATG	AGTTCTACGT
A3.7	TTCCGCTGGG	CTCAAGATCA	CGTGACCATG	GTGGGCATG	AGTTCTACGT
A3.3	TTCCGCTGGG	CTCAAGATCA	CGTGACCATG	GTGGGCATG	AGTTCTACGT
AV2	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
AV3	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
AV4	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
AV9	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
AV7	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT
AV8	TTCCGCTGGG	CGCAGGATCA	CGTGACCGAG	GTGGCGCATG	AGTTCTACGT

【図 1 A K】

Fig. 1AK

[illegible]

【図 1 A L】

Fig. 1AL

	1851		M40 RNA	1900	
42 2	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 3	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 15	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 34	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 35	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 13	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 38	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 4	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 5a	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 10	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 11	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 6b	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
43 1	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
43 5	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
43 12	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
43 21	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
43 23	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
43 25	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
44 1	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
44 5	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
223 10	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
223 2	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
223 4	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
223 6	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
223 7	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
A3 4	ATGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	GGGTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
A3 5	ATGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	GGGTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
A3 7	ATGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	GGGTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
A3 3	ATGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	GGGTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
42 12	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
AV1	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
AV2	GTGAGCCCAA	AGGGGTCGCG	GGGTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
AV3	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
AV8	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
AV9	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
AV7	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC
44 2	GGGAGCCCAA	GGGGGCGTGC	CCCTCAGTGC	GGGATCCATC	GAGCTCAGAC

【図 1 A Q】

Fig. 1A Q

	2101	2150
42_2	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_8	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_15	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_5b	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_1b	.AAGGTCCTGT GAGTCGCGCA AG....GCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_13	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_3a	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_4	.AAGGTCCTGT GAGTCGCGCA AG....GCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_5a	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_10	AA....GGTC GTGAGTCCG CCAAG.GCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_3b	AA....GGTC GTGAGTCCG CCAAG.GCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_11	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
42_6b	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
43_1	GAAAAAAGAC GTATCAGAAA CTGTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
43_5	GAAAAAAGAC GTATCAGAAA CTGTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
43_12	GAAAAAAGAC GTATCAGAAA CTGTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
43_20	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
43_21	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
43_23	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
43_25	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
44_1	GAAAAAAGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
44_5	GAAAAAAGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
223_10		
223_2		
223_4		
223_5		
223_6		
223_7		
A3_4	GAAAAAGC...TATCAGAAA CTTTGTACCA TTCAATCATAT CATGGGA.AA	
A3_5	GAAAAAGC...TATCAGAAA CTTTGTACCA TTCAATCATAT CATGGGA.AA	
A3_7	GAAAAAGC...TATCAGAAA CTTTGTACCA TTCAATCATAT CATGGGA.AA	
A3_3	GAAAAAGC...TATCAGAAA CTTTGTACCA TTCAATCATAT CATGGGA.AA	
42_12	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
AAV1	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
AAV2	.AAAGGCG...TATCAGAAA CTGTGTGCCA TTCAATCATAT CATGGGA.AA	
AAV3	.AAAGGAGC...TATCAGAAA CTGTGTGCCA TTCAATCATAT CATGGGA.AA	
AAV8	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
AAV9	GAAAGAGGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
AAV7	GAAAAAAGAC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	
44_2	GAAAAAAGC GTATCGGAAA CTCTGTGCCA TTCAATCATCT GCTGGGGG.CG	

【図 1 A R】

Fig. 1A R

	2151	2200
42_2	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_8	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_15	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_5b	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_1b	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_13	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_3a	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_4	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_5a	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_10	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_3b	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_11	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
42_6b	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
43_1	GGACCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
43_5	GGACCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
43_12	GGACCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
43_20	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
43_21	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
43_23	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
43_25	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
44_1	GGACCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
44_5	GGACCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
223_10		
223_2		
223_4		
223_5		
223_6		
223_7		
A3_4	AGAACCCAGC...GGCTGCA CTGCTCGCA CTTGGTAAAT GTGGACTTGG	
A3_5	AGAACCCAGC...GGCTGCA CTGCTCGCA CTTGGTAAAT GTGGACTTGG	
A3_7	AGAACCCAGC...GGCTGCA CTGCTCGCA CTTGGTAAAT GTGGACTTGG	
A3_3	AGAACCCAGC...GGCTGCA CTGCTCGCA CTTGGTAAAT GTGGACTTGG	
42_12	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
AAV1	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
AAV2	GGTCCAGAG...GCTTGCA CTGCTCGCA TCTGGTCAAT GTGGATTGG	
AAV3	GGACCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAT GTGGACTTGG	
AAV8	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
AAV9	GGCTCCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	
AAV7	GGACCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA CTTGGTCAAC GTGGACCTGG	
44_2	GGACCCGAG ATTGCTTGCT CGGCTCGCA TCTGGTCAAC GTGGACCTGG	

【図 1 A S】

Fig. 1A S

	2201	2250
	Rep 78 終止	vp1 開始
42_2	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_8	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_15	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_5b	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_1b	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_13	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_3a	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_4	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_5a	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_10	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_3b	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_11	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
42_6b	ATGACCTGTG TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
43_1	ACGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
43_5	ACGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
43_12	ACGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
43_20	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
43_21	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
43_23	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
43_25	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
44_1	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
44_5	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
223_10		
223_2		
223_4		
223_5		
223_6		
223_7		
A3_4	ATGACTGTAT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAATCAGGTA TGCTGCTGA	
A3_5	ATGACTGTAT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAATCAGGTA TGCTGCTGA	
A3_7	ATGACTGTAT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAATCAGGTA TGCTGCTGA	
A3_3	ATGACTGTAT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAATCAGGTA TGCTGCTGA	
42_12	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
AAV1	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
AAV2	ATGACTGTAT CTTTGAACAA TAAATGACTT AAATCAGGTA TGCTGCGCA	
AAV3	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCTGA	
AAV8	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
AAV9	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
AAV7	ACGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
44_2	ATGACTGTGT TTCTGAGCAA TAAATGACTT AAACAGGTA TGCTGCGCA	
	Rep 78 終止	vp1 開始

【図 1 A T】

Fig. 1A T

	2251	2300
	Rep 68 終止	
42_2	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_8	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_15	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_5b	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_1b	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_13	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_3a	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_4	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_5a	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_10	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_3b	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_11	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
42_6b	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
43_1	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
43_5	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
43_12	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
43_20	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
43_21	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
43_23	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
43_25	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
44_1	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
44_5	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
223_10		
223_2		
223_4		
223_5		
223_6		
223_7		
A3_4	CGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA TCTCTCTGAA GGAATCAGAC	
A3_5	CGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA TCTCTCTGAA GGAATCAGAC	
A3_7	CGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA TCTCTCTGAA GGAATCAGAC	
A3_3	CGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA TCTCTCTGAA GGAATCAGAC	
42_12	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
AAV1	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
AAV2	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA TCTCTCTGAA GGAATCAGAC	
AAV3	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
AAV8	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
AAV9	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
AAV7	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA TCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
44_2	TGGTATCTTT CCAGATTGGC TCGAGGACAA CCTCTCTGAG GGCATTCCGG	
	Rep 68 終止	

【図 1 A A A M】

Fig. 1A A A M

4501 4550

42_2 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_8 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_15 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_5b CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTCGTTA AACCTGCAGG

42_1b CAGTTGAAC T TGGTCTC... AAAGGGCG AATTC.....

42_13 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_3a CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_4 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_5a CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_10 CAGTTGAAC T TGGTCTC... AAAGGGCG AATTC.....

42_3b CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_11 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

42_6b CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

43_1

43_5 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTCGTTA AACCTGCAGG

43_12 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

43_20 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

43_21 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

43_23 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

43_25 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

44_1 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

44_5 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

223_10

223_2

223_4

223_5

223_6

223_7

A3_4 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTCG.GG CCGCTA....

A3_5 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

A3_7 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

A3_3 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTCG.TT AACCT....

42_12 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

AAV1 CAGTTGAAC T TGGTCTCCT GTCTTCTTA TCTATCGGT PACATGGTT

AAV2 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGTATTTCT .TCTT.AT CTAGTTCCA

AAV3 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GTCCATCTCT TTAICTTTAT CTTGTTCCA

AAV8 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCG.....

AAV9 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCG.....

AAV7 CAGTTGAAC T TGGTCTCCT GTCTTCTTA TCTATCGGT TTCCATAGCA

44_2 CAGTTGAAC T TGGTCTC.T GCGAAGGGCG AATTC.....

【図 1 A A A N】

Fig. 1A A A N

4551 4600

42_2

42_8

42_15

42_5b ACTAGTCCCT TTGCTGAGGC TTAACTCTGA G.....

42_1b

42_13

42_3a

42_4

42_5a

42_10

42_3b

42_11

42_6b

43_1

43_5 AC..... ..

43_12

43_20

43_21

43_23

43_25

44_1

44_5

223_10

223_2

223_4

223_5

223_6

223_7

A3_4

A3_5

A3_7

A3_3

42_12 AATCTCTTCA CATTAACGCT TTGGTGGCG T.....

AAV1 TGGCTAC... GTAGATAAGT AGC.....

AAV2 TGGCTACTGC GTAGATAAGC AGCGGCTGCG GGCGCTTGGC CTTGCGGGTT

AAV3 TGGCTACTGC GTAGATAAGC AGCGGCTGCG GGCGCTTGGC CTTGCGGGTT

AAV8

AAV9

AAV7 ACTGGTTACA CATTAACGCT TTGGTGGCG TTCAAGATAA GAACACTGAC

44_2

【図 1 A A A O】

Fig. 1A A A O

4601 4650

42_2

42_8

42_15

42_5b CTTGGC GTAAATCATGG GTCATAG...

42_1b

42_13

42_3a

42_4

42_5a

42_10

42_3b

42_11

42_6b

43_1

43_5

43_12

43_20

43_21

43_23

43_25

44_1

44_5

223_10

223_2

223_4

223_5

223_6

223_7

A3_4

A3_5

A3_7

A3_3

42_12

AAV1 TGCGG TAAAGACCT ACCTCATCGG GTACCCCTA GTGATGGAGT

AAV2 ATGGCG GTTAAATCAT TAACTCTCGG CAACCCCTA GTGATGGAGT

AAV3 TAACTCTGCT GGTAAATATT TAACTCTCGG CAACCTCTA GTGATGGAGT

AAV8

AAV9

AAV7 GTACCCG GTACCCCTA GTGATGGAGT

44_2

【図 1 A A A P】

Fig. 1A A A P

4651 4700

42_2

42_8

42_15

42_5b

42_1b

42_13

42_3a

42_4

42_5a

42_10

42_3b

42_11

42_6b

43_1

43_5

43_12

43_20

43_21

43_23

43_25

44_1

44_5

223_10

223_2

223_4

223_5

223_6

223_7

A3_4

A3_5

A3_7

A3_3

42_12

AAV1 TGGCCACTCC CTCTCTGCGC GCTCGCTGCG TTGGTGGGGC CTGCGGACCA

AAV2 TGGCCACTCC CTCTCTGCGC GCTCGCTGCG TTGGTGGGGC CTGCGGACCA

AAV3 TGGCCACTCC CTCTATGCGC ACTCGCTGCG TTGGTGGGGC CTGCGGACCA

AAV8

AAV9

AAV7 TGGCCACTCC CTCTATGCGC GCTCGCTGCG TTGGTGGGGC CTGCGGACCA

44_2

【図 1 A A A Q】

Fig. 1A A A Q

4701		4750
42_2		
42_8		
42_15		
42_5b		
42_1b		
42_13		
42_3a		
42_4		
42_5a		
42_10		
42_3b		
42_11		
42_6b		
43_1		
43_5		
43_12		
43_20		
43_21		
43_23		
43_25		
44_1		
44_5		
223_10		
223_2		
223_4		
223_5		
223_6		
223_7		
A3_4		
A3_5		
A3_7		
A3_3		
42_12		
AAV1	AAGGTCCCA GACGGCAGAG CTCGTCTCTG CCGGCCCCAC CGAGCGAGCG	
AAV2	AAGGTCCCA GACGGCCGG CTTTCCCGG GCGSCCTCAG TGAGCGAGCG	
AAV3	AAGGTCCCA GACGGACGTG CTTTGCACGT CCGGCCCCAC CGAGCGAGCG	
AAV8		
AAV9		
AAV7	AAGTCCCA GACGGCAGAG CTCGTCTCTG CCGGCCCCAC CGAGCGAGCG	
44_2		

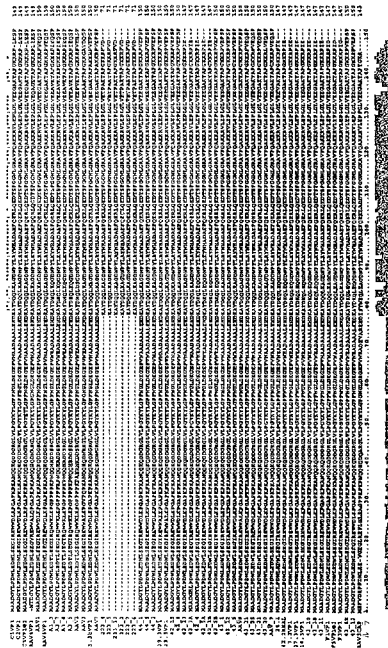
【図 1 A A A R】

Fig. 1A A A R

4751		4774
42_2		
42_8		
42_15		
42_5b		
42_1b		
42_13		
42_3a		
42_4		
42_5a		
42_10		
42_3b		
42_11		
42_6b		
43_1		
43_5		
43_12		
43_20		
43_21		
43_23		
43_25		
44_1		
44_5		
223_10		
223_2		
223_4		
223_5		
223_6		
223_7		
A3_4		
A3_5		
A3_7		
42_12		
AAV1	AGCGGCGAGA GAGGGAGTGG CCAA	
AAV2	AGCGGCGAGA GAGGGAGTGG CCAA	
AAV3	AGTGGGCATA GAGGGAGTGG CCAA	
AAV8		
AAV9		
AAV7	AGCGGCGATA GAGGGAGTGG CCAA	
44_2		

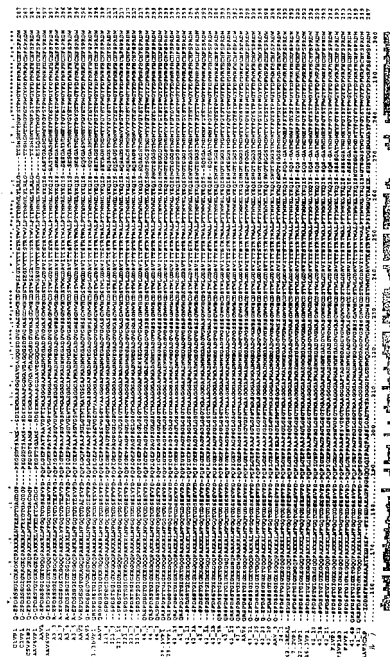
【図 2 A】

Fig. 2A



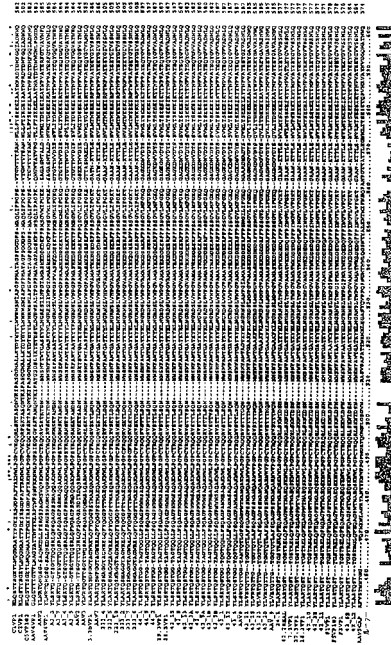
【図 2 B】

Fig. 2B



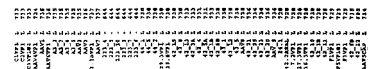
【図 2 D】

Fig. 2D



【図 2 F】

Fig. 2F



【図 3 A】

Fig. 3A

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
50 55 60

Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Val Leu Val Glu
85 90 95

Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100 105 110

Arg Glu Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Thr Leu
115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160

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

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220

【図 3 B】

Fig. 3B

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270

Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ser
275 280 285

Leu Pro Ala Asp Ile Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Leu
290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445

【図 3 C】

Fig. 3C

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460

Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Ser Lys Arg Pro Ala
485 490 495

Pro Asp Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala
515 520 525

Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Ile Gln Met
530 535 540

Leu Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile
545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Val Arg Asp Cys Leu Glu Cys Phe Pro Gly Val
565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Lys Thr Tyr Arg Lys Leu Cys
580 585 590

Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala
595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

フロントページの続き

(51)Int.Cl. F I
A 6 1 P 7/04 (2006.01) A 6 1 P 7/04

(31)優先権主張番号 60/377,066

(32)優先日 平成14年5月1日(2002.5.1)

(33)優先権主張国 米国(US)

(31)優先権主張番号 60/386,675

(32)優先日 平成14年6月5日(2002.6.5)

(33)優先権主張国 米国(US)

(72)発明者 ウイルソン, ジェイムズ・エム

アメリカ合衆国ペンシルベニア州19035グラドウィン・ノースアビニヨンドライブ1350

(72)発明者 アルビラ, モーリシオ

アメリカ合衆国ペンシルベニア州19104フィラデルフィア・アパートメント203・パインストリート4417

審査官 光本 美奈子

(56)参考文献 国際公開第00/028061 (WO, A1)

特開2003-235562 (JP, A)

Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2002年9月3日, vol. 99, no. 18, p. 11854-11859

(58)調査した分野(Int.Cl., DB名)

C12N 15/09

GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

SwissProt/PIR/GeneSeq

JSTPlus/JMEDPlus/JST7580(JDreamII)

PubMed

BIOSIS/MEDLINE/WPIDS(STN)