【公報種別】特許法第１７条の２の規定による補正の掲載
【部門区分】第３部門第２区分
【発行日】令和3年12月23日(2021.12.23)

【公表番号】特表2021-503006(P2021-503006A)
【公表日】令和3年2月4日(2021.2.4)
【年通号数】公開・登録公報2021-005
【出願番号】特願2020-544383(P2020-544383)
【国際特許分類】
Ａ６１Ｋ　35/17　(2015.01)
Ｃ１２Ｎ　5/10　(2006.01)
Ｃ１２Ｎ　5/0783　(2010.01)
Ｃ１２Ｎ　15/13　(2006.01)
Ｃ１２Ｎ　15/62　(2006.01)
Ｃ０７Ｋ　14/725　(2006.01)
Ｃ０７Ｋ　16/30　(2006.01)
Ｃ０７Ｋ　19/00　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　35/00　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　35/02　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　15/08　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　1/18　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　1/04　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　13/08　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　37/04　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　37/06　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　31/00　(2006.01)
Ａ６１Ｐ　43/00　(2006.01)
Ａ６１Ｋ　39/395　(2006.01)
Ｃ１２Ｎ　15/12　(2006.01)
【ＦＩ】
Ａ６１Ｋ　35/17　Ｚ
Ｃ１２Ｎ　5/10　ＺＮＡ
Ｃ１２Ｎ　5/0783
Ｃ１２Ｎ　15/13
Ｃ１２Ｎ　15/62　Ｚ
Ｃ０７Ｋ　14/725
Ｃ０７Ｋ　16/30
Ｃ０７Ｋ　19/00
Ａ６１Ｐ　35/00
Ａ６１Ｐ　35/02
Ａ６１Ｐ　15/08
Ａ６１Ｐ　1/18
Ａ６１Ｐ　1/04
Ａ６１Ｐ　13/08
Ａ６１Ｐ　37/04
Ａ６１Ｐ　37/06
Ａ６１Ｐ　31/00
Ａ６１Ｐ　43/00　１０５
Ａ６１Ｋ　39/395　Ｄ
Ａ６１Ｋ　39/395　Ｎ

Ｃ１２Ｎ　15/12

【手続補正書】
【提出日】令和3年11月12日(2021.11.12)
【手続補正１】
【補正対象書類名】特許請求の範囲
【補正対象項目名】全文
【補正方法】変更
【補正の内容】
【特許請求の範囲】
【請求項１】
配列番号１６、１１１７、１１１８、１１１９、１１２０、１１２１、１１２２、または１１２３のアミノ酸配列を含むＡＦＰ　ｐ２６ポリペプチドに特異的に結合するＤドメインを含むタンパク質。
【請求項２】
前記Ｄドメインが、配列番号８４１～９８３または９８４のアミノ酸配列を含む、請求項１に記載のタンパク質。
【請求項３】
請求項１または２に記載のタンパク質を含む標的結合ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）。
【請求項４】
請求項１もしくは２に記載のタンパク質または請求項３に記載のＣＡＲをコードする単離された核酸。
【請求項５】
請求項４に記載の核酸を含む宿主細胞。
【請求項６】
免疫エフェクター細胞である、請求項５に記載の細胞。
【請求項７】
配列番号１６、１１１７、１１１８、１１１９、１１２０、１１２１、１１２２、または１１２３のアミノ酸配列を含むＡＦＰ　ｐ２６ポリペプチドを含む融合タンパク質。
【請求項８】
抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）をさらに含む、請求項７に記載の融合タンパク質。
【請求項９】
前記ＡＤＢＤがＤドメインである、請求項８に記載の融合タンパク質。
【請求項１０】
請求項７～９のいずれか一項に記載の融合タンパク質をコードする単離された核酸。
【請求項１１】
請求項１０に記載の核酸を含む宿主細胞。
【請求項１２】
標的細胞の死滅に使用するための、免疫エフェクター細胞および／またはアダプターを含む医薬であって、
免疫エフェクター細胞が、第１の抗原決定基（ＡＤ）に結合するＤドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現し、
アダプターが、（ｉ）前記第１のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第２のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含み、かつ
医薬が免疫エフェクター細胞およびアダプターを組み合わせてなる場合、免疫エフェクター細胞およびアダプターが、患者に同時にまたは任意の順番で続けて投与されるように用いられることを特徴とする、
医薬。

【請求項１３】
前記第１のＡＤが、ＡＦＰ　ｐ２６、ＡＦＰ、ＣＤ１２３、ＢＣＭＡ、もしくはＣＳ１であり、前記第２のＡＤが、ＣＳ１、ＢＣＭＡ、ＣＤ１９、ＣＤ２２、ＣＤ４５、ＣＤ１２３、ＨＥＲ２、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、もしくはＰＤＬ１である、
前記第１のＡＤが、配列番号１６、１１１７、１１１８、１１１９、１１２０、１１２１、１１２２、もしくは１１２３のアミノ酸配列を含むＡＦＰ　ｐ２６ポリペプチドである、
前記Ｄドメインが、配列番号８４１～９８３もしくは９８４のアミノ酸配列を含む、
前記ＡＤＢＤがＤドメインである、および／または
前記標的細胞が腫瘍細胞である、
請求項１２に記載の医薬。
【請求項１４】
患者における、
標的細胞の死滅；
標的細胞死滅の再指示；
標的細胞への免疫応答の伝達；
標的細胞への免疫応答の誘導；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療の再指示；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療の誘導；
血液癌の治療；
血液癌の治療の再指示；または
血液癌の治療の誘導
に使用するための、免疫エフェクター細胞およびアダプターを含む医薬であって、
免疫エフェクター細胞が、第１の抗原決定基（ＡＤ）に結合するＤドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現し、
アダプターが、（ｉ）前記第１のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第２のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含み、かつ
免疫エフェクター細胞およびアダプターが、同時にまたは任意の順番で続けて患者に投与されるように用いられることを特徴とする、
医薬。
【請求項１５】
患者における、
標的細胞の死滅；
標的細胞死滅の再指示；
標的細胞への免疫応答の伝達；
標的細胞への免疫応答の誘導；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療の再指示；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療の誘導；
血液癌の治療；
血液癌の治療の再指示；または
血液癌の治療の誘導
に使用するための、アダプターを含む医薬であって、
前記患者が、第１の抗原決定基（ＡＤ）に結合するＤドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現する免疫エフェクター細胞で治療されており、かつ
アダプターが、（ｉ）前記第１のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第２のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含む、
医薬。
【請求項１６】

患者における、
標的細胞の死滅；
標的細胞死滅の再指示；
標的細胞への免疫応答の伝達；
標的細胞への免疫応答の誘導；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療の再指示；
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療の誘導；
血液癌の治療；
血液癌の治療の再指示；または
血液癌の治療の誘導
に使用するための、免疫エフェクター細胞を含む医薬であって、
前記免疫エフェクター細胞が、ＡＦＰ　ｐ２６に特異的に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現し、任意選択でＡＤＢＤがＤドメインである、
医薬。
【請求項１７】
前記第１のＡＤが、ＡＦＰ　ｐ２６、ＡＦＰ、ＣＤ１２３、ＢＣＭＡ、もしくはＣＳ１である、
前記第２のＡＤが、ＣＳ１、ＢＣＭＡ、ＣＤ１９、ＣＤ２２、ＣＤ４５、ＣＤ１２３、ＨＥＲ２、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、もしくはＰＤＬ１である、
前記第１のＡＤが、配列番号１６、１１１７、１１１８、１１１９、１１２０、１１２１、１１２２、もしくは１１２３のアミノ酸配列を含むＡＦＰ　ｐ２６ポリペプチドである、
前記Ｄドメインが、配列番号８４１～９８３もしくは９８４のアミノ酸配列を含む、
前記ＡＤＢＤがＤドメインである、ならびに／または
前記増殖性障害、癌、もしくは血液癌が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、脊髄形成異常症、乳癌、前立腺癌、卵巣癌、膵癌、結腸直腸癌、および肺癌から選択される、
請求項１４～１６のいずれか一項に記載の医薬。
【請求項１８】
遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞であって、
ａ．（１）ヒトＣＤ４５抗原決定基（ＡＤ）に特異的に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（２）膜貫通ドメイン、および（３）細胞内ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）；ならびに
ｂ．前記遺伝子改変細胞上のヒトＣＤ４５　ＡＤの発現を無くする遺伝子改変
を含み、
前記遺伝子改変細胞が、インビトロアッセイでＣＤ４５　ＡＤ発現細胞に対する免疫反応を誘導でき、遺伝子改変細胞が前記ＣＤ４５　ＡＤを発現しない、
遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞。
【請求項１９】
標的細胞の死滅または標的細胞への免疫反応の伝達に使用するための、請求項１８に記載の遺伝子改変細胞を含む医薬であって、前記標的細胞がヒトＣＤ４５を発現している、
医薬。
【請求項２０】
標的細胞への免疫反応の誘導、
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療、
リンパ球の枯渇、
メモリーＴ細胞の枯渇、

自己免疫疾患もしくは障害の治療、
対象の血液癌の治療、または
移植のための対象の前処置
に使用するための、請求項１８に記載の遺伝子改変細胞を含む医薬。
【請求項２１】
遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞であって、
ａ．（１）第１の抗原決定基（ＡＤ）に特異的に結合する第１の抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（２）膜貫通ドメイン、および（３）細胞内ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）；ならびに
ｂ．前記遺伝子改変細胞上の少なくとも１つのヒトＣＤ４５　ＡＤの発現を無くする遺伝子改変
を含み、前記第１のＡＤが少なくとも１つのヒトＣＤ４５　ＡＤではなく、インビトロアッセイでアダプターと組み合わせて使用される前記遺伝子改変細胞がＣＤ４５　ＡＤ発現細胞に対する免疫反応を誘導でき、前記アダプターが前記第１のＡＤおよび少なくとも１つのヒトＣＤ４５　ＡＤに特異的に結合する第２のＡＤＢＤを含み、前記遺伝子改変細胞が少なくとも１つのヒトＣＤ４５　ＡＤを発現しない、
遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞。
【請求項２２】
標的細胞の死滅または標的細胞への免疫反応の伝達に使用するための、
請求項２１に記載の遺伝子改変細胞、または
前記第１のＡＤおよびヒトＣＤ４５　ＡＤに特異的に結合する第２のＡＤＢＤを含むアダプター
を含む医薬であって、前記標的細胞がＣＤ４５を発現し、任意選択で、前記標的細胞が血液癌細胞である、医薬。
【請求項２３】
標的細胞への免疫反応の誘導、
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療、
リンパ球の枯渇、
メモリーＴ細胞の枯渇、
自己免疫疾患もしくは障害の治療、
対象の血液癌の治療、または
移植のための対象の前処置
に使用するための、
請求項２１に記載の遺伝子改変細胞、ならびに／または
前記第１のＡＤおよびヒトＣＤ４５　ＡＤに特異的に結合する第２のＡＤＢＤを含むアダプター
を含む医薬であって、前記標的細胞への免疫反応の誘導；増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療；リンパ球の枯渇；メモリーＴ細胞の枯渇；自己免疫疾患もしくは障害の治療；対象の血液癌の治療；または移植のための対象の前処置が、
ａ．前記対象に遺伝子改変細胞の治療有効量およびアダプターの治療有効量を投与するステップであって、遺伝子改変細胞およびアダプターが、同時にまたは任意の順番で続けて投与され得る、ステップ、
ｂ．遺伝子改変細胞の治療有効量を前記対象に投与するステップ、または
ｃ．アダプターの治療有効量を前記対象に投与するステップであって、前記対象が遺伝子改変細胞を投与されている、ステップ
を含む、
医薬。
【請求項２４】
アダプターを介した

標的細胞への免疫反応の誘導、
増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、もしくは同種移植片拒絶の治療、
リンパ球の枯渇、
メモリーＴ細胞の枯渇、
自己免疫疾患もしくは障害の治療、
対象の血液癌の治療、または
移植のための対象の前処置
に対して患者を感受性にするのに使用するための、請求項２１に記載の遺伝子改変細胞を含む医薬であって、前記アダプターが、第1のＡＤおよびヒトＣＤ４５　ＡＤに特異的に結合する第２のＡＤＢＤを含む、医薬。
【手続補正２】
【補正対象書類名】明細書
【補正対象項目名】００８４
【補正方法】変更
【補正の内容】
【００８４】
いくつかの実施形態では、本開示は、（ａ）（ｉ）（１）第１の抗原決定基（ＡＤ）に特異的に結合する第１の抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含む２つ以上のＡＤＢＤ、（２）膜貫通ドメイン、および（３）細胞内ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）；および（ｉｉ）遺伝子改変細胞上の第２のＡＤの発現を無くする遺伝子改変を含む遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞の治療有効量を、それを必要としている対象に投与すること；および（ｂ）ＣＡＲにより認識される第１のＡＤおよび標的細胞上で発現されている第２のＡＤに結合できる第２のＡＤＢＤを含むアダプターの治療有効量を対象に投与すること、を含む対象の標的細胞に対し免疫反応を誘導する方法を提供する。
[本発明1001]
キメラ抗原受容体（ＣＡＲ）およびアダプターを発現している細胞を含む、治療での使用に好適する組成物であって、
（ａ）前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合するＤドメイン、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むアダプター、を含み、前記第1のＡＤが、ＡＦＰ　p26、ＡＦＰ、ＣＤ123、ＢＣＭＡ、またはＣＳ1であり、前記第2のＡＤが、ＣＳ1、ＢＣＭＡ、ＣＤ19、ＣＤ22、ＣＤ45、ＣＤ123、ＨＥＲ2、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、またはＰＤＬ1であり、
（ｂ）前記ＣＡＲが、（ｉ）標的細胞上の第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含み、
（ｃ）前記ＣＡＲが、（ｉ）標的細胞上の第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）第2の標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含み、
（ｄ）前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する代替骨格結合ドメイン（ＡＳＢＤ）である抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含み、
（ｅ）前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＳＢＤを含むＡＤＢＤを含み、
（ｆ）前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメ

イン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）標的細胞上の第2のＡＤに結合するＤドメインを含み、

（ｇ）前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合するＤドメイン、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含み、

（ｈ）前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する第1のＤドメイン、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）標的細胞上の第2のＡＤに結合する第2のＤドメインを含む、組成物。

[本発明1002]

前記ＣＡＲが、下記の1つまたは複数を特徴とする、本発明1001の組成物。

（ａ）前記ＣＡＲが、単鎖可変フラグメント（ｓｃＦｖ）ＡＤＢＤを含む；

（ｂ）前記ＣＡＲが、代替骨格結合ドメイン（ＡＳＢＤ）ＡＤＢＤを含む；

（ｃ）前記ＣＡＲがＤドメインを含み、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号17～26、および27または配列番号44～1078、および1079から選択される配列を含む；

（ｄ）前記ＣＡＲが2つのＡＤＢＤを含む；

（ｅ）前記ＣＡＲがＡＳＢＤおよびｓｃＦｖを含む；

（ｆ）前記ＣＡＲがＤドメインおよびｓｃＦｖを含む；

（ｇ）前記ＣＡＲが2つのＡＳＢＤを含む；

（ｈ）前記ＣＡＲが2つのＤドメインを含む；

（ｉ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインがシグナル伝達ドメインである；

（ｊ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、プライマリシグナル伝達ドメインを含む；

（ｋ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、ＣＤ3ζプライマリシグナル伝達ドメインを含む；

（ｌ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、共刺激シグナル伝達ドメインをさらに含む；

（ｍ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、ＣＤ28、41ＢＢ、ＣＤ27、およびＣＤ134から選択される共刺激シグナル伝達ドメインを含む；

（ｎ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、41ＢＢ共刺激シグナル伝達ドメインを含む；

（ｏ）前記ＣＡＲが、ＣＤ19、ＣＤ22、ＣＤ123、ＢＣＭＡ、ＣＳ1、ＨＥＲ2、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、およびＰＤＬ1から選択される抗原に結合する；

（ｐ）前記ＣＡＲがＢＣＭＡに結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号44～338、および339から選択される配列を含む；

（ｑ）前記ＣＡＲがＣＤ123に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号340～77および773から選択される配列を含む；

（ｒ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号1030～1058および1059から選択される配列を含む；

（ｓ）前記ＣＡＲがＣＤ22に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号1060～1068および1069から選択される配列を含む；

（ｔ）前記ＣＡＲがＣＳ1に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号780～794および795から選択される配列を含む；

（ｕ）前記ＣＡＲがＨＥＲ2に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号800～839および840から選択される配列を含む；

（ｖ）前記ＣＡＲがＴＡＣＩまたはＢＡＦＦＲに結合する；

（ｗ）前記ＣＡＲがＰＤＬ1に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号1010～1016、1074～1078および1079から選択される配列を含む；

（ｘ）前記ＣＡＲがＡＦＰ　ｐ26に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号841～983および984から選択される配列を含む；

（ｙ）前記ＣＡＲが、別々の標的に結合する2つのＡＤＢＤを含む；

（ｚ）前記ＣＡＲは、ＣＤ19およびＣＤ123に結合する；

（ａａ）前記ＣＡＲはＢＣＭＡおよびＣＳ1に結合する；
（ｂｂ）前記ＣＡＲはＣＤ22およびＣＤ123に結合する；
（ｃｃ）前記ＣＡＲはＰＤＬ1およびＣＤ123に結合する；
（ｄｄ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合する第1のＡＳＢＤおよびＣＤ123に結合する第2のＡＳＢＤを含む；
（ｅｅ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合する第1のＤドメインおよびＣＤ123に結合する第2のＤドメインを含む；
（ｆｆ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合するＤドメインおよびＣＤ123に結合するｓｃＦｖを含む；
（ｇｇ）前記ＣＡＲがＢＣＭＡに結合する第1のＡＳＢＤおよびＣＳ1に結合する第2のＡＳＢＤを含む；
（ｈｈ）前記ＣＡＲがＢＣＭＡに結合する第1のＤドメインおよびＣＳ1に結合する第2のＤドメインを含む；
（ｉｉ）前記ＣＡＲがＣＳ1に結合するＤドメインおよびＢＣＭＡに結合するｓｃＦｖを含む；
（ｊｊ）前記ＣＡＲがＢＣＭＡに結合するＤドメインおよびＣＳ1に結合するｓｃＦｖを含む；
（ｋｋ）前記ＣＡＲがＣＤ22に結合する第1のＡＳＢＤおよびＣＤ123に結合する第2のＡＳＢＤを含む；
（ｌｌ）前記ＣＡＲがＣＤ22に結合する第1のＤドメインおよびＣＤ123に結合する第2のＤドメインを含む；
（ｍｍ）前記ＣＡＲがＣＤ22に結合するＤドメインおよびＣＤ123に結合するｓｃＦｖを含む；
（ｎｎ）前記ＣＡＲがＰＤＬ1に結合する第1のＡＳＢＤおよびＣＤ123に結合する第2のＡＳＢＤを含む；
（ｏｏ）前記ＣＡＲがＰＤＬ1に結合する第1のＤドメインおよびＣＤ123に結合する第2のＤドメインを含む；
（ｐｐ）前記ＣＡＲがＰＤＬ1に結合するＤドメインおよびＣＤ123に結合するｓｃＦｖを含む；および
（ｑｑ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合するＡＳＢＤおよびＣＤ123に結合するｓｃＦｖを含む。

[本発明1003]

前記アダプターが、下記の1つまたは複数を特徴とする、本発明1001または本発明1002の組成物。
（ａ）前記アダプターがＡＦＰ　ｐ26またはＡＦＰのエピトープであるＡＤを含み、任意選択で、配列番号16または1117～1123のアミノ酸残基を含む；
（ｂ）アダプターが腫瘍抗原のＡＤを含み、任意選択で、前記腫瘍抗原が、群：ＢＣＭＡ、ＣＤ123、ＣＤ19、ＣＤ22、ＣＳ1、ＨＥＲ2、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、およびＰＤＬ1から選択される；
（ｃ）前記アダプターがｓｃＦｖであるＡＤＢＤを含む；
（ｄ）前記アダプターがＡＳＢＤであるＡＤＢＤを含む；
（ｅ）前記アダプターがＤドメインを含み、任意選択で、前記アダプターが、群：配列番号17～26、および27、または配列番号44～1078、および1079から選択される配列を含む；
（ｆ）前記アダプターが2つのＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、（ｉ）同じである、（ｉｉ）同じ抗原決定基に結合する、（ｉｉｉ）同じ抗原の異なるＡＤに結合する、（ｉｖ）同じ細胞上の異なる抗原に結合する、または（ｖ）異なる細胞上の異なる抗原に結合する；
（ｇ）前記アダプターが2つのＡＳＢＤを含む；
（ｈ）前記アダプターが二つのＤドメインを含み、任意選択で、前記アダプターが、群

：配列番号44～1079から選択されるアミノ酸配列を含む；
（ｉ）前記アダプターがｓｃＦｖであるＡＤＢＤおよびＡＳＢＤであるＡＤＢＤを含む；
（ｊ）前記アダプターがｓｃＦｖであるＡＤＢＤおよびＤドメインであるＡＤＢＤを含む；
（ｋ）前記アダプターが、ＢＣＭＡ、ＣＤ123、ＣＤ19、ＣＤ22、ＣＳ1、ＨＥＲ2、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、およびＰＤＬ1から選択されるメンバーに結合するＡＤＢＤを含む；
（ｌ）前記アダプターがＢＣＭＡに結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、群：配列番号44～338、および339から選択される配列を含む；
（ｍ）前記アダプターがＣＳ1に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号780～794、および795から選択される配列を含む；
（ｎ）前記アダプターがＨＥＲ2に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号800～839、および840から選択される配列を含む；
（ｏ）前記アダプターがＣＤ123に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号340～772、および773から選択される配列を含む；
（ｐ）前記アダプターがＣＤ19に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号1030～1058、および1059から選択される配列を含む；
（ｑ）前記アダプターがＣＤ22に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号1060～1068、および1069から選択される配列を含む；
（ｒ）前記アダプターがＴＡＣＩに結合するＡＤＢＤを含む；
（ｓ）前記アダプターがＢＡＦＦＲに結合するＡＤＢＤを含む；
（ｔ）前記アダプターがＰＤＬ1に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号1010～1016、1074～1078、および1079から選択される配列を含む；
（ｕ）前記アダプターが二重特異性である；
（ｖ）前記アダプターがＣＤ19に結合するＡＤＢＤおよびＣＤ123に結合するＡＤＢＤを含む；
（ｗ）前記アダプターがＢＣＭＡに結合するＡＤＢＤおよびＣＳ1に結合するＡＤＢＤを含む；
（ｘ）前記アダプターがＣＤ22に結合するＡＤＢＤおよびＣＤ123に結合するＡＤＢＤを含む；および
（ｙ）前記アダプターがＰＤＬ1に結合するＡＤＢＤおよびＣＤ123に結合するＡＤＢＤを含む。

[本発明1004]
本発明1001～1003のいずれかの組成物であって、
（ａ）前記標的細胞が腫瘍細胞であり、
（ｂ）前記標的細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択される腫瘍細胞であり、
（ｃ）前記標的細胞が多発性骨髄腫であり、
（ｄ）少なくとも1つの標的細胞が腫瘍細胞であり、任意選択で、前記腫瘍細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択され、
（ｅ）第1と第2の標的細胞が腫瘍細胞であり、任意選択で、前記腫瘍細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択され；
（ｆ）前記第1と第2の標的細胞が同じ型の腫瘍細胞であり、任意選択で、前記腫瘍細胞

が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択され；

（ｇ）前記第1と第2の標的細胞が異なる型の腫瘍細胞であり、任意選択で、前記腫瘍細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択され；

（ｈ）前記標的細胞が、乳癌、前立腺癌、卵巣癌、膵臓癌、結腸癌、および肺癌から選択される癌細胞であり、および／または

（ｉ）前記標的細胞が、乳癌または卵巣癌である、組成物。

[本発明1005]

本発明1001～1004のいずれかの組成物であって、

（ａ）前記ＣＡＲ発現細胞が免疫エフェクター細胞であり、

（ｂ）前記ＣＡＲ発現細胞がＴ細胞であり、または

（ｃ）前記ＣＡＲ発現細胞がＮＫ細胞である、組成物。

[本発明1006]

前記標的細胞を本発明1001～1005のいずれかの組成物と接触させることを含む標的細胞を死滅させる方法。

[本発明1007]

標的細胞を死滅させる方法、標的細胞に免疫反応を伝達する方法、増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、または同種移植片拒絶を治療する方法、または血液癌を治療する方法であって、

（ａ）標的細胞を含む組成物をアダプターと接触させるステップであって、

（1）前記標的細胞を含む組成物が、ＣＡＲを発現している細胞をさらに含み、前記ＣＡＲが、（ｉ）前記標的細胞上の第1のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、

（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、

（ｂ）第1の標的細胞を含む組成物をアダプターと接触させるステップであって、

（1）前記標的細胞を含む組成物がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞をさらに含み、前記ＣＡＲが、（ｉ）前記第1の標的細胞上の第1のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み；および

（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）第2の標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、

（ｃ）標的細胞を含む組成物をアダプターと接触させるステップであって、

（1）前記標的細胞を含む組成物がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞をさらに含み、前記ＣＡＲが、（ｉ）第1のＡＤに結合するＡＳＢＤである抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、および

（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、

（ｄ）標的細胞を含む組成物をアダプターと接触させるステップであって、

（1）前記標的細胞を含む組成物がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞をさらに含み、前記ＣＡＲが、（ｉ）第1のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および

（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＳＢＤであるＡＤＢＤを含むステップ、

（ｅ）標的細胞を含む組成物を、キメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞と接触させるステップであって、

（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）が前記標的細胞上に存在し、
（2）前記第1の標的細胞を含む組成物が、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含むアダプターをさらに含み、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記標的細胞または前記アダプター上の前記第1のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｆ）標的細胞を含む組成物を、キメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞と接触させるステップであって、
（1）第1のＡＤが第1の標的細胞上に存在し、
（2）前記第1の標的細胞を含む組成物が、第2の標的細胞および（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）第2の標的細胞上の第2のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含むアダプターをさらに含み、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記第1の標的細胞または前記アダプター上の前記第1のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｇ）標的細胞を含む組成物を、キメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞と接触させるステップであって、
（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）が前記標的細胞上に存在し、
（2）前記標的細胞を含む組成物が、（ｉ）前記標的細胞上の前記第1のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）および（ｉｉ）第2のＡＤを含むアダプターをさらに含み、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記第2のＡＤに結合するＡＳＢＤであるＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｈ）標的細胞を含む組成物を、キメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞と接触させるステップであって、
（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）が前記標的細胞上に存在し、
（2）前記標的細胞を含む組成物が、（ｉ）前記標的細胞上の前記第1のＡＤに結合するＡＳＢＤである抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）および（ｉｉ）第2のＡＤを含むアダプターをさらに含み、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記第2のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップを含む、方法。
[本発明1008]
標的細胞を死滅させる方法、患者の標的細胞死滅を再指示する方法、患者の標的細胞に免疫反応を伝達する方法、患者の標的細胞に免疫反応を誘導する方法、患者の増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、または同種移植片拒絶を治療する方法、患者の増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、または同種移植片拒絶の治療を再指示する方法、患者の増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、または同種移植片拒絶の治療を誘導する方法、患者の血液癌を治療する方法、患者の血液癌の治療を再指示する方法、または患者の血液癌の治療を誘導する方法であって、
（ａ）前記患者にアダプターを投与するステップであって、
（1）前記患者がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞で治療されており、前記ＣＡＲが、（ｉ）前記標的細胞上の第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および
（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、
（ｂ）前記患者にアダプターを投与するステップであって、
（1）前記患者がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞で治療されており、前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の標的細胞上の第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基

結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および
（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）第2の標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、
（ｃ）前記患者にアダプターを投与するステップであって、
（1）前記患者がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞で治療されており、前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合するＡＳＢＤである抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および
（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、
（ｄ）前記患者にアダプターを投与するステップであって、
（1）前記患者がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞で治療されており、前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および
（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＳＢＤであるＡＤＢＤを含むステップ、
（ｅ）前記患者にキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞を投与するステップであって、
（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）および第2のＡＤが前記標的細胞上に存在し、
（2）前記患者が、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の前記第2のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含むアダプターで治療されており、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記標的細胞または前記アダプター上の前記第1のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｆ）前記患者にキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞を投与するステップであって、
（1）前記患者が、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）および（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含むアダプターで治療されており、および
（2）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記アダプター上の前記第1のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｇ）前記患者にキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞を投与するステップであって、
（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）が前記標的細胞上に存在し、
（2）前記患者が、（ｉ）前記標的細胞上の前記第1のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）および（ｉｉ）第2のＡＤを含むアダプターで治療されており、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記第2のＡＤに結合するＡＳＢＤであるＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｈ）前記患者にキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞を投与するステップであって、
（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）が前記標的細胞上に存在し、
（2）前記患者が、（ｉ）前記標的細胞上の前記第1のＡＤに結合するＡＳＢＤである抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）および（ｉｉ）第2のＡＤを含むアダプターで治療されており、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記第2のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｉ）前記患者にアダプターを投与するステップであって、

（1）前記患者がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞で治療されており、前記ＣＡＲが、（ｉ）前記標的細胞上の第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および
（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、
（ｊ）前記患者にアダプターを投与するステップであって、
（1）前記患者がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞で治療されており、前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の標的細胞上の第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および
（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）第2の標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、
（ｋ）前記患者にアダプターを投与するステップであって、
（1）前記患者がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞で治療されており、前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合するＡＳＢＤである抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および
（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＤＢＤを含むステップ、
（ｌ）前記患者にアダプターを投与するステップであって、
（1）前記患者がキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞で治療されており、前記ＣＡＲが、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含み、および
（2）前記アダプターが、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合するＡＳＢＤであるＡＤＢＤを含むステップ、
（ｍ）前記患者にキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞を投与するステップであって、
（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）および第2のＡＤが前記標的細胞上に存在し、
（2）前記患者が、（ｉ）前記第1のＡＤおよび（ｉｉ）前記標的細胞上の前記第2のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含むアダプターで治療されており、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記標的細胞または前記アダプター上の前記第1のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｎ）前記患者にキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞を投与するステップであって、
（1）前記患者が、（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）および（ｉｉ）前記標的細胞上の第2のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含むアダプターで治療されており、および
（2）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記アダプター上の前記第1のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、
（ｏ）前記患者にキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞を投与することを含むステップであって、
（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）が前記標的細胞上に存在し、
（2）前記患者が、（ｉ）前記標的細胞上の前記第1のＡＤに結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）および（ｉｉ）第2のＡＤを含むアダプターで治療されており、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記第2のＡＤに結合するＡＳＢＤであるＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップ、

（ｐ）前記患者にキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）を発現している細胞を投与するステップであって、
（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）が前記標的細胞上に存在し、
（2）前記患者が、（ｉ）前記標的細胞上の前記第1のＡＤに結合するＡＳＢＤである抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）および（ｉｉ）第2のＡＤを含むアダプターで治療されており、および
（3）前記ＣＡＲが、（ｉ）前記第2のＡＤに結合するＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むステップを含む、方法。
[本発明1009]
前記増殖性障害、癌または血液癌が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、脊髄形成異常症、乳癌、前立腺癌、卵巣癌、膵臓癌、結腸癌、および肺癌から選択される、本発明1007または1008の方法。
[本発明1010]
前記ＣＡＲが、下記の1つまたは複数を特徴とする、本発明1007～1009のいずれかの方法。
（ａ）前記ＣＡＲが、単鎖可変フラグメント（ｓｃＦｖ）ＡＤＢＤを含む；
（ｂ）前記ＣＡＲが、代替骨格結合ドメイン（ＡＳＢＤ）ＡＤＢＤを含む；
（ｃ）前記ＣＡＲがＤドメインを含み、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号17～26、および27または配列番号44～1078、および1079から選択される配列を含む；
（ｄ）前記ＣＡＲが2つのＡＤＢＤを含む；
（ｅ）前記ＣＡＲがＡＳＢＤおよびｓｃＦｖを含む；
（ｆ）前記ＣＡＲがＤドメインおよびｓｃＦｖを含む；
（ｇ）前記ＣＡＲが2つのＡＳＢＤを含む；
（ｈ）前記ＣＡＲが2つのＤドメインを含む；
（ｉ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインがシグナル伝達ドメインである；
（ｊ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、プライマリシグナル伝達ドメインを含む；
（ｋ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、ＣＤ3ζプライマリシグナル伝達ドメインを含む；
（ｌ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、共刺激シグナル伝達ドメインをさらに含む；
（ｍ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、ＣＤ28、41ＢＢ、ＣＤ27、およびＣＤ134から選択される共刺激シグナル伝達ドメインを含む；
（ｎ）前記ＣＡＲの細胞内ドメインが、41ＢＢ共刺激シグナル伝達ドメインを含む；
（ｏ）前記ＣＡＲが、ＣＤ19、ＣＤ22、ＣＤ123、ＢＣＭＡ、ＣＳ1、ＨＥＲ2、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、およびＰＤＬ1から選択される抗原に結合する；
（ｐ）前記ＣＡＲがＢＣＭＡに結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号44～338、および339から選択される配列を含む；
（ｑ）前記ＣＡＲがＣＤ123に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号340～77および773から選択される配列を含む；
（ｒ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号1030～1058および1059から選択される配列を含む；
（ｓ）前記ＣＡＲがＣＤ22に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号1060～1068および1069から選択される配列を含む；
（ｔ）前記ＣＡＲがＣＳ1に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号780～794および795から選択される配列を含む；
（ｕ）前記ＣＡＲがＨＥＲ2に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号800～839および840から選択される配列を含む；
（ｖ）前記ＣＡＲがＴＡＣＩまたはＢＡＦＦＲに結合する；
（ｗ）前記ＣＡＲがＰＤＬ1に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号1010

～1016、1074～1078および1079から選択される配列を含む；
（ｘ）前記ＣＡＲがＡＦＰ　ｐ26に結合し、任意選択で、前記ＣＡＲが、群：配列番号841～983および984から選択される配列を含む；
（ｙ）前記ＣＡＲが、別々の標的に結合する2つのＡＤＢＤを含む；
（ｚ）前記ＣＡＲは、ＣＤ19およびＣＤ123に結合する；
（ａａ）前記ＣＡＲはＢＣＭＡおよびＣＳ1に結合する；
（ｂｂ）前記ＣＡＲはＣＤ22およびＣＤ123に結合する；
（ｃｃ）前記ＣＡＲはＰＤＬ1およびＣＤ123に結合する；
（ｄｄ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合する第1のＡＳＢＤおよびＣＤ123に結合する第2のＡＳＢＤを含む；
（ｅｅ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合する第1のＤドメインおよびＣＤ123に結合する第2のＤドメインを含む；
（ｆｆ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合するＤドメインおよびＣＤ123に結合するｓｃＦｖを含む；
（ｇｇ）前記ＣＡＲがＢＣＭＡに結合する第1のＡＳＢＤおよびＣＳ1に結合する第2のＡＳＢＤを含む；
（ｈｈ）前記ＣＡＲがＢＣＭＡに結合する第1のＤドメインおよびＣＳ1に結合する第2のＤドメインを含む；
（ｉｉ）前記ＣＡＲがＣＳ1に結合するＤドメインおよびＢＣＭＡに結合するｓｃＦｖを含む；
（ｊｊ）前記ＣＡＲがＢＣＭＡに結合するＤドメインおよびＣＳ1に結合するｓｃＦｖを含む；
（ｋｋ）前記ＣＡＲがＣＤ22に結合する第1のＡＳＢＤおよびＣＤ123に結合する第2のＡＳＢＤを含む；
（ｌｌ）前記ＣＡＲがＣＤ22に結合する第1のＤドメインおよびＣＤ123に結合する第2のＤドメインを含む；
（ｍｍ）前記ＣＡＲがＣＤ22に結合するＤドメインおよびＣＤ123に結合するｓｃＦｖを含む；
（ｎｎ）前記ＣＡＲがＰＤＬ1に結合する第1のＡＳＢＤおよびＣＤ123に結合する第2のＡＳＢＤを含む；
（ｏｏ）前記ＣＡＲがＰＤＬ1に結合する第1のＤドメインおよびＣＤ123に結合する第2のＤドメインを含む；
（ｐｐ）前記ＣＡＲがＰＤＬ1に結合するＤドメインおよびＣＤ123に結合するｓｃＦｖを含む；および
（ｑｑ）前記ＣＡＲがＣＤ19に結合するＡＳＢＤおよびＣＤ123に結合するｓｃＦｖを含む。
[本発明1011]
前記アダプターが、下記の1つまたは複数を特徴とする、本発明1007～1010のいずれかの方法。
（ａ）前記アダプターがＡＦＰ　ｐ26またはＡＦＰのエピトープであるＡＤを含み、任意選択で、配列番号16または1117～1123のアミノ酸残基を含む；
（ｂ）アダプターが腫瘍抗原のＡＤを含み、任意選択で、前記腫瘍抗原が、群：ＢＣＭＡ、ＣＤ123、ＣＤ19、ＣＤ22、ＣＳ1、ＨＥＲ2、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、およびＰＤＬ1から選択される；
（ｃ）前記アダプターがｓｃＦｖであるＡＤＢＤを含む；
（ｄ）前記アダプターがＡＳＢＤであるＡＤＢＤを含む；
（ｅ）前記アダプターがＤドメインを含み、任意選択で、前記アダプターが、群：配列番号17～26、および27、または配列番号44～1078、および1079から選択される配列を含む；
（ｆ）前記アダプターが2つのＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、（ｉ）

同じである、（ｉｉ）同じ抗原決定基に結合する、（ｉｉｉ）同じ抗原の異なるＡＤに結合する、（ｉｖ）同じ細胞上の異なる抗原に結合する、または（ｖ）異なる細胞上の異なる抗原に結合する；
（ｇ）前記アダプターが2つのＡＳＢＤを含む；
（ｈ）前記アダプターが二つのＤドメインを含み、任意選択で、前記アダプターが、群：配列番号44～1079から選択されるアミノ酸配列を含む；
（ｉ）前記アダプターがｓｃＦｖであるＡＤＢＤおよびＡＳＢＤであるＡＤＢＤを含む；
（ｊ）前記アダプターがｓｃＦｖであるＡＤＢＤおよびＤドメインであるＡＤＢＤを含む；
（ｋ）前記アダプターが、ＢＣＭＡ、ＣＤ123、ＣＤ19、ＣＤ22、ＣＳ1、ＴＡＣＩ、ＢＡＦＦＲ、およびＰＤＬ1から選択されるメンバーに結合するＡＤＢＤを含む；

（ｌ）前記アダプターがＢＣＭＡに結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、群：配列番号44～338、および339から選択される配列を含む；
（ｍ）前記アダプターがＣＳ1に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号780～794、および795から選択される配列を含む；
（ｎ）前記アダプターがＨＥＲ2に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号800～839、および840から選択される配列を含む；
（ｏ）前記アダプターがＣＤ123に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号340～772、および773から選択される配列を含む；
（ｐ）前記アダプターがＣＤ19に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号1030～1058、および1059から選択される配列を含む；
（ｑ）前記アダプターがＣＤ22に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号1060～1068、および1069から選択される配列を含む；
（ｒ）前記アダプターがＴＡＣＩに結合するＡＤＢＤを含む；
（ｓ）前記アダプターがＢＡＦＦＲに結合するＡＤＢＤを含む；
（ｔ）前記アダプターがＰＤＬ1に結合するＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記ＡＤＢＤが、配列番号1010～1016、1074～1078、および1079から選択される配列を含む；
（ｕ）前記アダプターが二重特異性である；
（ｖ）前記アダプターがＣＤ19に結合するＡＤＢＤおよびＣＤ123に結合するＡＤＢＤを含む；
（ｗ）前記アダプターがＢＣＭＡに結合するＡＤＢＤおよびＣＳ1に結合するＡＤＢＤを含む；
（ｘ）前記アダプターがＣＤ22に結合するＡＤＢＤおよびＣＤ123に結合するＡＤＢＤを含む；および
（ｙ）前記アダプターがＰＤＬ1に結合するＡＤＢＤおよびＣＤ123に結合するＡＤＢＤを含む。

[本発明1012]
本発明1007～1011のいずれかの方法であって、
（ａ）前記標的細胞が腫瘍細胞であり、
（ｂ）前記標的細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択される腫瘍細胞であり、
（ｃ）前記標的細胞が多発性骨髄腫であり、
（ｄ）少なくとも1つの標的細胞が腫瘍細胞であり、任意選択で、前記腫瘍細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択され、

（ｅ）第1と第2の標的細胞が腫瘍細胞であり、任意選択で、前記腫瘍細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択され；

（ｆ）前記第1と第2の標的細胞が同じ型の腫瘍細胞であり、任意選択で、前記腫瘍細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択され；

（ｇ）前記第1と第2の標的細胞が異なる型の腫瘍細胞であり、任意選択で、前記腫瘍細胞が、急性白血病、慢性白血病、真性多血症、リンパ腫、ホジキン病、非ホジキンリンパ腫、多発性骨髄腫、ワルデンシュトレームマクログロブリン血症、重鎖病、骨髄異形成症候群、毛様細胞性白血病、および脊髄形成異常症から選択され；

（ｊ）前記標的細胞が、乳癌、前立腺癌、卵巣癌、膵臓癌、結腸癌、および肺癌から選択される癌細胞であり、および／または

（ｈ）前記標的細胞が、乳癌または卵巣癌である、方法。

[本発明1013]

本発明1007～1012のいずれかの方法であって、

（ａ）前記ＣＡＲ発現細胞が免疫エフェクター細胞であり、

（ｂ）前記ＣＡＲ発現細胞がＴ細胞であり、または

（ｃ）前記ＣＡＲ発現細胞がＮＫ細胞である、方法。

[本発明1014]

遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞であって、

ａ．（1）ヒトＣＤ45抗原決定基（ＡＤ）に特異的に結合する抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（2）膜貫通ドメイン、および（3）細胞内ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）；および

ｂ．前記遺伝子改変細胞上のヒトＣＤ45　ＡＤの発現を無くする遺伝子改変を含み、

前記遺伝子改変細胞が、インビトロアッセイでＣＤ45　ＡＤ発現細胞に対する免疫反応を誘導でき、遺伝子改変細胞が前記ＣＤ45　ＡＤを発現しない、遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞。

[本発明1015]

標的細胞を死滅させる方法または標的細胞に免疫反応を伝達する方法であって、本発明1014の遺伝子改変細胞を前記標的細胞と接触させることを含み、前記標的細胞がヒトＣＤ45を発現している、方法。

[本発明1016]

標的細胞に免疫反応を誘導する方法、対象の増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、または同種移植片拒絶を治療する方法、対象のリンパ球を枯渇させる方法、対象のメモリーＴ細胞を枯渇させる方法、対象の自己免疫疾患または障害を治療する方法、または対象の血液癌を治療する方法、または移植のために対象を前処置する方法であって、有効量の本発明1014の遺伝子改変細胞を、それを必要としている前記対象に投与することを含む方法。

[本発明1017]

遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞であって、

ａ．（1）第1の抗原決定基（ＡＤ）に特異的に結合する第1の抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（2）膜貫通ドメイン、および（3）細胞内ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）；および

ｂ．前記遺伝子改変細胞上の少なくとも1つのヒトＣＤ45　ＡＤの発現を無くする遺伝子改変を含み、

前記第1のＡＤが少なくとも1つのヒトＣＤ45　ＡＤではなく、インビトロアッセイでアダプターと組み合わせて使用される前記遺伝子改変細胞がＣＤ45　ＡＤ発現細胞に対する免疫反応を誘導でき、前記アダプターが前記第1のＡＤおよび少なくとも1つのヒトＣＤ45

ＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含み、前記遺伝子改変細胞が少なくとも1つのヒトＣＤ45　ＡＤを発現しない、遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞。

[本発明1018]

本発明1017の遺伝子改変細胞をアダプターおよび前記標的細胞に接触させることを含む標的細胞を死滅させるまたは標的細胞に免疫反応を伝達する方法であって、前記標的細胞がＣＤ45を発現し、前記アダプターが前記第1のＡＤおよびヒトＣＤ45　ＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含み、任意選択で、前記標的細胞が血液癌細胞である方法。

[本発明1019]

標的細胞に免疫反応を誘導する方法、対象の増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、または同種移植片拒絶を治療する方法、対象のリンパ球を枯渇させる方法、対象のメモリーＴ細胞を枯渇させる方法、対象の自己免疫疾患または障害を治療する方法、または対象の血液癌を治療する方法、または移植のために対象を前処置する方法であって、

ａ．本発明1017の遺伝子改変細胞の治療有効量および前記第1のＡＤおよびヒトＣＤ45　ＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含むアダプターの治療有効量を、それを必要としている前記対象に投与するステップ、

ｂ．本発明1234の遺伝子改変細胞の治療有効量を、それを必要としている前記対象に投与するステップであって、前記対象が、前記第1のＡＤおよびヒトＣＤ45　ＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含むアダプターを投与されているステップ、または

ｃ．前記第1のＡＤおよびヒトＣＤ45　ＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含むアダプターの治療有効量を、それを必要としている対象に投与するステップであって、前記対象が本発明1017の遺伝子改変細胞を投与されているステップを含む方法。

[本発明1020]

遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞であって、

ａ．（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に結合する第1の抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含む2つ以上のＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）；および

ｂ．前記遺伝子改変細胞上の前記第1のＡＤの発現を無くする遺伝子改変を含み、前記遺伝子改変細胞が前記第1のＡＤを発現しない、遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞。

[本発明1021]

標的細胞を死滅させるまたは標的に免疫反応を伝達する方法であって、

ａ．本発明1020の遺伝子改変細胞を前記標的細胞と接触させるステップ、

ｂ．本発明1020の遺伝子改変細胞をアダプターおよび前記標的細胞と接触させるステップであって、前記アダプターが、前記ＣＡＲおよび第2のＡＤＢＤにより認識されるＡＤを含むステップ、

ｃ．本発明1020の遺伝子改変細胞をアダプターおよび前記標的細胞と接触させるステップであって、前記アダプターが前記ＣＡＲおよび前記標的細胞上の第2のＡＤに結合できる第2のＡＤＢＤにより認識されるＡＤを含むステップ、または

ｄ．本発明1020の遺伝子改変細胞をアダプターおよび癌細胞と接触させるステップであって、前記アダプターが、前記ＣＡＲおよび前記癌細胞上の第2のＡＤに結合できる第2のＡＤＢＤにより認識されるＡＤを含むステップ、を含む方法。

[本発明1022]

標的細胞に免疫反応を誘導する方法、対象の増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、または同種移植片拒絶を治療する方法、対象のリンパ球を枯渇させる方法、対象のメモリーＴ細胞を枯渇させる方法、対象の自己免疫疾患または障害を治療する方法、または対象の血液癌を治療する方法、または移植のために対象を前処置する方法であって、

ａ．本発明1020の遺伝子改変細胞の治療有効量を、それを必要としている前記対象に投与するステップ、

ｂ．本発明1020の前記遺伝子改変細胞の治療有効量ならびに前記ＣＡＲおよび前記標的細胞上の第2のＡＤに結合できる第2のＡＤＢＤにより認識されるＡＤを含むアダプターの治療有効量を、それを必要としている前記対象に投与するステップ、

ｃ．本発明1020の前記遺伝子改変細胞の治療有効量を、それを必要としている前記対象に投与するステップであって、前記対象が前記ＣＡＲおよび前記標的細胞上の第2のＡＤに結合できる第2のＡＤＢＤにより認識されるＡＤを含むステップ、
ｄ．前記ＣＡＲおよび前記標的細胞上の第2のＡＤに結合できる第2のＡＤＢＤにより認識されるＡＤを含むアダプターの治療有効量を、それを必要としている対象に投与するステップであって、前記対象が本発明1020の遺伝子改変細胞を投与されているステップを含む方法。
[本発明1023]
遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞であって、
ａ．（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に特異的に結合する第1の抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）；および
ｂ．前記遺伝子改変細胞上の第2のＡＤの発現を無くする遺伝子改変を含み、アダプターと組み合わせて使用される前記遺伝子改変細胞が、インビトロアッセイで前記第2のＡＤ発現細胞に対する免疫反応を誘導でき、前記アダプターが前記第1のＡＤおよび前記第2のＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含み、前記遺伝子改変細胞が前記第2のＡＤを発現しない、遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞。
[本発明1024]
遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞であって、
ａ．（ｉ）第1の抗原決定基（ＡＤ）に特異的に結合する第1の抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含む2つ以上のＡＤＢＤ、（ｉｉ）膜貫通ドメイン、および（ｉｉｉ）細胞内ドメインを含むキメラ抗原受容体（ＣＡＲ）；および
ｂ．前記遺伝子改変細胞上の第2のＡＤの発現を無くする遺伝子改変を含み、アダプターと組み合わせて使用される前記遺伝子改変細胞が、インビトロアッセイで前記第2のＡＤ発現細胞に対する免疫反応を誘導でき、前記アダプターが前記第1のＡＤおよび前記第2のＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含み、前記遺伝子改変細胞が前記第2のＡＤを発現しない、遺伝子改変ヒト免疫エフェクター細胞。
[本発明1025]
本発明1023または本発明1024の遺伝子改変細胞をアダプターおよび前記標的細胞に接触させることを含む標的細胞を死滅させるまたは標的細胞に免疫反応を伝達する方法であって、前記アダプターが前記第1のＡＤおよび前記第2のＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含み、前記第2のＡＤが前記標的細胞上で発現され、任意選択で、前記標的細胞が血液癌細胞である方法。
[本発明1026]
標的細胞に免疫反応を誘導する方法、対象の増殖性障害、癌、自己免疫疾患、感染症、または同種移植片拒絶を治療する方法、対象のリンパ球を枯渇させる方法、対象のメモリーＴ細胞を枯渇させる方法、対象の自己免疫疾患または障害を治療する方法、または対象の血液癌を治療する方法、または移植のために対象を前処置する方法であって、
ａ．本発明1023または本発明1024の遺伝子改変細胞の治療有効量を、それを必要としている前記対象に投与するステップ、
ｂ．本発明1023または本発明1024の遺伝子改変細胞の治療有効量および前記第1のＡＤおよび前記第2のＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含むアダプターの治療有効量を、それを必要としている前記対象に投与するステップであって、前記第2のＡＤが前記標的細胞上で発現されているステップ、
ｃ．本発明1023または本発明1024の遺伝子改変細胞の治療有効量を、それを必要としている前記対象に投与するステップであって、前記対象が前記第1のＡＤおよび前記第2のＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含むアダプターを投与されており、前記第2のＡＤが前記標的細胞上で発現されているステップ、または
ｄ．前記第1のＡＤおよび前記第2のＡＤに特異的に結合する第2のＡＤＢＤを含むアダプターの治療有効量を、それを必要としている対象に投与するステップであって、前記対

象が本発明1023または本発明1024の前記遺伝子改変を投与されており、前記第2のＡＤが前記標的細胞上で発現されているステップ、を含む方法。
[本発明1027]
（1）抗原決定基（ＡＤ）および（ｂ）1つまたは複数の抗原決定基結合ドメイン（ＡＤＢＤ）を含む単離アダプターポリペプチドであって、少なくとも1つのＡＤＢＤがヒトＣＤ45　ＡＤに特異的に結合し、本発明1017の遺伝子改変細胞の存在下で、アダプターとＣＤ45　ＡＤ発現標的細胞とを接触させることにより、インビトロアッセイにおいて前記標的細胞に対して前記遺伝子改変細胞による免疫反応を誘導できる、単離アダプターポリペプチド。

【手続補正３】
【補正対象書類名】明細書
【補正対象項目名】０６８６
【補正方法】変更
【補正の内容】
【０６８６】
実施例
実施例１．代表的ＤドメインおよびＡＤ

【表３】

表３．代表的Ｄドメイン

配列番号	Ｄドメイン配列	標的	ELISA_平均
44	MGSWYEFSWRLQAIHQRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRAYAAGIRGALQAYRHN	BCMA	9.4868
45	MGSWHEFTWRLIAIQQRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRAYAAGIRHHLQAYRHN	BCMA	17.125
46	MGSWREFAWRLVAINSRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRHYAASIRDGLQAYRHN	BCMA	9.66
47	MGSWHEFAWRLQAINQRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRHYAAHIRNGLQAYRHN	BCMA	13.14
48	MGSWNEFAWRLTAIEQRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRHYAAGIRDNLQAYRHN	BCMA	18.28
49	MGSWTEFAWRLQAIHQRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRVYAAKIRISLQAYRHN	BCMA	18.71
50	MGSWIEFAWRLQAIHQRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLREYAANIRDSLQAYRHN	BCMA	18.97
51	MGSWHEFTWRLVAIQQRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRKFAAKIRYELQAYRHN	BCMA	19.51
52	MGSWHEFTWRLIAIRERLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELREYAASIRNMLQAYRHN	BCMA	12.99
53	MGSWIEFSWRLEAIRQRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRSYAARIRQELQAYRHN	BCMA	9.92
54	MGSWVEFSWRLEAIRQRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRSYAARIRQELQAYRHN	BCMA	19.14
55	MGSWVEFSWRLEAIRQRLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRKYAARIRGELQAYRHN	BCMA	21.3
56	MGSWVEFAWRLTAIDQRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRFYAAKIRSHLQAYRHN	BCMA	8.43
57	MGSWVEFAWRLEAIKQRLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRLYAAKIRRVLQAYRHN	BCMA	8.9
58	MGSWVEFAWRLTAIHTRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRKYAAKIRKQLQAYRHN	BCMA	6.08
59	MGSWTEFAWRLEAINQRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG KPEVEALRAYAAKIRTRLQAYRHN	BCMA	15.148
60	MGSWSEFAWRLEAIHQRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRLFAAQIRENLQAYRHN	BCMA	18.04
61	MGSWNEFAWRLIAINQRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRHFAANIRNDLQAYRHN	BCMA	11.53
62	MGSWTEFAWRLIAIDQRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILRELAAEIRFHLQAYRHN	BCMA	8.55

63	MGSWSEFMNRLDAITYRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRHYAAQIRDSLQAYRHN	BCMA	12.9
64	MGSWTEFMERLDAISYRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRDYAAIIRNSLQAYRHN	BCMA	9.87
65	MGSWAEFMDRLDAITYRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRGYAAIIRSELQAYRHN	BCMA	10.83
66	MGSWIEFQERLDAIFYRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRDAAATIRRQLQAYRHN	BCMA	18.58
67	MGSWIEFQQRLDAIFYRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRDMAAIIRKQLQAYRHN	BCMA	20.02
68	MGSWYEFQSRLDAIFYRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREAAASIRTQLQAYRHN	BCMA	14.08
69	MGSWSEFIDRLDAITYRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRWYAGVIREQLQAYRHN	BCMA	10.18
70	MGSWSEFYDRLYAINQRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRWYAAFIRAQLQAYRHN	BCMA	5.98
71	MGSWYEFYDRLDAIVHRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRWYAAMIRVRLQAYRHN	BCMA	14.68
72	MGSWVEFQDRLEAITDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAAMIRVILQAYRHN	BCMA	8.8783
73	MGSWVEFQERLMAISDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRWQAAMIRYTLQAYRHN	BCMA	6.7
74	MGSWFEFQHRLEAISMRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRWQAAYIRVVLQAYRHN	BCMA	4.05
75	MGSWVEFQSRLEAIATRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRWQAAWIRMMLQAYRHN	BCMA	18.008
76	MGSWEEFQYRLGAIAARLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRWQAAMIRFMLQAYRHN	BCMA	3.11
77	MGSWYEFQVRLQAISWRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NHEVEELRIQAALIRVMLQAYRHN	BCMA	14.23
78	MGSWVEFRSRLEAISNRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRTTAALIRVYLQAYRHN	BCMA	3.04
79	MGSWVEFKARLEAISSRLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAALIRVYLQAYRHN	BCMA	8.7071
80	MGSWSEFYTRLEAINNRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYTAALIRIYLQAYRHN	BCMA	3.66
81	MGSWAEFYHRLDAISSRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYTAALIRIYLQAYRHN	BCMA	4.31
82	MGSWTEFASRLVAIRQRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAAIIRVMLQAYRHN	BCMA	7.99
83	MGSWSEFDQRLAAIYQRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAALIRVMLQAYRHN	BCMA	7.72

84	MGSWVEFHNRLSAISDRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAALIRVMLQAYRHN	BCMA	7.36
85	MGSWNEFEDRLSAISARLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAALIRVMLQAYRHN	BCMA	4.09
86	MGSWVEFEYRLVAIFDRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYQAALIRVMLQAYRHN	BCMA	7.63
87	MGSWVEFQGRLGAIHERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAALIRVFLQAYRHN	BCMA	3.8343
88	MGSWYEFSMRLSAIWERLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYQAALIRFYLQAYRHN	BCMA	7.12
89	MGSWTEFSQRLGAISERLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAALIRFMLQAYRHN	BCMA	4.15
90	MGSWTEFHDRLEAITHRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAALLRVFLQAYRHN	BCMA	5.79
91	MGSWTEFEHRLEAIAGRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAALIRFWLQAYRHN	BCMA	6.34
92	MGSWTEFANRLEAINARLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFSAALIRVYLQAYRHN	BCMA	6.42
93	MGSWEEFDRRLYAIARRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYQAALIRVWLQAYRHN	BCMA	8.85
94	MGSWIEFHQRLEAIVTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYQAALIRVFLQAYRHN	BCMA	8
95	MGSWSEFYDRLKAIADRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRTEAAIIRVYLQAYRHN	BCMA	8.215
96	MGSWWEFEDRLSAIMERLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYRAAIIRVYLQAYRHN	BCMA	10.39
97	MGSWVEFEERLAAIATRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRWRAAIIRVYLQAYRHN	BCMA	16.29
98	MGSWSEFRGRLQAIHSRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYSAAIIRIYLQAYRHN	BCMA	7.585
99	MGSWTEFRDRLGAIYHRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYQAAIIRVYLQAYRHN	BCMA	6.7
100	MGSWVEFYHRLEAIRYRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYVAAVIRYRLQAYRHN	BCMA	7.8
101	MGSWVEFYDRLEAIRYRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYIAAVIRYRLQAYRHN	BCMA	5.636
102	MGSWVEFYDRLAAIRKRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFRAALIRIWLQAYRHN	BCMA	9.76
103	MGSWEEFSERLEAISIRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRVSAAIIRVWLQAYRHN	BCMA	11.26
104	MGSWSEFSDRLHAISDRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRIQAAIIRVWLQAYRHN	BCMA	6.3725

105	MGSWIEFSHRLEAIVDRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRNTAAIIRVYLQAYRHN	BCMA	18.67
106	MGSWEEFSDRLEAILRRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRFAAAIIRVQLQAYRHN	BCMA	9.08
107	MGSWMEFSHRLDAIHERLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRFAAAIIRVQLQAYRHN	BCMA	6.3
108	MGSWSEFQQRLHAIRTRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFEAAIIRVMLQAYRHN	BCMA	11.615
109	MGSWYEFQNRLGAINRRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFEAAIIRVMLQAYRHN	BCMA	4.68
110	MGSWQEFTGRLHAIRHRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFEAAYIRVWLQAYRHN	BCMA	3.315
111	MGSWTEFDHRLGAIWERLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFHAAIIRIFLQAYRHN	BCMA	9.54
112	MGSWTEFHVRLSAIWDRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFHAAIIRIVLQAYRHN	BCMA	23.62
113	MGSWNEFDNRLQAIWDRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFHAAMIRITLQAYRHN	BCMA	9.87
114	MGSWTEFHERLQAIWFRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFRAAIIRLYLQAYRHN	BCMA	12.066
115	MGSWNEFSGRLTAIKDRLAALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRFRAAVIRLWLQAYRHN	BCMA	3.39
116	MGSWVEFDERLVAIWFRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRARAAYIRIWLQAYRHN	BCMA	8.96
117	MGSWSEFGQRLSAIWERLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRADAAFIRIWLQAYRHN	BCMA	14.01
118	MGSWYEFEDRLVAIWIRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYNAAFIRGALQAYRHN	BCMA	4.93
119	MGSWYEFGDRLSAIWERLAALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRTHAAEIRTILQAYRHN	BCMA	8.895
120	MGSWHEFYYRLEAIEQRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRFDAALIRIYLQAYRHN	BCMA	3.73
121	MGSWSEFEERLAAIGSRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRFDAALIRIYLQAYRHN	BCMA	4.85
122	MGSWLEFHYRLHAIQFRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRHIAALIRNQLQAYRHN	BCMA	12.749
123	MGSWQEFYNRLEAIHMRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEGLRSDAAPIRDVLQAYRHN	BCMA	6.47
124	MGSWNEFHHRLWAIFDRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRKMAAGIRGGLQAYRHN	BCMA	3.88
125	MGSWYEFHYRLKAINDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRYSAAMIRHKLQAYRHN	BCMA	6.04

126	MGSWTEFHQRLGAIHARLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFSAAFIRLKLQAYRHN	BCMA	8.87
127	MGSWFEFQYRLEAIFYRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG KPEVEELRVRAALIRHLLQAYRHN	BCMA	17.31
128	MGSWVEFHARLDAIYTRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRVLAAHIRISLQAYRHN	BCMA	3.8
129	MGSWVEFGTRLSAIYNRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRFEAAIIRIMLQAYRHN	BCMA	15.425
130	MGSWVEFTHRLDAIYIRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRHEAAVIREELQAYRHN	BCMA	13.917
131	MGSWVEFHGRLAAIYVRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRYHAAMIRRNLQAYRHN	BCMA	4
132	MGSWVEFDRRLVAIYIRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRDDAALIRLLLQAYRHN	BCMA	8.93
133	MGSWVEFDRRLVAIYIRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYDAATIRETLQAYRHN	BCMA	8
134	MGSWLEFDRRLTAIYLRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALREDAAMIRDMLQAYRHN	BCMA	9.82
135	MGSWIEFDRRLLAIHVRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRADAAKIRMELQAYRHN	BCMA	13.72
136	MGSWIEFDRRLIAIWIRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRSDAADIRQKLQAYRHN	BCMA	9.45
137	MGSWVEFDRRLIAIWVRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRSDAAMIREHLQAYRHN	BCMA	5.77
138	MGSWYEFHTRLIAIYVRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRGDAAKIRGYLQAYRHN	BCMA	4.06
139	MGSWSEFSTRLSAIYVRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRNKAASIRKTLQAYRHN	BCMA	5.35
140	MGSWVEFRYRLGAIYHRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRDRAATIRRLLQAYRHN	BCMA	10.81
141	MGSWNEFRNRLGAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRAHAAIIRSVLQAYRHN	BCMA	4.6967
142	MGSWHEFRNRLGAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRARAAMIRSVLQAYRHN	BCMA	3.4936
143	MGSWTEFYQRLEAINFRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRDKAALIRLMLQAYRHN	BCMA	6.955
144	MGSWNEFYNRLHAINLRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLREHAAIIRQALQAYRHN	BCMA	3.004
145	MGSWEEFYGRLSAIQDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRMHAAVIRRALQAYRHN	BCMA	3.28
146	MGSWGEFNLRLVAIHVRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRSQAANIRAQLQAYRHN	BCMA	12.81

147	MGSWGEFSDRLEAINERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRWQAAFIRANLQAYRHN	BCMA	4.26
148	MGSWMEFQGRLPAILARLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRDKAAYIRWMLQAYRHN	BCMA	8.32
149	MGSWMEFEGRLPAILARLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRDKAAYIRWMLQAYRHN	BCMA	3.93
150	MGSWFEFQNRLQAILFRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRDKAAYIRLMLQAYRHN	BCMA	5.3933
151	MGSWVEFDMRLQAILERLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRDSAAYIRLMLQAYRHN	BCMA	23.525
152	MGSWVEFNARLDAILFRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRDQAAYIRLMLQAYRHN	BCMA	13.52
153	MGSWMEFNVRLRAILDRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRDKAAYIRFMLQAYRHN	BCMA	15.59
154	MGSWIEFDTRLAAIVHRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRDKAAYIRYMLQAYRHN	BCMA	13.948
155	MGSWIEFDYRLKAILHRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEGLRDKAAYIRFLLQAYRHN	BCMA	11.877
156	MGSWYEFEDRLLAIKVRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRDQAAYIRFMLQAYRHN	BCMA	17.613
157	MGSWYEFQDRLSAITTRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRDKAAYIRFMLQAYRHN	BCMA	10.085
158	MGSWEEFDDRLNAIVYRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLRDQAAYIRLMLQAYRHN	BCMA	18.64
159	MGSWVEFEQRLHAIVVRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGGG NPEVENLRDQAAYIRFMLQAYRHN	BCMA	17.747
160	MGSWVEFEWRLEAIVVRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRDKAAYIRYMLQAYRHN	BCMA	14.95
161	MGSWYEFEHRLKAIVSRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRDKAAYIRYMLQAYRHN	BCMA	4.55
162	MGSWMEFKHRLAAITFRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRDKAAYIRLLLQAYRHN	BCMA	6.06
163	MGSWMEFEGRLHAIKRRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRDQAAYIRLLLQAYRHN	BCMA	7.335
164	MGSWSEFVFRLDTIKSRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRDQAAYIRLMLQAYRHN	BCMA	19.86
165	MGSWYEFDERLSAIKLRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRAQAAYIRAILQAYRHN	BCMA	16.94
166	MGSWMEFDERLWAIKKRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRHQAAYIRMLLQAYRHN	BCMA	9.526
167	MGSWHEFDGRLSAIKRRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRDQAAYIRYMLQAYRHN	BCMA	5.4

168	MGSWYEFDGRLQAIIARLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRFRAAYIRWILQAYRHN	BCMA	3.29
169	MGSWFEFDKRLYAIIHRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYKAAIIRLYLQAYRHN	BCMA	11.82
170	MGSWVEFDNRLYAIVDRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRQKAAYIRLILQAYRHN	BCMA	11.717
171	MGSWIEFHQRLNAIFNRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRHHAAYIREMLQAYRHN	BCMA	7.3417
172	MGSWNEFRLRLWAITERLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVECLRAEAAWIRTMLQAYRHN	BCMA	3.8718
173	MGSWYEFWLRLSAISYRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRKEAAEIRSWLQAYRHN	BCMA	14.465
174	MGSWYEFQLRLWAIHWRLIALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRMRAAEIRNELQAYRHN	BCMA	20.59
175	MGSWYEFAHRLEAIEWRLIALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRQYAAAIRNYLQAYRHN	BCMA	9.48
176	MGSWYEFDTRLGAIRNRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRFQAAYIRFLLQAYRHN	BCMA	13.934
177	MGSWYEFWVRLTAIRWRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREQAASIRWVLQAYRHN	BCMA	5.72
178	MGSWFEFDRRLKAIDRRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRMQAAIIRNYLQAYRHN	BCMA	6.1625
179	MGSWVEFWERLDAIDNRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRWHAAYIRGYLQAYRHN	BCMA	11.42
180	MGSWAEFWDRLDAIDSRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREWAAYIRGYLQAYRHN	BCMA	18.22
181	MGSWAEFDLRLRAIAKRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLRLDAAYIRGVLQAYRHN	BCMA	4.09
182	MGSWSEFWDRLYAIRIRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRSVAARIRNWLQAYRHN	BCMA	12.52
183	MGSWSEFWFRLGAIRNRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRDVAAHIRHWLQAYRHN	BCMA	14.93
184	MGSWSEFNDRLDAIRWRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQVAATIRYRLQAYRHN	BCMA	13.59
185	MGSWVEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAAAIRHYLQAYRHN	BCMA	5.22
186	MGSWAEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAAAIRHYLQAYRHN	BCMA	
187	MGSWTEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAAAIRHYLQAYRHN	BCMA	
188	MGSWVEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLKYTAAAIRHYLQAYRHN	BCMA	

189	MGSWVEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLQYTAAAIRHYLQAYRHN	BCMA	
190	MGSWVEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAAAIKHYLQAYRHN	BCMA	
191	MGSWAEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLQYTAAAIKHYLQAYRHN	BCMA	
192	MGSWTEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLQYTAAAIKHYLQAYRHN	BCMA	
193	MGSWVEFWDRLGAIRERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYVAAVIRHRLQAYRHN	BCMA	4.18
194	MGSWVEFWDRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRASAAAIRIALQAYRHN	BCMA	3.07
195	MGSWVEFWDRLGAIRDRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRNTAAYIRTFLQAYRHN	BCMA	16.034
196	MGSWSEFWVRLGAIRDRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRVTAAQIRHYLQAYRHN	BCMA	23.5
197	MGSWSEFWVRLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAATIRRFLQAYRHN	BCMA	7.5567
198	MGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAATIRRFLQAYRHN	BCMA	
199	MGSWSEFWVRLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAGTIRRFLQAYRHN	BCMA	
200	MGSWSEFWVRLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAATIKRFLQAYRHN	BCMA	
201	MGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHN	BCMA	
202	MGSWSEFWDRLTAIRVRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRYTAAHIRKFLQAYRHN	BCMA	16.14
203	MGSWTEFWTRLNAIYERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRFTAASIRMYLQAYRHN	BCMA	8.43
204	MGSWFEFWDRLAAIRDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRYVAAKIRVRLQAYRHN	BCMA	12.78
205	MGSWTEFWVRLNAIRDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRHTAAIIRNYLQAYRHN	BCMA	12.53
206	MGSWVEFWHRLGAIYDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRRTAALIRQTLQAYRHN	BCMA	19.904
207	MGSWVEFWNRLGAIYDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRHTAAVIRLYLQAYRHN	BCMA	14.55
208	MGSWSEFWERLEAIYDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRRTAATIRSFLQAYRHN	BCMA	18.78
209	MGSWEEFDNRLEAIFDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELREFAATIRITLQAYRHN	BCMA	3.93

210	MGSWMEFWDRLYAIEFRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRRVAATIRNELQAYRHN	BCMA	11.693
211	MGSWTEFWERLYAIEYRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRSVAATIRYELQAYRHN	BCMA	12.7
212	MGSWNEFWERLYAIELRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRMTAAYIRNELQAYRHN	BCMA	9.945
213	MGSWYEFWKRLYAIEYRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRKVAAKIREQLQAYRHN	BCMA	14.785
214	MGSWTEFWARLYAIEMRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRRVAALIREQLQAYRHN	BCMA	12.46
215	MGSWHEFWDRLYAIEFRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRQVAAKIRWHLQAYRHN	BCMA	7.3
216	MGSWDEFEFRLGALRWRLIALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFGAAHIRHILQAYRHN	BCMA	9.2
217	MGSWTEFYHRLYAIRERLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFGAAHIRHLLQAYRHN	BCMA	9.6275
218	MGSWVEFETRLDAIRMRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFGAAHIRALLQAYRHN	BCMA	14.072
219	MGSWGEFDVRLFAIRERLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRGYAAQIRSFLQAYRHN	BCMA	7.3533
220	MGSWVEFDERLSAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRLYAAQIRVFLQAYRHN	BCMA	5.61
221	MGSWSEFDGRLGAIWDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRDRAAQIREFLQAYRHN	BCMA	10.031
222	MGSWGEFEGRLHAIRSRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRGYAAWIRALLQAYRHN	BCMA	6.17
223	MGSWGEFNGRLGAIRERLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRAYAASIRAVLQAYRHN	BCMA	4.9533
224	MGSWWEFTFRLAAIEFRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRAIAAEIRKSLQAYRHN	BCMA	5.75
225	MGSWDEFQFRLAAIGFRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRRQAARIRHLLQAYRHN	BCMA	6.155
226	MGSWYEFVTRLHAIDHRLKALGGSEADLAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRFYAAGIRMNLQAYRHN	BCMA	4.12
227	MGSWSIEFWRLEAIKFRLIALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRVEAAAIRRVLQAYRHN	BCMA	8.43
228	MGSWGEFEHRLDPSTCVWLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRRGAAVIRHWLQAYRHN	BCMA	4.05
229	MGSWIEFAMRLEAIENRLTALGGSEAELAIFESMIAHFEELLQNYKGKG NPEVEALIHEAFAIHKELWAYRHN	BCMA	10.73
230	MGSWNEFYQRLEAIENRLQALGGSEAELAMFEVRIALFEDMLQGYKGKG NPEVEALKQEAIAILRELIAYRHN	BCMA	6.01

231	MGSWNEFYDRLRAIKKRLYALGGSEAELADFEEDIAQFEVDLQDYKGKG NPEVEALHREAHAITHELWAYRHN	BCMA	12.36
232	MGSWGEFKHRLALIKWYLEALGGSEAELAHFEDWIAVFEVQLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	17.09
233	MGSWYEFKHRLAIIKWYLEALGGSEAELAKFEAWIAEFEMILQRYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	5.505
234	MGSWYEFKHRLAIIKWYLEALGGSEAELAHFEQYIADFEGTLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	14.833
235	MGSWYNFKHRLAIIKWYLEALGGSEAELARFENFIANFETQLQLYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	6.7615
236	MGSWFQFKHRLAIIKWQLEALGGSEAELAWFEQWIADFEHQLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.39
237	MGSWYNFKHRLAIIKWFLEALGGSEAELAVFEVWIADFEHQLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	16.38
238	MGSWDAFKHRLALIKWYLEALGGSEAELAHFEEYIAEFESNLQSYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	12.98
239	MGSWDGFKHRLALIKWYLEALGGSEAELANFENWIAEFEQRLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	23.62
240	MGSWNGFKHRLAIIKWYLEALGGSEAELASFESYIAEFESGLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	16.53
241	MGSWNSFKHRLALIKWYLEALGGSEAELATFEWYIASFESELQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.34
242	MGSWSDFKYRLAVIKFYLEALGGSEAELASFESFIAHFEDDLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.04
243	MGSWSGFKYRLAVIKFYLEALGGSEAELASFELFIAKFEIDLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.066
244	MGSWYGFKYRLAVIKWYLEALGGSEAELASFEKYIAHFEHDLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	9.05
245	MGSWYGFKYRLAVIKWYLEALGGSEAELASFEKYIAQFEHDLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.6333
246	MGSWYGFKYRLALIKWYLEALGGSEAELASFETYIADFEDLLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.03
247	MGSWSTFKYHLAVIKWYLEALGGSEAELASFEDYIAQFETDLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	11.65
248	MGSWHEFKYRLALIKWYLEALGGSEAELATFEHHIAQFEWDLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	16.19
249	MGSWNMFKYRLAHIKWYLEALGGSEAELATFEAYIADFEVDLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	16.33
250	MGSWHGFKYRLAIIKWWLEALGGSEAELAFFEEWIASFERDLQIYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	6.025
251	MGSWHGFKYRLAVIKWYLEALGGSEAELAMFEGWIAQFEITLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	5.99

252	MGSWQGFKYRLAVIKWMLEALGGSEAELAFFENWIAEFETKLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.75
253	MGSWSGFKYRLAVIKWYLEALGGSEAELATFEEWIAEFETELQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.975
254	MGSWGYFKYRLAMIKWYLEALGGSEAELASFESWIAEFEGSLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.018
255	MGSWHAFKYKLAMIKWYLEALGGSEAELAHFEEWIAEFEALLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	11.63
256	MGSWQHFKYRLAIIKWYLEALGGSEAELAFFESFIAKFEHDLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	8.91
257	MGSWNDFKYRLAIIKYYLEALGGSEAELAHFESYIASFEHDLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	15.123
258	MGSWGAFKYRLAIIKFYLEALGGSEAELARFEEFIANFEHDLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	12.88
259	MGSWYNFKYRLAIIKFYLEALGGSEAELAQFEIWIAEFEHDLQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	19.91
260	MGSWEQFKYRLAIIKYMLEALGGSEAELAWFESWIANFESDLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	11.01
261	MGSWQQFKYRLAIIKYYLEALGGSEAELAGFETYIAKFEEVLQSYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	15.12
262	MGSWAGFKYRLAVIKYYLEALGGSEAELAHFEQWIAHFEGMLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	12.68
263	MGSWTAFKYRLAIIKFYLEALGGSEAELAHFESYIAHFEDMLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.43
264	MGSWAHFKYRLAIIKFWLEALGGSEAELANFEEYIAEFESTLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.12
265	MGSWANFKYRLALIKWHLEALGGSEAELASFEIWIADFEESLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	14.288
266	MGSWATFKYRLALIKWHLEALGGSEAELADFEEYIAGFEEGLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	15.07
267	MGSWTHFKYRLALIKWWLEALGGSEAELAGFEVHIADFEAQLQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.3669
268	MGSWNTFKYHLAVIKFMLEALGGSEAELAFFEQWIAEFEVTLQSYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.601
269	MGSWTQFKYHLAVIKWYLEALGGSEAELAGFEQWIAEFEKTLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	21.118
270	MGSWNQFKYRLAVIKFYLEALGGSEAELAHFETWIAAFEEQLQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	12.85
271	MGSWNEFKYHLAVIKFYLEALGGSEAELAHFETWIAEFEYELQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.68
272	MGSWVQFKYHLAVIKFYLEALGGSEAELAHFETWIAEFEVALQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	12.696

273	MGSWVDFKYHLAVIKFWLEALGGSEAELANFETWIANFEQELQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.22
274	MGSWVDFKYHLAVIKWYLEALGGSEAELADFENWIAHFESILQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.43
275	MGSWVEFKYHLAVIKFTLEALGGSEAELADFEEEIARFEMILQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	6.92
276	MGSWSHFKYHLALIKWYLEALGGSEAELAKFEFWIAEFEHNLQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.93
277	MGSWYHFKYHLALIKWYLEALGGSEAELAHFEHWIAEFEWTLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	8.85
278	MGSWQGFKYHLALIKFYLEALGGSEAELAHFEHWLAEFEHDLQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	21.2
279	MGSWLSFKHHLALIKWYLEALGGSEAELASFEAWIALFEHQLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	6.305
280	MGSWSEFKYKLALIKWYLEALGGSEAELAHFEGWIANFETTLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	11.288
281	MGSWIEFKYKLAIIKFYLEALGGSEAELAHFEHWIADFEFVLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	14.88
282	MGSWQNFKYHLAMIKWYLEALGGSEAELANFEEFIAQFEINLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	9.55
283	MGSWYNFKYHLAIIKWWLEALGGSEAELADFEHYIADFERNLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	8.6264
284	MGSWYQFKYHLAIIKWYLEALGGSEAELAGFENYIATFEQELQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	18.41
285	MGSWSHFKYHLAIIKFYLEALGGSEAELAGFEIWIAKFEDELQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	9.34
286	MGSWVGFKAHLAIIKWYLEALGGSEAELAGFEIFIADFEALLQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	9.71
287	MGSWVNFKYKLAIIKYMLEALGGSEAELAFFEDWIAEFERTLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.3895
288	MGSWSNFKYRLAVIKYMLEALGGSEAELAFFEDWIADFELHLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	9.34
289	MGSWTNFKYKLAVIKFMLEALGGSEAELAFFEDWIAGFEIDLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	11.408
290	MGSWTGFKYRLAIIKFMLEALGGSEAELAFFEQWIADFENELQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.89
291	MGSWHNFKYRLAIIKFMLEALGGSEAELAWFENWIADFEDSLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.59
292	MGSWFAFKHRLAVIKYMLEALGGSEAELAFFEHWIAQFEHDLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	11.985
293	MGSWYEFKHRLAVIKYMLEALGGSEAELAFFENWIAQFEHELQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	3.71

294	MGSWYKFKHKLAVIKYMLEALGGSEAELAWFEEWIAEFEVTLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	4.54
295	MGSWFYFKQKLAFIKWYLEALGGSEAELANFEIYIAEFEVMLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.23
296	MGSWFSFKHHLAVIKWNLEALGGSEAELASFEEQIAEFESVLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	6.45
297	MGSWGNFKYRLAIIKFHLEALGSSEAELATFEAWIANFESMLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	22.7
298	MGSWSYFKYGLAIIKIRLEALGGSEAELADFERWIAAFEHDLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.33
299	MGSWSYFKFGLAHIKLRLEALGGSEAELADFEQWIASFEEQLQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	18.354
300	MGSWSYFKWGLAHIKLRLEALGGSEAELADFEFWIAEFEGLLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	17.64
301	MGSWIYFKYGLAHIKTRLEALGGSEAELADFEQWIAEFEKMLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	21.12
302	MGSWGYFKYGLATIKHRLEALGGSEAELADFELWIAKFEEQLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	14.01
303	MGSWEYFKYGLATIKMHLEALGGSEAELADFEHWIAHFEHQLQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	18.403
304	MGSWSYFKYGLATIKEKLEALGGSEAELADFETWIAMFEKQLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	18.15
305	MGSWHYFKNGLAIIKEKLEALGGSEAELADFEIWIAMFEMELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	19.85
306	MGSWQYFKYGLAIIKIKLEALGGSEAELADFEAWIATFEKQLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.28
307	MGSWVYFKHGLAVIKMRLEALGGSEAELADFETWIAQFEMTLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	21.45
308	MGSWVYFKYGLAVIKEKLEALGGSEAELADFETWIAEFEFGLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	17.58
309	MGSWYYFKYGLAVIKGKLEALGGSEAELADFETWIAKFENHLQSYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	3.84
310	MGSWTYFKYGLALIKYRLEALGGSEAELADFEEWIAQFEVSLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	15.21
311	MGSWDYFKYGLALIKIKLEALGGSEAELADFEVWIAQFEMALQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	15.76
312	MGSWTYFKFGLAHIKDSLEALGGSEAELADFEQWIAMFEQDLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	17.01
313	MGSWGYFKHGLAHIKSSLEALGGSEAELADFEVWIAAFENELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	18.505
314	MGSWGYFKTGLAIIKAQLEALGGSEAELADFELWIAQFEETLQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	12.75

315	MGSWAYFKYGLAVIKLHLEALGGSEAELADFERYIAEFEYELQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.44
316	MGSWLDFKEGLADIKRSLEALGGSEAELADFEGVIALFEWKLQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	3.03
317	MGSWEVFKHELAVIKDYLEALGGSEAELAHFEWGIAWFEGFLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	9.33
318	MGSWIVFKQSLAWIKEHLEALGGSEAELAEFEFYIANFEHTLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.57
319	MGSWIYFKDSLAYIKKYLEALGGSEAELATFEYYIANFEHELQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	3.2
320	MGSWDHFKYNLAWIKKYLEALGGSEAELATFEWYIANFEKRLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	9.81
321	MGSWFTFKQNLAWIKLHLEALGGSEAELARFEYYIADFENKLQLYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	14.204
322	MGSWREFKYGLAHIKRVLEALGGSEAELAVFEYYIAKFEQELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	14.7
323	MGSWIQFKYGLAHIKRTLEALGGSEAELAVFEWYIADFEQQLQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	8.3567
324	MGSWVEFKHNLAWIKVTLEALGGSEAELAVFEYYIAQFEEQLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	15.83
325	MGSWISFKDNLAMIKEFLEALGGSEAELAVFEWYIATFEVELQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.16
326	MGSWHIFKDNLATIKAFLEALGGSEAELAVFEWYIAKFEEELQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	3.47
327	MGSWTSFKHGLAGIKRVLEALGGSEAELATFEWYIAQFERHLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	9.765
328	MGSWQSFKHALADIKINLEALGGSEAELAQFEYAIAVFEYRLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	13.719
329	MGSWHTFKEALAQIKGELEALGGSEAELASFEYAIAVFEYRLQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	6.76
330	MGSWTDFKTSLADIKAELEALGGSEAELAKFEYYIAIFEYRLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	18.76
331	MGSWTNFKEGLAEIKRDLEALGGSEAELARFEYVIAVFEFRLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	12.327
332	MGSWHTFKDGLAEIKSELEALGGSEAELAMFEYVIAIFEYRLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.65
333	MGSWQFFKEHLASIKFWLEALGGSEAELAFFEDAIADFEYHLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.58
334	MGSWTYFKEHLASIKFWLEALGGSEAELAFFEDAIAEFEKDLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	6.5951
335	MGSWIIFKGYLAHIKHHLEALGGSEAELADFEFYIAIFEMELQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	5.18

336	MGSWYLFQSHLAHIKHHLEALGGSEAELAWFEFTIAGFEQELQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	7.69
337	MGSWYSFKWTLARIKLELEALGGSEAELAYFENVIAHFEMELQSYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	4.05
338	MGSWTTLKWRLAHIKQHLEALGGSEAELALFEYDIAHFEELLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	17.82
339	MGSWYGFKWYLATIKKHLEALGGSEAELALFETEIATFELWLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	BCMA	10.65
340	MGSWIEFNMRVLAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRYEACLDPWSSAAYRHN	CD123	3.2
341	MGSWIEFHERLWAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREMAASIRHGLQAYRHN	CD123	3.4
342	MGSWFEFYERLWAIDDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREEAASIRSSLQAYRHN	CD123	6
343	MGSWFEFWDRLEAIDDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRYNAAEIRKELQAYRHN	CD123	4.9
344	MGSWHEFWSRLDAIDDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRGAAADIRAELQAYRHN	CD123	3.8
345	MGSWYEFWIRLEAIDDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVDILRDFAADIRTELQAYRHN	CD123	10.4
346	MGSWHEFWDRLEAIDDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREEAAYIRELLQAYRHN	CD123	10.6
347	MGSWEEFWDRLFAIDDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRNEAAEIRMALQAYRHN	CD123	3.1
348	MGSWWEFDDRLFAIDTRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREWAATIRMELQAYRHN	CD123	3.5
349	MGSWTEFHDRLEAIDDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREEAAQIRWELQAYRHN	CD123	5.8
350	MGSWAEFEDRLWAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREEAAAIRFELQAYRHN	CD123	6.2
351	MGSWVEFWFRLEAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREEAAAIREDLQAYRHN	CD123	3.2
352	MGSWVEFWQRLEAIESRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREEAAEIRWELQAYRHN	CD123	7.7
353	MGSWSEFWQRLEAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRENAAMIRDELQAYRHN	CD123	4.7
354	MGSWSEFITRLEAIDDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILREEAAEIRQHLQAYRHN	CD123	3.3
355	MGSWYEFETRLEAIYDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRVEAAEIREDLQAYRHN	CD123	3.2
356	MGSWTEFYYRLEAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRVEAANIRDMLQAYRHN	CD123	7.5

357	MGSWYEFVIRLEAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRWYAADIRHELQAYRHN	CD123	6.4
358	MGSWTEFSIRLEAIYDRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRTYAANIRHELQAYRHN	CD123	11.9
359	MGSWTEFSIRLEAIYDRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRTYAAFIRHELQAYRHN	CD123	10.2
360	MGSWTEFVWRLEAIWDRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLREDAAVIRHFLQAYRHN	CD123	3.6
361	MGSWVEFHERLEAIEDRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREDAAFIRQLLQAYRHN	CD123	3.7
362	MGSWVEFHDRLEAIEDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREDAAYIRSILQAYRHN	CD123	4.6
363	MGSWIEFYDRLEAIYDRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREDAAFIRSWLQAYRHN	CD123	7.5
364	MGSWVEFDQRLEAIYDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREDAAQIRKWLQAYRHN	CD123	5.1
365	MGSWVEFHDRLEAIEDRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLREYAAGIRWFLQAYRHN	CD123	3.3
366	MGSWEEFAQRLYAIEWRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRYVAAQIRYHLQAYRHN	CD123	16.9
367	MGSWDEFAWRLDVIFARLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRKNAAQIRDGLQAYRHN	CD123	4.6
368	MGSWDEFYYRLEAIEMRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRHYAAQIRHMLQAYRHN	CD123	7.2
369	MGSWEEFYDRLEAIYNRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLREYAADIREMLQAYRHN	CD123	18.6
370	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRKEAAVIRENLQAYRHN	CD123	
371	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGTEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRKEAAVIRENLQAYRHN	CD123	
372	MGSWDEFGRRLYAIETQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
373	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
374	MGSWDEFGRRLYAIKWQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
375	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRKIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
376	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGGEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
377	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGTEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	

378	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGGEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHN	CD123	
379	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGTEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHN	CD123	
380	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHN	CD123	
381	MGSWDEFGRRLAAIEWQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
382	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
383	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREEAAVIRENLQAYRHN	CD123	
384	MGSWDEFGRRLYAIEWRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG SPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHN	CD123	
385	MGSWDEFGRRLYAIEWRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHN	CD123	5.8
386	MGSWDEFGRRLYAIEWRLYALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHN	CD123	
387	MGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHN	CD123	
388	MGSWDEFSRRLYAIEWRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHN	CD123	
389	MGSWDEFGRRLYAIEWRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
390	MGSWDEFGRRLAAIKTQLAALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
391	MGSWDEFGRRLAAIKTQLAALGGTEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHN	CD123	
392	MGSWDEFGRRLAAIKTQLAALGGEEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRKEAAVIRENLQAYRHN	CD123	
393	MGSWDEFGRRLAAIKTQLAALGGTEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRKEAAVIRENLQAYRHN	CD123	
394	MGSWDEFEQRLIAIEERLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREEAAVIRKYLQAYRHN	CD123	5.9
395	MGSWVEFDQRLGAIWDRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRQGAAVIRDDLQAYRHN	CD123	5.3
396	MGSWVEFDMRLSAIWERLIALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREDAAEIREFLQAYRHN	CD123	3.3
397	MGSWVEFDQRLDAIYERLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDEAAEIREHLQAYRHN	CD123	10.5
398	MGSWHEFDQRLWAIEERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRLYAALIRHDLQAYRHN	CD123	3.3

399	MGSWVEFWDRLDAIEGRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRWLAAEIRADLQAYRHN	CD123	3.5
400	MGSWVEFYSRLDAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRIAAASIREDLQAYRHN	CD123	9.4
401	MGSWYEFYERLDAIEERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRDWAAWIREDLQAYRHN	CD123	8.4
402	MGSWFEFDDRLWAIENRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRDNAAWIREILQAYRHN	CD123	4.2
403	MGSWYEFWDRLDALEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRDSAAFIREELQAYRHN	CD123	9.7
404	MGSWMEFVDRLDAIESRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRIEAAFIREELQAYRHN	CD123	5.8
405	MGSWDEFVDRLWAIEERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRIQAAIIREALQAYRHN	CD123	6
406	MGSWFEFNYRLGAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLRQIAAEIREFLQAYRHN	CD123	6.9
407	MGSWEEFFTRLDAINERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLRYEAAEIRHMLQAYRHN	CD123	3.9
408	MGSWYEFSNRLDAIGERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILRHQAAEIRWFLQAYRHN	CD123	3.9
409	MGSWYEFWGRLDAIEERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGRG NPEVEMLREDAAEIRGQLQAYRHN	CD123	5.4
410	MGSWVEFWDRLWAIDYRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRDEAAWIREELQAYRHN	CD123	3.6
411	MGSWVEFVDRLWAIDERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRTWAAWIREDLQAYRHN	CD123	3.2
412	MGSWFEFWDRLEAIWERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRREAAIIREDLQAYRHN	CD123	10.3
413	MGSWFEFEDRLEAIYQRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDEAAWIRSDLQAYRHN	CD123	5.5
414	MGSWFEFHDRLWAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILREEAADIRLDLQAYRHN	CD123	3.5
415	MGSWYEFEDRLWAIDNRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRVHAADIRDDLQAYRHN	CD123	4.9
416	MGSWFEFQDRLWAIDNRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRDHAAMIRWELQAYRHN	CD123	3.2
417	MGSWDEFEERLFAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRYLAADIREELQAYRHN	CD123	5
418	MGSWEEFWERLDAIDTRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRNDAADIREPLQAYRHN	CD123	6.8
419	MGSWMEFWERLEAIDMRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRDDAAVIRDDLQAYRHN	CD123	4.2

420	MGSWLEFMWRLDAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLREMAAAIRDDLQAYRHN	CD123	5.1
421	MGSWTEFYNRLDAIDQRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLREYAADIRTDLQAYRHN	CD123	3.3
422	MGSWWEFIWRLEAIEQRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRSRAADIRTDLQAYRHN	CD123	4
423	MGSWSEFYDRLWAIEERLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRYYAAEIREELQAYRHN	CD123	17
424	MGSWSEFEDRLWAIDQRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRAYAADIRWELQAYRHN	CD123	4.2
425	MGSWTEFWERLNAIDERLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRLYAAEIRSELQAYRHN	CD123	4
426	MGSWWEFEERLWAIDYRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLRSWAAEIRALLQAYRHN	CD123	4.1
427	MGSWWEFENRLWAIEERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLRNYAAEIRWELQAYRHN	CD123	5.6
428	MGSWVEFEERLWAIDERLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDWAADIRWWLQAYRHN	CD123	4.1
429	MGSWVEFEERLEAIEERLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDDAANIRHWLQAYRHN	CD123	3.8
430	MGSWMEFEERLWAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRSEAAWIRMELQAYRHN	CD123	3.2
431	MGSWSEFEHRLEAIESRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRSEAAWIREQLQAYRHN	CD123	7.6
432	MGSWFEFWERLDAIEWRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRSTAADIRRYLQAYRHN	CD123	3.4
433	MGSWFEFWGRLEAIESRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELREHAAWIRAYLQAYRHN	CD123	4.9
434	MGSWQEFTMRLDAIYNRLETLGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQSAANIRSELQAYRHN	CD123	13.7
435	MGSWSEFNMRLDAIYERLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRHSAARIRLELQAYRHN	CD123	13.7
436	MGSWSEFNMRLDAIYERLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRHSAALIRLELQAYRHN	CD123	11.4
437	MGSWIEFNMRLDAIYERLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRKVAANIRLELQAYRHN	CD123	11.4
438	MGSWYEFHHRLDAIYERLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRSSAANIRKELQAYRHN	CD123	11.9
439	MGSWYEFAKRLDAIYERLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRSSAANIREELQAYRHN	CD123	15.3
440	MGSWTEFYVRLDAIYERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRMVAANIRTELQAYRHN	CD123	16

441	MGSWVEFYTRLDAIYGRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQVAANIRMELQAYRHN	CD123	14.4
442	MGSWVEFHMRLDAIYERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRTAAANIRVELQAYRHN	CD123	9.1
443	MGSWYEFAIRLDAIYERLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRVWAANIRTELQAYRHN	CD123	25.5
444	MGSWNEFVIRLDAIYERLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRMAAANIRMELQAYRHN	CD123	16.6
445	MGSWSEFYVRVDAIYARLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRVWAANIRHELQAYRHN	CD123	14.7
446	MGSWSEFHVRLDAIYARLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVERLREWAANIRRELQAYRHN	CD123	14.4
447	MGSWVEFHLRLDAIYGRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRVWAANIRNELQAYRHN	CD123	17.5
448	MGSWVEFEMRLDAIVGRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRRWAANIRSELQAYRHN	CD123	25.3
449	MGSWVEFNIRLDAIYERLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRHWAASIRRELQAYRHN	CD123	13.4
450	MGSWHEFGVRLDAIYDRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRQAAANIRSELQAYRHN	CD123	15.6
451	MGSWTEFNLRLDAIYDRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRASAAAIRVELQAYRHN	CD123	14.4
452	MGSWTEFNLRLDAIYGRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRAAAANIRVELQAYRHN	CD123	19.3
453	MGSWVEFNWRLDAIYDRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRVSAAKIRGELQAYRHN	CD123	9.3
454	MGSWNEFAWRLDAIYSRLAALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRVAAANIRYELQAYRHN	CD123	17.7
455	MGSWTEFAWRLDAIYDRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRHVAANIRRELQAYRHN	CD123	16.1
456	MGSWVEFSIRLDAIYTRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLRKGAANIRKELQAYRHN	CD123	15.1
457	MGSWVEFYIRLDAIYVRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRSYAANIRQELQAYRHN	CD123	16.1
458	MGSWYEFSMRLDAIYDRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEQLRGYAANIRNELQAYRHN	CD123	13
459	MGSWVEFIYRLDAIYDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRRYAANIRNELQAYRHN	CD123	17
460	MGSWIEFEVRLDAIYNRLAALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVERLRRYAANIRHELQAYRHN	CD123	20.8
461	MGSWFEFYDRLDAIYMRLIALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRRYAANIRAELQAYRHN	CD123	13.6

462	MGSWFEFYMRLDAIYDRLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVERLRTFAANIRKELQAYRHN	CD123	13.1
463	MGSWYEFDYRLDAIYDRLAALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVERLRKWAANIREELQAYRHN	CD123	24.9
464	MGSWSEFYLRLDAIYDRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRKTAANIREELQAYRHN	CD123	15.7
465	MGSWFEFYERLDAINWRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRGEAAAIREDLQAYRHN	CD123	3
466	MGSWNEFEDRLDAIWWRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRVEAAFIRTMLQAYRHN	CD123	5.1
467	MGSWFYFKDDLADINYMLEALGGSEAELAMFEDDIAGFELTLLKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.7
468	MGSWHFFKDDLAWIKNELEALGGSEAELAMFEDDIAMFETMLQSYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.2
469	MGSWHWFKTDLADIKEELEALGGSEAELAMFEDDIAEFEEFLQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.5
470	MGSWWLFKDDLAEIKYWLEALGGSEAELAFFEDDIAEFERGLQIYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.3
471	MGSWYEFKDDLAEIKEWLEALGGSEAELAFFELDIADFEWLLQLYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.8
472	MGSWQWFKDDLAYIKETLEALGGSEAELALFEDMIADFEFELQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	6.3
473	MGSWILFKDDLAWIKETLEALGGSEAELAFFEDNIADFEEQLQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	6
474	MGSWIVFKDDLADIKRWLEALGGSEAELAMFEDEIADFEWQLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.9
475	MGSWGHFKQDLAWIKDTLEALGGSEAELAFFEDDIAMFEMELQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.9
476	MGSWGYFKDDLAWIKGELEALGGSEAELAEFEWFIAVFEEDLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.5
477	MGSWYWFKDDLAEIKGLLEALGGSEAELAEFEDEIAVFEQELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	10.4
478	MGSWMFFKEDLADIKWALEALGGSEAELAFFEEEIALFEQHLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.2
479	MGSWTFFKEDLAGIKWELEALGGSEAELAWFEDEIALFEEELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	7
480	MGSWVFFKDDLADIKDELEALGGSEAELAFFEIAIALFEWELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	8.8
481	MGSWTFFKNDLAEIKDWLEALGGSEAELADFEWDIAEFEYSLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.9
482	MGSWTYFKDDLADIKQWLEALGGSEAELAFFEIEIAEFEEELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.6

483	MGSWTVFKYDLADIKWWLEALGGSEAELADFEEEIAEFEEELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.9
484	MGSWYWFKQDLAHIKSMLEALGGSEAELAWFEEDIADFESELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.3
485	MGSWTFFKWDLADIKANLEALGGSEAELAWFEEDLAGFEAELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.8
486	MGSWSFFKEELANIQVYLEALGGSEAELAWFEEDIADFEEDLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.8
487	MGSWEFFKYELADIKDELEALGGSEAELAWFEEDIATFEEWLQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.4
488	MGSWQTFKDELAHIKWELEALGGSEAELAWFEWDIANFEEELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.5
489	MGSWYWFKEELAFIKWELEALGGSEAELALFEEDIAYFEEMLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	9.4
490	MGSWNSFKDELAEIKAELEALGGSEAELAFFEEDIAWFEEHLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.3
491	MGSWDLFKWELAEIKLGLEALGGSEAELAEFEYDIAWFEEDLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.4
492	MGSWIFFKQDLAEIKLNLEALGGSEAELAWFEDDIAWFESHLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.8
493	MGSWHLFKWTLAEIKYELEALGGSEAELAWFEDDIATFEEELQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4
494	MGSWVTFKDELADIKDFLEALGGSEAELAFFEVDIAEFEAELQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	7.6
495	MGSWVYFKDELADIKDFLEALGGSEAELAEFEEDIATFEYDLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.6
496	MGSWETFKYELAEIKDYLEALGGSEAELAWFEDDIAEFEFELQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.4
497	MGSWNTFKYELAEIKHFLEALGGSEAELAMFEDDIAMFEWELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5
498	MGSWYVFKDELAEIKQFLEALGGSEAELAWFEDDIAEFETQLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	9.9
499	MGSWIFFKEQLAIIKWELEALGGSEAELAWFEDDIAAFEDDLQFYKGQG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	15
500	MGSWEFFKEVLAEIKYDLEALGGSEAELAWFETDIAGFEIDLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	8.2
501	MGSWVFFKEDLATIKNDLEALGGSEAELAWFEMMIADFEADLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.1
502	MGSWEEFKEDLAEIKVWLEALGGSEAELAWFEMGIADFEDGLQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.3
503	MGSWHWFKEDLANIKDWLEALGGSEAELAWFEDNIADFEGDLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.3

504	MGSWFWFKEDLAFIKEDLEALGGSEAELAWFEDGIAFFEWDLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	13.7
505	MGSWQWFKEDLAEIKHDLEALGGSEAELAWFEDFIAQFEFDLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.8
506	MGSWHWFKEDLAIIKQDLEALGGSEAELATFEQWIAEFEWDLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.5
507	MGSWNWFKEDLAIIKMDLEALGGSEAELAWFEHNIAGFEFELQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.1
508	MGSWSWFKEDLAEIKMELEALGGSEAELAYFEWYIAEFEFQLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.8
509	MGSWSWFKQDLADIKIQLEALGGSEAELAWFEWDIAEFEFELQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4
510	MGSWSWFKEDLADIKFELEALGGSEAELAWFELDIADFEQALQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	6.8
511	MGSWSWFKEDLASIKAVLEALGGSEAELAFFESDIAEFEQELQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	6.9
512	MGSWWEFKEDLAEIKWFLEALGGSEAELAWFEHDIAKFEFELQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.1
513	MGSWEWFKSDLASIKWELEALGGSEAELAWFEHDIAEFEEDLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.7
514	MGSWNEFKDDLAMIKMTLEALGGSEAELAWFEHDIAEFEDDLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.5
515	MGSWTFFKDDLAEIKWMLEALGGSEAELAWFESDIAYFEDELQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.3
516	MGSWSDFKDDLAEIKMILEALGGSEAELAYFENDIAWFEDDLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.7
517	MGSWSMFKDDLAEIKASLEALGGSEAELAWFEDDIAWFEDDLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.2
518	MGSWQYFKDDLAEIKMVLEALGGSEAELAWFEADIAMFEDDLQIYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.6
519	MGSWSFFKDDLAEIKYFLEALGGSEAELAMFEQTIAEFEYDLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	10.1
520	MGSWMEFKEELAEIKYILEALGGSEAELAWFEQSIADFEYDLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5
521	MGSWAWFKEDLAEIKVFLEALGGSEAELAEFEVSIADFEYELQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.5
522	MGSWYEFKFDLAEIKEQLEALGGSEAELALFEDDIAFFEYDLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.6
523	MGSWYDFKYDLAEIKMDLEALGGSEAELAQFEFDIAFFEEELQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.2
524	MGSWYIFKEDLAEIKEELEALGGSEAELAYFEEEIALFEMELQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	11.1

525	MGSWVLFKEELAYIKFELEALGGSEAELALFENVIAIFESNLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.5
526	MGSWQDFKEDLAWIKYELEALGGSEAELAFFEYDIAIFENNLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.2
527	MGSWDHFKNDLAWIKKHLEALGGSEAELAEFEAVIAYFELYLQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.3
528	MGSWYDFKEDLADIKWMLEALGGSEAELAEFENVIAYFENDLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	8
529	MGSWYMFKEELADIKWYLEALGGSEAELAWFEDDIAGFEWDLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	7
530	MGSWYYFKDELADIKWDLEALGGSEAELAWFEMLIAQFELDLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4
531	MGSWMYFKDTLADIKWYLEALGGSEAELAFFEDWIAEFEDDLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.1
532	MGSWYQFKHDLADIKYGLEALGGSEAELAWFEDDIADFELDLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.7
533	MGSWYVFKDDLADIKYMLEALGGSEAELAWFEWEIANFEFDLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.8
534	MGSWNFFKYDLADIMAYLEALGGSEAELAFFEDEIANFEHDLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.4
535	MGSWHWFKIVLADIKDGLEALGGSEAELAYFETTIADFEMDLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.3
536	MGSWHWFKIVLADIKDGLEALGGSEAELAYFETTIADFEMDLHHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.5
537	MGSWFMFKEELADIKDWLEALGGSEAELASFESYIAWFEQDLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.7
538	MGSWFMFKQELAWIKEDLEALGGSEAELADFEWDIAEFEWDLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	7.2
539	MGSWQIFKGELAYIKQYLEALGGSEAELAFFEFDIAEFEEDLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.7
540	MGSWDFFKEELAEIKHYLEALGGSEAELAFFEFWIADFEQDLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.7
541	MGSWFNFKEELAVIKFQLEALGGSEAELAFFEWVIADFEDDLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	6.1
542	MGSWYQFKTELAWIKDDLEALGGSEAELAWFEWVIADFEDDLQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	6.6
543	MGSWFEFKDYLADIKWDLEALGGSEAELAIFEHDIAYFEHNLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.8
544	MGSWVRFKDFLADIKMDLEALGGSEAELADFEYHIAEFEHNLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.8
545	MGSWWLFKEQLALIKYNLEALGGSEAELADFESWIAEFEHQLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.1

546	MGSWHVFKTELADIKFYLEALGGSEAELAMFELWIAEFEHELQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.4
547	MGSWIWFKDWLADIKDLLEALGGSEAELAEFEYDIALFEDQLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	7.3
548	MGSWGWFKHELAFIKADLEALGGSEAELAWFEEEIAEFEYELQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.3
549	MGSWTWFKDNLAWIKEDLEALGGSEAELAWFELEIASFETALQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	6.9
550	MGSWTYFKNDLAGIKEDLEALGGSEAELAQFEFEIAEFEWLLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.6
551	MGSWTWFKWDLADIKGDLEALGGSEAELAFFEEEIAEFEWRLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.9
552	MGSWLYFKEYLADIKSDLEALGGSEAELAWFEYEIADFEEQLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.7
553	MGSWHWFKEELAEIKEDLVALGGSEAELAWFEYDIAMFELSLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.1
554	MGSWNDFKEELAWIKFDLEALGGSEAELAWFEEDIAMFEQQLQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.8
555	MGSWWDFKDWLAEIKHDLEALGGSEAELALFESEIADFEFGLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.2
556	MGSWDEFKEDLAHIKTDLEALGGSEAELALFEDEIADFEMYLQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	6.3
557	MGSWDFFKYDLANINEWLEALGGSEAELADFEYGIADFELWLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.5
558	MGSWYQFKDDLAHIKHLLEALGGSEAELAVFEYIIADFESFLQIYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4
559	MGSWAEFKHDLADIKRELEALGGSEAELAWFELSIAFFEDELQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.3
560	MGSWVVFKQDLADINHQLEALGGSEAELAWFEWEIADFEWELQHYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.6
561	MGSWFQFKEFLAMITHNLEALGGSEAELAEFEHDIALFESELQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	3.1
562	MGSWHWFKEDLAMITDVLEALGGSEAELAAFESEIAVFEADLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	5.2
563	MGSWSWFQWDLAGIKDHLEALGGSEAELAEFESEIAYFEDELQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	12.9
564	MGSWTEFKGELAEIKWILEALGGSEAELAFFEDEIAAFEWDLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	8.2
565	MGSWFEFKWTLALIKQELEALGGSEAELADFEQEIAEFEWWLQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD123	4.9
566	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFMDEIMAFEWELWAYKGKG NPEVEALMNEAFAIDVELYAYRHN	CD123	3.4

567	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEWEIVAFFSELFAYKGKG NPEVEALRDEAIAIETELVAYRHN	CD123	3.6
568	MGSWWEFDHRLTAIDTRLQALGGSEAELAEFESSIAEFEWWLQDYKGKG NPEVEALFAEAEAIYVELDAYRHN	CD123	4.3
569	MGSWWEFQFRLYAIDQRLLALGGSEAELAEFEQDIADFEWMLQDYKGKG NPEVEALMLEADAIEAELKAYRHN	CD123	3.1
570	MGSWYEFDHRLDAIYQRLWALGGSEAELAEFEYGIAEFEEYLQDYKGKG NPEVEALISEAWAIEWELSAYRHN	CD123	4.6
571	MGSWYEFDMRLDAIWERLTALGGSEAELADFEQYIAEFERQLQDYKGKG NPEVEALFDEAWAIEDELYAYRHN	CD123	13.7
572	MGSWSEFDSRLDAIAYRLFALGGSEAELAQFEWIIADFEEDLQMYKGKG NPEVEALFSEAYAIEIELNAYRHN	CD123	4.3
573	MGSWYEFDDRLDAIAYRLNALGGSEAELAWFEWEIAEFELDLQWYKGKG NPEVEALVWEADAIEWELEAYRHN	CD123	4.6
574	MGSWFEFDERLDAIGSRLTALGGSEAELASFEFYIADFEEWLQQYKGKG NPEVEALEWEAFAIDEELGAYRHN	CD123	3.8
575	MGSWEEFDQRLDAIDVRLYALGGSEAELAEFEFDIAAFEEWLQLYKGKG NPEVEALNMEAFAITDELCAYRHN	CD123	3.6
576	MGSWEEFDVRLDAIFNRLWALGGSEAELAEFEFDIAWFEMDLQEYKGKG NPEVEALFDEAEAITNELVAYRHN	CD123	4.7
577	MGSWEEFDKRLDAITRRLMALGGSEAELAEFESTIAWFEWDLQEYKGKG NPEVEALDWEAYAIDYELGAYRHN	CD123	4.5
578	MGSWYEFDHRLEAIYDRLWALGGSEAELAFFEFDIADFEWDLQSYKGKG NPEVEALFDEAAAIGHELLAYRHN	CD123	4.5
579	MGSWNEFDDRLLAIWGRLDALGGSEAELAFFEEQIAGFEDELQWYKGKG NPEVEALDQEAEAIEKELWAYRHN	CD123	4.1
580	MGSWVEFDDRLDAIWERLDALGGSEAELAWFEEQIAVFEHQLQDYKGKG NPEVEALNQEAEAIDLELKAYRHN	CD123	5
581	MGSWTEFDDRLFAIYWRLDALGGSEAELAWFEEVIAEFENDLQVYKGKG NPEVEALDDEAHAISIELEAYRHN	CD123	6.4
582	MGSWSEFDQRLEAIWNRLDALGGSEAELADFEREIAYFENQLQWYKGKG NPEVEALNNEAFAIVDELGAYRHN	CD123	3.4
583	MGSWYEFDERLWAIWERLDALGGSEAELAHFEWVIADFENDLQWYKGKG NPEVEALEFEAEAIVTELHAYRHN	CD123	3.6
584	MGSWMEFDYRLEAIWMRLIALGGSEAELADFESSIADFEHHLQSYKGKG NPEVEALEWEAFAIGVELDAYRHN	CD123	3.1
585	MGSWYEFESRLEAIWWRLEALGGSEAELAQFEQYIADFEQHLQWYKGKG NPEVEALDWEADAIWLELQAYRHN	CD123	4.4
586	MGSWEEFYMRLVAIHMRLRALGGSEAELAVFENYIAEFEEYLQYYKGKG NPEVEALTIEADAIGTELGAYRHN	CD123	4.4
587	MGSWDEFYYRLVAITHRLHALGGSEAELAWFEDDIAGFEWDLQTYKGKG NPEVEALYKEAGAIGMELTAYRHN	CD123	5.4

588	MGSWEEFDTRLLAIFGRLGALGGSEAELALFEMLIAKFEDDLQNYKGKG NPEVEALSEEAFAIDHELGAYRHN	CD123	6.7
589	MGSWREFDQRLWAIDWRLEALGGSEAELAMFEWMIATFEDDLQWYKGKG NPEVEALYREAFAIDWELDAYRHN	CD123	3.4
590	MGSWEEFHERLDAIDERLEALGGSEAELAFFEDDIASFEDWLQWYKGKG NPEVEALSREADAINFELEAYRHN	CD123	4.3
591	MGSWNEFYERLEAIDRRLFALGGSEAELALFEWMIADFEDDLQMYKGKG NPEVEALINEAGAIGFELEAYRHN	CD123	5.2
592	MGSWTEFTQRLEAIVDRLFALGGSEAELAEFENSIADFEWDLQWYKGKG NPEVEALNREAVAIDNELWAYRHN	CD123	3.9
593	MGSWVEFIMRLDAIYERLDALGGSEAELAEFEWHIADFEDHLQWYKGKG NPEVEALFEEADAIWEELWAYRHN	CD123	6.4
594	MGSWNEFLLRLDAIEHRLFALGGSEAELAEFEWEIADFEDDLQWYKGKG NPEVEALVEEAEAIDVELVAYRHN	CD123	3.2
595	MGSWYEFNMRLGAIDDRLQALGGSEAELAWFEDMIAIFEDDLQIYKGKG NPEVEALEQEAAAIHQELWAYRHN	CD123	3.8
596	MGSWEEFHWRLGAIDARLEALGGSEAELAWFEDGIADFEAILQDYKGKG NPEVEALDSEAVAIHHELWAYRHN	CD123	3.3
597	MGSWYEFYERLWAIDDRLWALGGSEAELAEFEDSIATFEPSLQMYKGKG NPEVEALVAEAWAIFDELAAYRHN	CD123	3.6
598	MGSWFEFDQRLDAITFRLWALGGSEAELAEFEDVIALFEYHLQDYKGKG NPEVEALEVEAWAIFHELGAYRHN	CD123	3.2
599	MGSWSEFWFRLDAIEDRLWALGGSEAELAEFEDNIALFEYSLQHYKGKG NPEVEALVKEANAIDDELGAYRHN	CD123	4.5
600	MGSWYEFWDRLTAIEHRLWALGGSEAELAYFEDSIAHFEGSLQVYKGKG NPEVEALYKEAEAIEWELEAYRHN	CD123	4.4
601	MGSWYEFDDRLWAIFDRLFALGGSEAELAFFEDSIAEFEEELQHYKGKG NPEVEALYLEAWAIENELGAYRHN	CD123	4.7
602	MGSWNEFVERLSAIDHRLWALGGSEAELADFEQQIAEFEIHLQEYKGKG NPEVEALDFEADAIFDELLAYRHN	CD123	3.2
603	MGSWSEFVDRLDAIFDRLWALGGSEAELAWFEDTIAHFEWNLQEYKGKG NPEVEALNGEADAITDELHAYRHN	CD123	5.3
604	MGSWAEFDSRLDAIAQRLFALGGSEAELAHFEDFIAQFEYSLQEYKGKG NPEVEALSNEADAIFNELKAYRHN	CD123	3.6
605	MGSWAEFDSRLIAIFDRLWALGGSEAELAWFEDDIAQFEQHLQAYKGKG NPEVEALRQEADAITFELKAYRHN	CD123	3.6
606	MGSWTEFEERLEAIWDRLYALGGSEAELAAFEWDIAYFEDGLQEYKGKG NPEVEALFMEAEAIIRELKAYRHN	CD123	5.9
607	MGSWYEFEDRLAAIWDRLNALGGSEAELAIFEWDIAWFEEGLQEYKGKG NPEVEALKHEASAIQTELFAYRHN	CD123	6.4
608	MGSWLEFESRLWAIWDRLDALGGSEAELAHFEQDIADFEMSLQEYKGKG NPEVEALIREAEAIETELYAYRHN	CD123	3.4

609	MGSWMEFEDRLIAIWARLDALGGSEAELAWFEADIADFEESLQEYKGKG NPEVEALIFEAIAINKELMAYRHN	CD123	3.7
610	MGSWFEFTIRLEAIQDRLDALGGSEAELAWFEWDIAEFEEGLQFYKGKG NPEVEALHTEADAIMNELVAYRHN	CD123	3.5
611	MGSWYEFVSRLDAIEYRLWALGGSEAELAWFEWDIADFEQGLQFYKGKG NPEVEALAQEANAIGSELTAYRHN	CD123	3.2
612	MGSWEEFDYRLYAIQDRLYALGGSEAELAFFEWEIADFEHMLQMYKGKG NPEVEALFQEADAIDAELHAYRHN	CD123	4.4
613	MGSWIEFFHRLDAIQDRLDALGGSEAELAYFEWAIADFEHMLQLYKGKG NPEVEALQFEAFAIEGELYAYRHN	CD123	3.5
614	MGSWYEFSSRLNAIDDRLWALGGSEAELAYFETDIADFESLLQWYKGKG NPEVEALLNEADAIDYELYAYRHN	CD123	3.8
615	MGSWFEFEYRLDAIIDRLFALGGSEAELAEFESMIANFEYSLQEYKGKG NPEVEALYFEADAIVDELTAYRHN	CD123	4
616	MGSWLEFEYRLDAIYDRLFALGGSEAELAAFEQDIADFEKYLQYYKGKG NPEVEALWEEADAIMWELFAYRHN	CD123	3.1
617	MGSWHEFEERLMAIEDRLWALGGSEAELAEFEQWIALFEYDLQEYKGKG NPEVEALGMEAFAINNELSAYRHN	CD123	5.8
618	MGSWYEFEERLDAIEDRLIALGGSEAELAIFEDIIAFFEQDLQYYKGKG NPEVEALEMEAEAISIELDAYRHN	CD123	4.1
619	MGSWHEFEKRLYAIEDRLIALGGSEAELAWFEDSIAWFEWDLQMYKGKG NPEVEALNEEADAIYQELDAYRHN	CD123	3.6
620	MGSWIEFEDRLDAITDRLWALGGSEAELAEFEHQIAFFEEDLQWYKGKG NPEVEALHMEAEAIMEELGAYRHN	CD123	9.5
621	MGSWMEFEDRLMAIVDRLWALGGSEAELADFEWNIAMFEEELQWYKGKG NPEVEALGDEAEAIEWELYAYRHN	CD123	6.8
622	MGSWEEFEDRLFAIDSRLWALGGSEAELAEFENIIASFEEVLQEYKGKG NPEVEALSVEAFAIDRELGAYRHN	CD123	3.7
623	MGSWEEFLFRLEAIQDRLWALGGSEAELAWFEYEIASFEDVLQSYKGKG NPEVEALSTEAKAIDYELFAYRHN	CD123	8.2
624	MGSWVEFDNRLFAIDERLWALGGSEAELAWFEEEIASFEDNLQKYKGKG NPEVEALQLEAFAIMEELDAYRHN	CD123	3.3
625	MGSWFEFDDRLEAIFDRLWALGGSEAELAMFEFAIAEFEDALQEYKGKG NPEVEALYEEAVAIDEELYAYRHN	CD123	4.1
626	MGSWFEFDARLMAINDRLWALGGSEAELAAFEYHIALFEDQLQMYKGKG NPEVEALTLEAVAINEELWAYRHN	CD123	4
627	MGSWVEFDSRLAAIDYRLEALGGSEAELAWFEYTIANFEHTLQMYKGKG NPEVEALVYEAHAIATELQAYRHN	CD123	3.4
628	MGSWTEFDERLDAIDWRLEALGGSEAELAWFEGDIALFEQYLQVYKGKG NPEVEALMEEADAIKAELDAYRHN	CD123	4.5
629	MGSWIEFDERLDAIDFRLWALGGSEAELAWFEGWIAEFESDLQLYKGKG NPEVEALNEEANAIFHELSAYRHN	CD123	7

630	MGSWWEFDSRLDAIDFRLWALGGSEAELAWFEVEIADFEDWLQLYKGKG NPEVEALWHEADAIVTELYAYRHN	CD123	3.2
631	MGSWYEFDERLDAIFDRLWALGGSEAELAYFEQVIATFEKTLQRYKGKG NPEVEALDTEAKAISWELDAYRHN	CD123	3
632	MGSWYEFQERLDAIDSRLWALGGSEAELAWFEYTIAEFEKELQMYKGKG NPEVEALGTEAVAISEELMAYRHN	CD123	5.5
633	MGSWEEFEDRLWAIDGRLYALGGSEAELAWFEQWIATFEEDLQDYKGKG NPEVEALEYEASAIFEELEAYRHN	CD123	9.4
634	MGSWFEFGDRLEAIDERLYALGGSEAELAQFEWWIAEFEHHLQDYKGKG NPEVEALEYEADAIWGELHAYRHN	CD123	4.5
635	MGSWFEFNDRLDAISERLSALGGSEAELAYFEWQIAVFEKTLQNYKGKG NPEVEALTLEANAIFEELEAYRHN	CD123	3.9
636	MGSWVEFMDRLEAIEERLSALGGSEAELAFFEWEIAEFEEHLQVYKGKG NPEVEALEWEALAITEELAAYRHN	CD123	4
637	MGSWIEFMDRLWAIDQRLWALGGSEAELAWFEEEIAWFEEELQVYKGKG NPEVEALEWEATAISEELWAYRHN	CD123	6.5
638	MGSWEEFNWRLRAIDERLFALGGSEAELAWFEYDIAEFEEQLQVYKGKG NPEVEALRVEAAAIAEELYAYRHN	CD123	5.4
639	MGSWWEFEIRLDAIDERLWALGGSEAELAWFEQSIAFFENDLQVYKGKG NPEVEALRWEANAIIEELFAYRHN	CD123	3.2
640	MGSWYEFEWRLDAIDRRLWALGGSEAELADFEEEIADFEWMLQNYKGKG NPEVEALVDEASAIQTELWAYRHN	CD123	10
641	MGSWYEFVYRLRAIDERLDALGGSEAELAMFEFEIAFFEDQLQRYKGKG NPEVEALVDEAQAIDFELFAYRHN	CD123	4.5
642	MGSWWEFEDRLYAIDDRLWALGGSEAELAQFEREIAQFEIWLQEYKGKG NPEVEALDDEATAINSELFAYRHN	CD123	5.5
643	MGSWDEFEFRLEAIDSRLWALGGSEAELAVFEYEIAQFEFMLQEYKGKG NPEVEALGMEAWAIENELFAYRHN	CD123	3.6
644	MGSWEEFEWRLDAIDERLWALGGSEAELATFEYEIAIFENELQQYKGKG NPEVEALDSEAYAIERELGAYRHN	CD123	4.3
645	MGSWYEFFDRLDAIDERLWALGGSEAELAWFEAEIAEFEMELQGYKGKG NPEVEALDVEAHAIEMELFAYRHN	CD123	3.7
646	MGSWYEFMGRLEAIDERLQALGGSEAELAWFEHEIAEFEWSLQWYKGKG NPEVEALRFEAGAIPWELWAYRHN	CD123	3.5
647	MGSWVEFSNRLDAIWERLQALGGSEAELAYFEWEIAEFEWELQSYKGKG NPEVEALNAEADAIEWELEAYRHN	CD123	5.1
648	MGSWEEFHMRLIAIDERLWALGGSEAELAGFEESIAYFESQLQDYKGKG NPEVEALDYEAHAIWRELYAYRHN	CD123	3.9
649	MGSWWEFKYRLDAICFRLAALGGSEAELASFEDEIAYFEEDLQGYKGKG NPEVEALDYEALAIWDELAAYRHN	CD123	3.1
650	MGSWDEFAMRLEAIQARLFALGGSEAELAIFEDEIAFFETMLQDYKGKG NPEVEALEYEAAAIEAELGAYRHN	CD123	3.7

651	MGSWWEFNARLDAIEDRLMALGGSEAELAYFEDIIASFENILQQYKGKG NPEVEALWYEAYAIEKELNAYRHN	CD123	3.4
652	MGSWIEFWNRLEAIEERLYALGGSEAELAYFEDEIAEFEIYLQQYKGKG NPEVEALKHEAEAINKELMAYRHN	CD123	5.2
653	MGSWNEFVIRLFAIDDRLYALGGSEAELAWFEDEIATFEYELQRYKGKG NPEVEALEYEAEAIVSELFAYRHN	CD123	3.5
654	MGSWYEFLARLYAIDERLWALGGSEAELATFEHWIADFEEQLQSYKGKG NPEVEALTDEAVAIGEELSAYRHN	CD123	4.5
655	MGSWLEFETRLHAIDERLWALGGSEAELAEFEEHIAWFEEDLQFYKGKG NPEVEALDFEADAIGWELWAYRHN	CD123	4.6
656	MGSWFEFETRLEAIDLRLWALGGSEAELATFEDVIAFFEDWLQFYKGKG NPEVEALKMEAWAIGEELHAYRHN	CD123	6.6
657	MGSWHEFWQRLEAIEGRLWALGGSEAELADFESLIADFEEQLQEYKGKG NPEVEALMAEAEAIDNELRAYRHN	CD123	7
658	MGSWYEFEQRLEAIEWRLGALGGSEAELATFEEDIADFEEWLQEYKGKG NPEVEALQYEAYAIAEELHAYRHN	CD123	4.4
659	MGSWYEFENRLFAIEERLWALGGSEAELAWFEYEIANFEWGLQSYKGKG NPEVEALDNEAEAIDIELAAYRHN	CD123	3.3
660	MGSWYEFEQRLGAIEERLWALGGSEAELAAFEDIIAYFEYQLQSYKGKG NPEVEALDEEAWAIDDELWAYRHN	CD123	10.6
661	MGSWWEFEQRLDAIETRLWALGGSEAELAYFEHIIADFEDELQIYKGKG NPEVEALGWEAFAIDGELTAYRHN	CD123	4.7
662	MGSWFEFPYRLEAIEERLYALGGSEAELAQFEQFIAWFEMDLQDYKGKG NPEVEALWFEANAIVEELDAYRHN	CD123	3.1
663	MGSWVEFYDRLEAIEIRLWALGGSEAELADFESFIAHFEDDLQAYKGKG NPEVEALMDEANAIVFELDAYRHN	CD123	4
664	MGSWVEFWDRLDAIEERLWALGGSEAELAEFEFMIAMFEQHLQEYKGKG NPEVEALIPEAGAIDKELTAYRHN	CD123	10
665	MGSWDEFDARLWAIEERLWALGGSEAELAEFEFMIAAFEDVLQEYKGKG NPEVEALMGEANAIVMELDAYRHN	CD123	4.3
666	MGSWYEFWRRLDAIEERLWALGGSEAELAMFETDIAGFEWMLQLYKGKG NPEVEALEHEAWAINSELDAYRHN	CD123	3.6
667	MGSWHEFIWRLDAIEERLWALGGSEAELAWFETEIATFEAQLQDYKGKG NPEVEALEWEAIAIAWELDAYRHN	CD123	3.3
668	MGSWYEFYWRLEAIEERLWALGGSEAELAEFEKAIATFEDQLQTYKGKG NPEVEALETEALAIHAELEAYRHN	CD123	3.7
669	MGSWFEFQWRLEAIEDRLWALGGSEAELAEFETIIAGFEEQLQVYKGKG NPEVEALEEEAMAIQTELHAYRHN	CD123	3.4
670	MGSWWEFEDRLWAIEQRLDALGGSEAELAVFENSIAKFEDMLQVYKGKG NPEVEALHEEADAIIWELYAYRHN	CD123	4.4
671	MGSWWEFEDRLWAIDRRLMALGGSEAELAVFEQMIAHFEQILQVYKGKG NPEVEALHFEAHAIGMELAAYRHN	CD123	4.6

672	MGSWWEFLDRLEAIEYRLQALGGSEAELAVFEWEIAMFEDHLQGYKGKG NPEVEALHSEAHAIISELSAYRHN	CD123	3.1
673	MGSWAEFEDRLAAIERRLEALGGSEAELADFESSIAWFEPDLQYYKGKG NPEVEALMYEAEAIFSELYAYRHN	CD123	4.2
674	MGSWWEFYDRLTAIEARLWALGGSEAELADFEEGIADFEYDLQDYKGKG NPEVEALFWEAWAIQSELTAYRHN	CD123	3.2
675	MGSWYEFEDRLAAIEARLWALGGSEAELADFEEEIAYFEHGLQWYKGKG NPEVEALESEAMAIIDELHAYRHN	CD123	3.8
676	MGSWWEFSWRLEAIETRLDALGGSEAELAFFEMDIAWFEQDLQLYKGKG NPEVEALEEEAYAIYEELEAYRHN	CD123	3.3
677	MGSWEEFFFRLEAIDDRLYALGGSEAELALFEEVIAYFEQDLQWYKGKG NPEVEALYVEAYAIQEELYAYRHN	CD123	3.2
678	MGSWFEFEERLNAISWRLHALGGSEAELAYFEEDIAWFEDDLQFYKGKG NPEVEALENEAYAIWEELDAYRHN	CD123	13
679	MGSWFEFEERLEAIIYRLWALGGSEAELAMFEESIAWFESDLQQYKGKG NPEVEALEYEAMAISKELKAYRHN	CD123	3.7
680	MGSWAEFDDRLEAIEYRLHALGGSEAELAWFEEGIAGFEHALQSYKGKG NPEVEALETEAGAINEELWAYRHN	CD123	5.8
681	MGSWDEFEERLQAIEYRLWALGGSEAELAWFEEVIAQFEYDLQKYKGKG NPEVEALSTEAQAIQDELWAYRHN	CD123	3.8
682	MGSWWEFTDRLDAIFDRLWALGGSEAELAAFEESIAIFEQDLQYYKGKG NPEVEALEYEANAIQYELEAYRHN	CD123	7.5
683	MGSWWEFTDRLEAIEDRLWALGGSEAELAHFEDSIAQFEQELQWYKGKG NPEVEALADEADAIESELHAYRHN	CD123	16.6
684	MGSWVEFFWRLDAIEDRLWALGGSEAELANFEFEIADFEAWLQKYKGKG NPEVEALHSEADAIQLELRAYRHN	CD123	4
685	MGSWVEFYNRLDAIENRLWALGGSEAELAFFEELIAQFEFALQDYKGKG NPEVEALEDEADAIWEELMAYRHN	CD123	6.9
686	MGSWEEFYYRLHAIDNRLWALGGSEAELAYFEWHIADFELELQDYKGKG NPEVEALSEEATAIFEELWAYRHN	CD123	3
687	MGSWREFHDRLFAIDGRLWALGGSEAELANFEWDIADFEFELQDYKGKG NPEVEALSWEADAIMQELGAYRHN	CD123	5.6
688	MGSWEEFDERLWAISDRLWALGGSEAELAYFEGEIAYFEQNLQTYKGKG NPEVEALQTEALAIDTELWAYRHN	CD123	6.5
689	MGSWEEFEQRLWAIDDRLWALGGSEAELAFFEYEIAEFEMDLQWYKGKG NPEVEALFYEAHAINEELWAYRHN	CD123	5.7
690	MGSWDEFHQRLAAIGDRLWALGGSEAELAYFEWEIATFEWDLQVYKGKG NPEVEALYFEATAIDEELMAYRHN	CD123	3.7
691	MGSWVEFEYRLDAISDRLWALGGSEAELAFFENEIASFESDLQFYKGKG NPEVEALMFEAEAIDDELHAYRHN	CD123	6.5
692	MGSWDEFDTRLDAIFSRLYALGGSEAELAMFEGEIAEFEGSLQHYKGKG NPEVEALDFEAHAIDEELWAYRHN	CD123	4

693	MGSWHEFDDRLDAIMSRLDALGGSEAELATFEAEIATFEFVLQLYKGKG NPEVEALLAEAYAIDWELEAYRHN	CD123	7.7
694	MGSWYEFFDRLDAIYDRLYALGGSEAELASFEAQIAEFEVELQSYKGKG NPEVEALEWEAWAIDEELYAYRHN	CD123	4.7
695	MGSWFEFLYRLDAIEDRLWALGGSEAELAEFEQEIAKFESELQSYKGKG NPEVEALEWEAHAIDMELEAYRHN	CD123	6.6
696	MGSWLEFEDRLVAIDHRLFALGGSEAELAEFEEEIALFESYLQDYKGKG NPEVEALNWEADAIHAELYAYRHN	CD123	3.9
697	MGSWYEFESRLDAIVDRLWALGGSEAELAEFEYEIAKFEWELQDYKGKG NPEVEALNWEAGAIEFELYAYRHN	CD123	5.1
698	MGSWYEFEDRLDAILYRLLALGGSEAELAWFERDIAFFESELQWYKGKG NPEVEALEWEAMAIDDELFAYRHN	CD123	4.3
699	MGSWGEFMDRLEAIDYRLWALGGSEAELAWFESDIAEFEQELQMYKGKG NPEVEALWDEAMAIRDELFAYRHN	CD123	4.6
700	MGSWEEFDDRLDAIEHRLWALGGSEAELADFEGSIAAFESWLQVYKGKG NPEVEALEAEAEAIADELWAYRHN	CD123	4
701	MGSWYEFADRLDAIMDRLVALGGSEAELAYFEWEIAAFEEFLQMYKGKG NPEVEALDEEAEAIKDELMAYRHN	CD123	3.3
702	MGSWNEFWERLDAIEWRLFALGGSEAELAFFELDIAWFEEELQWYKGKG NPEVEALIFEAHAITLELDAYRHN	CD123	3
703	MGSWYEFDARLDAIEERLYALGGSEAELAAFEFEIAGFEEALQWYKGKG NPEVEALLKEAEAITDELYAYRHN	CD123	8.9
704	MGSWDEFSERLDAIWGRLEALGGSEAELATFEFHIAEFEHELQYYKGKG NPEVEALQGEAAAIINELYAYRHN	CD123	3.2
705	MGSWDEFWDRLDAIEDRLFALGGSEAELADFERVIAWFENDLQEYKGKG NPEVEALDNEADAIRIELHAYRHN	CD123	3.9
706	MGSWDEFDDRLEAIVDRLFALGGSEAELAMFEFEIAQFEHQLQYYKGKG NPEVEALRDEADAIWIELDAYRHN	CD123	5.6
707	MGSWEEFTIRLGAIYWRLFALGGSEAELANFEWFIAEFEYELQPYKGKG NPEVEALVIEANAIDGELQAYRHN	CD123	3.3
708	MGSWFEFEWRLDAIENRLNALGGSEAELAWFEYHIAAFEDSLQHYKGKG NPEVEALEWEAHAIQSELQAYRHN	CD123	3.3
709	MGSWYEFDDRLEAIWDRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRETAADIRAELQAYRHN	CD123	3.3
710	MGSWGEFWARLEAIWIRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREEAADIRRSLQAYRHN	CD123	15
711	MGSWIEFEVRLDAIWDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRDEAADIRQSLQAYRHN	CD123	4.2
712	MGSWTEFDRRLDAIWDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREEAADIRDYLQAYRHN	CD123	9.2
713	MGSWTEFDMRLDAIWDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELREEAATIRGVLQAYRHN	CD123	3.1

714	MGSWEEFHDRLMAIETRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRYEAADIRDYLQAYRHN	CD123	4.3
715	MGSWVEFRDRLDAIETRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRYEAAEIRMVLQAYRHN	CD123	4.2
716	MGSWMEFIDRLDAIEHRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREEAAEIRMYLQAYRHN	CD123	4.3
717	MGSWTEFVWRLDAIEWRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREEAAEIRDWLQAYRHN	CD123	4.2
718	MGSWVEFYDRLYAIEVRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRQEAAEIRDWLQAYRHN	CD123	5.8
719	MGSWYEFYDRLDAIEWRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDEAAQIRDFLQAYRHN	CD123	6.2
720	MGSWVEFYDRLDAIEHRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDEAAFIRDMLQAYRHN	CD123	3.4
721	MGSWFEFVDRLTAIQVRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREEAALIRYSLQAYRHN	CD123	5.1
722	MGSWFEFLDRLDAIEERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREEAAVIRDSLQAYRHN	CD123	12.2
723	MGSWYEFMVRLDAIEERLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREEAASIRYHLQAYRHN	CD123	4.1
724	MGSWYEFEDRLDAIQWRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRESAANIRQHLQAYRHN	CD123	6.3
725	MGSWSEFEYRLFAIENRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREEAAMIRQLLQAYRHN	CD123	3.2
726	MGSWVEFEYRLDAITERLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILREEAAFIRQWLQAYRHN	CD123	3.9
727	MGSWWEFLDRLDAIEMRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREEAALIRNMLQAYRHN	CD123	9
728	MGSWWEFEDRLDAIEYRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREEAAFIRIFLQAYRHN	CD123	4.9
729	MGSWWEFESRLDAIFMRLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLREDAAFIREFLQAYRHN	CD123	3.7
730	MGSWVEFWHRLDAIKARLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRWYAADFRLILQAYRHN	CD123	3.5
731	MGSWYEFYNRLSAIYARLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRWYAADIRYMLQAYRHN	CD123	10.6
732	MGSWYEFYDRLSAIYARLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRWYAADIRYMLQAYRHN	CD123	5.3
733	MGSWNEFYDRLSAIYFRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRWYAADIRMILQAYRHN	CD123	10.6
734	MGSWNEFYDRLSAIYFRLQALGGFEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRWYAADIRMILQAYRHN	CD123	9

735	MGSWEEFYDRLGAIFARLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRWYAADIRMILQAYRHN	CD123	3.9
736	MGSWVEFYDRLHAIYFRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRWYAADIRLVLQAYRHN	CD123	4.8
737	MGSWKEFDNRLYAIEDRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRWYAADIRMILQAYRHN	CD123	3.9
738	MGSWVEFWDRLWAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRHYAADIRVWLQAYRHN	CD123	4.5
739	MGSWYEFADRLWAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRYYAADIRWVLQAYRHN	CD123	4
740	MGSWYEFEERLYAIEDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRQEAADIRLMLQAYRHN	CD123	11.5
741	MGSWTEFEWRLYAIEDRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRDEAADIRQYLQAYRHN	CD123	4.2
742	MGSWIEFESRLWAIEDRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRLEAADIREDLQAYRHN	CD123	8.7
743	MGSWFEFEDRLDAIWDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRMDAAMIRYILQAYRHN	CD123	5.1
744	MGSWEEFEDRLWAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILRYDAAYIREILQAYRHN	CD123	4.1
745	MGSWIEFEDRLYAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRYEAAEIRYWLQAYRHN	CD123	4
746	MGSWYEFWDRLEAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRYSAAEIRYQLQAYRHN	CD123	4.2
747	MGSWVEFESRLAAIEHRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELREYAAEIRDWLQAYRHN	CD123	3.7
748	MGSWWEFEHRLFAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRDYAAEIRDYLQAYRHN	CD123	7.6
749	MGSWYEFDSRLMAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRQEAAEIRMILQAYRHN	CD123	3.2
750	MGSWYEFEWRLMAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRHEAAEIRDVLQAYRHN	CD123	3.4
751	MGSWYEFYNRLDAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRQEAADIRGQLQAYRHN	CD123	11.3
752	MGSWWEFHDRLEAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRIEAADIRRQLQAYRHN	CD123	6.4
753	MGSWYEFWDRLEAIEERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRLEAADIRRILQAYRHN	CD123	4.6
754	MGSWYEFEERLWAIEERLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRYEAAWIRDFLQAYRHN	CD123	5.4
755	MGSWYEFENRLEAIEERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLREEAAFIRDWLQAYRHN	CD123	6.1

756	MGSWYEFEYRLEAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREEAAWIRVWLQAYRHN	CD123	6.2
757	MGSWYEFENRLGAIGDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDEAAYIRAVLQAYRHN	CD123	4.8
758	MGSWYEFEHRLDAIYDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREEAAWIRLWLQAYRHN	CD123	6.3
759	MGSWYEFEWRLDAIYDRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREDAAEIRALLQAYRHN	CD123	6
760	MGSWVEFENRLEAIENRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREDAAQIRMMLQAYRHN	CD123	6.2
761	MGSWYEFEERLEAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREQAAFIRTMLQAYRHN	CD123	6
762	MGSWFEFEWRLEAIFDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRAEAAEIRLRLQAYRHN	CD123	6.9
763	MGSWWEFEDRLMAIYDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRAEAALIRETLQAYRHN	CD123	15.3
764	MGSWFEFEDRLYAIEDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRWGAATIRDELQAYRHN	CD123	4.7
765	MGSWIEFWDRLEAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRDEAAWIRDSLQAYRHN	CD123	4.5
766	MGSWFEFWDRLDAIEDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRDEAAWIRGTLQAYRHN	CD123	4.9
767	MGSWEEFTDRLWAIEDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDEAAFIRKSLQAYRHN	CD123	8.9
768	MGSWVEFVDRLEAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRDQAAYIRFMLQAYRHN	CD123	4.9
769	MGSWFEFVDRLEAIEMRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRWRAAMIRYDLQAYRHN	CD123	7.1
770	MGSWWEFEMRLEAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRWEAAFIRDILQAYRHN	CD123	4
771	MGSWFEFEIRLEAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRDEAAEIRQVLQAYRHN	CD123	3
772	MGSWYEFYQRLEAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRDEAAEIRVVLQAYRHN	CD123	3
773	MGSWIEFEDRLEAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQEAAEIRLMLQAYRHN	CD123	21.8
841	MGSWVEFYERLDAIDRRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRVHAASIRAWLQAYRHN	P26	
842	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRAHAAAIREWLQAYRHN	P26	
843	MGSWSEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRVHAAAIREWLQAYRHN	P26	

844	MGSWSEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRAHAAAIREWLQAYRHN	P26	
845	MGSWSEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLKAHAAAIREWLQAYRHN	P26	
846	MGSWSEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLQAHAAAIREWLQAYRHN	P26	
847	MGSWSEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRAHAAGIREWLQAYRHN	P26	
848	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREHAAHIREWLQAYRHN	P26	
849	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREHAAAIREWLQAYRHN	P26	
850	MGSWSEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREHAAAIREWLQAYRHN	P26	
851	MGSWHEFYDRLDAIYFRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRLLAAEIRKELQAYRHN	P26	9.6
852	MGSWHEFITRLEAIDQRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFWAAEIRFILQAYRHN	P26	16.91
853	MGSWMEFFDRLVAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRMWAAEIRFLLQAYRHN	P26	18.62
854	MGSWVEFSGRLIAIDNRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRMWAAEIRYILQAYRHN	P26	5.28
855	MGSWVEFHHRLFAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRMVAAEIRYILQAYRHN	P26	21.39
856	MGSWHEFMERLIAIDGRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFVAAFIRDVLQAYRHN	P26	17.85
857	MGSWKEFIQRLDAIHYRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFVAAFIRFELQAYRHN	P26	18.41
858	MGSWSEFIFRLDAIHSRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFIAAEIRLKLQAYRHN	P26	28.3
859	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRVHAAAIREWLQAYRHN	P26	5.92
860	MGSWLEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRVHAAAIREWLQAYRHN	P26	
861	MGSWFEFYHRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRVHAAAIREWLQAYRHN	P26	
862	MGSWFEFYDRLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRVHAAAIREWLQAYRHN	P26	
863	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRVHAAAIREWLQAYRHN	P26	
864	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRDHAAAIREWLQAYRHN	P26	

865	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLREHAAAIREWLQAYRHN	P26	
866	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRVHAAHIREWLQAYRHN	P26	
867	MGSWLEFYHRLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRVHAAAIREWLQAYRHN	P26	
868	MGSWLEFYHRLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRDHAAHIREWLQAYRHN	P26	19.23
869	MGSWFEFYHRLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRDHAAHIREWLQAYRHN	P26	
870	MGSWLEFYDRLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRDHAAHIREWLQAYRHN	P26	
871	MGSWLEFYHRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRDHAAHIREWLQAYRHN	P26	
872	MGSWLEFYHRLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRDHAAHIREWLQAYRHN	P26	
873	MGSWLEFYHRLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRVHAAHIREWLQAYRHN	P26	
874	MGSWLEFYHRLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRDHAAAIREWLQAYRHN	P26	
875	MGSWFEFYDRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRDHAAHIREWLQAYRHN	P26	
876	MGSWFEFYERLNAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRAHAASIRTWLQAYRHN	P26	27.1
877	MGSWIEFYWRLEAIDQRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRVHAAAIRWWLQAYRHN	P26	9.4
878	MGSWSEFVKRLDAIDQRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRVHAAAIRAWLQAYRHN	P26	27
879	MGSWEEFYYRLEAIDARLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRVHAAHIRDWLQAYRHN	P26	30.3
880	MGSWVEFHYRLQAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRVHAAHIRKWLQAYRHN	P26	14.8
881	MGSWVEFVGRLNAIDARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRHHAAEIRNWLQAYRHN	P26	26
882	MGSWNEFMDRLNAIDNRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRKQAASIRLWLQAYRHN	P26	10
883	MGSWNEFFQRLNAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRQHAANIRWWLQAYRHN	P26	28.7
884	MGSWYEFVVRLFAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREHAAHIRSWLQAYRHN	P26	18.25
885	MGSWYEFYLRLDAIDHRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLREHAAHIRKWLQAYRHN	P26	16

886	MGSWYEFRARLLAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLREHAAHIRNFLQAYRHN	P26	20.9
887	MGSWTEFWHRLEAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREHAAHIRVWLQAYRHN	P26	13.19
888	MGSWTEFQNRLNAIDHRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREHAAKIRVWLQAYRHN	P26	30.5
889	MGSWSEFFKRLEAIDRRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELREHAAHIRVWLQAYRHN	P26	30.2
890	MGSWYEFQQRLEAIDTRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELREHAAHIRHWLQAYRHN	P26	27.3
891	MGSWTEFEKRLHAIDYRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLREHAAAIRHWLQAYRHN	P26	17.1
892	MGSWTEFHQRLDAIDERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREHAAKIRMWLQAYRHN	P26	24.4
893	MGSWLEFSQRLTAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLREHAAKIRNWLQAYRHN	P26	30.4
894	MGSWTEFVNRLYAIDSRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEGLRTHAAKIRHWLQAYRHN	P26	16.7
895	MGSWMEFVDRLSAIDRRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLREHAANIRQWLQAYRHN	P26	32.1
896	MGSWVEFVSRLYAIDFRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALREHAAQIRDWLQAYRHN	P26	29
897	MGSWSEFHTRLDAIDTRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRRHAAAIRFWLQAYRHN	P26	23.5
898	MGSWLEFHSRLDAIDTRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLREHAAAIRHYLQAYRHN	P26	30.8
899	MGSWTEFYQRLDAIDTRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEGLRQQAAQIRAWLQAYRHN	P26	29.7
900	MGSWAEFSDRLNAIDQRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILREHAAEIRKFLQAYRHN	P26	25.3
901	MGSWMEFNHRLQAIDGRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLREHAAAIRAFLQAYRHN	P26	33.4
902	MGSWYEFYKRLEAIDNRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREHAAAIRHWLQAYRHN	P26	30.8
903	MGSWYEFYYRLEAIDNRLIALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLREHAAKIREWLQAYRHN	P26	29.6
904	MGSWYEFVSRLEAIDDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEMLRQHAAAIRHWLQAYRHN	P26	33.1
905	MGSWYEFSHRLEAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEPLREHAAYIRHWLQAYRHN	P26	26
906	MGSWFEFFERLAAIEDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRVHAAAIRAFLQAYRHN	P26	20.3

907	MGSWIEFKYRLDAIEWRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRIHAAAIRTWLQAYRHN	P26	18.3
908	MGSWYEFMYRLDAIEYRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRIHAAMIREWLQAYRHN	P26	19.4
909	MGSWVEFVTRLEAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRAHAAHIRHWLQAYRHN	P26	11.7
910	MGSWYEFVIRLDAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRVHAAHIRVWLQAYRHN	P26	30.1
911	MGSWVEFVERLDAIEFRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRNHAAHIRSWLQAYRHN	P26	23.8
912	MGSWSEFVHRLDAIEVRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRYHAAKIRSWLQAYRHN	P26	16.9
913	MGSWSEFYYRLAAIESRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVERLREHAAHIRRWLQAYRHN	P26	30.8
914	MGSWYEFYLRLSAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRVQAAHIRTWLQAYRHN	P26	27.4
915	MGSWYEFYDRLDAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRDQAAYIRTWLQAYRHN	P26	31.9
916	MGSWHEFWVRLEAIESRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRVQAAHIRSWLQAYRHN	P26	26.9
917	MGSWVEFYHRLEAIEQRLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREQAAAIRSWLQAYRHN	P26	28.5
918	MGSWVEFYERLNAIEYRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLREHAAYIRQWLQAYRHN	P26	28.7
919	MGSWVEFYHRLDAIFDRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRANAAGIRSWLQAYRHN	P26	20
920	MGSWSEFTDRLFAIEDRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRMHAASIRLWLQAYRHN	P26	25.4
921	MGSWHEFYDRLYAIWDRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEGLRNAAAVIRIFLQAYRHN	P26	22.91
922	MGSWFEFSNRLYAIWHRLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRTQAAFIRILLQAYRHN	P26	15.25
923	MGSWFEFSDRLYAIWERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRFQAAFIRYQLQAYRHN	P26	18.99
924	MGSWFEFEDRLFAIWTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRQSAASIRWLLQAYRHN	P26	10.89
925	MGSWHEFSERLFAIWTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRQSAAFIRVMLQAYRHN	P26	8.21
926	MGSWGEFTVRLYAIDRRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRRFAAIIRAFLQAYRHN	P26	8.54
927	MGSWYEFDHRLMAISFRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRRRAANIRHLLQAYRHN	P26	20.1

928	MGSWSIFKYHLADIKLLLEALGGSEAELAYFEFLIADFEFTLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	20.21
929	MGSWHHFKYFLADIKSILEALGGSEAELAIFEVQIAYFEDLLQSYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	8
930	MGSWLYFKYNLAVIKHWLEALGGSEAELAIFEMSIADFEYELQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	13.3
931	MGSWFYFKYELAWIKHWLEALGGSEAELASFETHIAFFEHQLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	13.7
932	MGSWADFKWTLAYIKHRLEALGGSEAELAFFEMEIAYFEQSLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	31.5
933	MGSWAYFKGQLAYIKSGLEALGGSEAELAYFELRIAYFEHWLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	11.4
934	MGSWENFKDTLAWIKEYLEALGGSEAELAGFEHRIAIFEHYLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	19.2
935	MGSWVLFKDYLADIKHYLEALGGSEAELANFEHLIANFEGDLQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	13.8
936	MGSWSLFKHRLANIKVYLEALGGSEAELADFETFIAYFEKDLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	19.6
937	MGSWEHFKVELAGIKAYLEALGGSEAELALFEWAIADFESILQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	18.1
938	MGSWIYFKDELAGIKKYLEALGGSEAELAMFEVAIADFEAILQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	15.9
939	MGSWVLFKQELAWIKWLLEALGGSEAELAAFEEQIARFEHDLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	29.5
940	MGSWVLFKQELAWIKWYLEALGGSEAELAAFEWEIAAFEQRLQIYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	22.5
941	MGSWFLFKSELAWIKWRLEALGGSEAELAYFEYQIAEFEFWLQSYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	25.8
942	MGSWLLFKSELAWIKWYLEALGGSEAELAEFEWNIAEFEKNLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	25.7
943	MGSWLLFKSDLAWIKWRLEALGGSEAELAEFEESIAMFEHWLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	33.3
944	MGSWLYFKSDLAWIKWRLEALGGSEAELADFEEAIAEFEQALQIYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	21.2
945	MGSWKLFKYELAWIKWRLEALGGSEAELADFEASIAQFEKYLQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	23.4
946	MGSWYLFKNELAWIKWRLEALGGSEAELADFEMVIAMFEDHLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	31.1
947	MGSWVYFKAHLAFIKWELEALGGSEAELANFESTIAEFEKYLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	20.8
948	MGSWMYFKSHLAWIKWELEALGGSEAELAFFEDNIAQFEYWLQLYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	19.8

949	MGSWTLFKWDLAFIKWQLEALGGSEAELAWFEYEIAAFEDSLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	12.1
950	MGSWILFKEDLAFIKWQLEALGGSEAELAWFETTIANFESDLQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	23.3
951	MGSWYFFKSRLAYIKVYLEALGGSEAELAGFEWEIAHFEEWLQRYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	30.1
952	MGSWYIFKSELAWIKWYLEALGGSEAELANFEVEIATFETWLQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	29.6
953	MGSWYIFKQELASIKLSLEALGGSEAELAHFEAEIAWFEWWLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	19.4
954	MGSWVRFKTELAYIKESLEALGGSEAELAMFESEIAIFEHSLQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	20.5
955	MGSWYLFKTELAAIKYRLEALGGSEAELASFEYEIAWFEHILQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	20.1
956	MGSWYWFKYELAEIKWHLEALGGSEAELAHFEHSIAVFESQLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	21.5
957	MGSWWVFKKTLAEIKWTLEALGGSEAELAYFEAEIAFFEFILQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	18.6
958	MGSWVYFKDHLAEIKSQLEALGGSEAELALFEYDIAWFEFILQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	22.1
959	MGSWVYFKHRLAEIKDQLEALGGSEAELAEFETDIAWFEWMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	11.1
960	MGSWIIFKTDLARIKNYLEALGGSEAELATFERDIAWFEFMLQIYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	16.7
961	MGSWMHFKQDLAEIKGYLEALGGSEAELAIFEMDIAWFEYMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	18.9
962	MGSWQIFKQDLAAIKDYLEALGGSEAELAIFEFDIAWFEHMLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	17.4
963	MGSWLAFKEDLAHIKSILEALGGSEAELAEFEHDIAWFEYMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	18.6
964	MGSWFVFKEDLAGIKFILEALGGSEAELAMFETDIAWFEYMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	14.2
965	MGSWTHFKEDLAHIKDRLEALGGSEAELAAFELDIAWFEFMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	30.4
966	MGSWYYFKERLAAIKDRLEALGGSEAELAIFEADIAWFEFMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	31.5
967	MGSWYTFKGSLAEIKNRLEALGGSEAELAMFESDIAWFEFMLQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	32.3
968	MGSWFTFKDDLAQIKNRLEALGGSEAELANFEMSIAWFEFMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	30.8
969	MGSWVLFKQDLAMIKQRLEALGGSEAELAMFEYDIAWFEHMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	29.7

970	MGSWVEFKRDLANIKQRLEALGGSEAELAQFEMQIAWFEHTLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	30.4
971	MGSWSYFKEDLANIKSSLEALGGSEAELAWFESSIAWFEHTLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	11.6
972	MGSWSIFKQDLADIKDSLEALGGSEAELAMFEMDIAWFEHTLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	16.6
973	MGSWEIFKDDLASIKKVLEALGGSEAELALFESDIAWFELMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	27.9
974	MGSWSIFKDDLAVIKERLEALGGSEAELAHFEQDIAWFEHLLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	25.6
975	MGSWSVFKDDLAQIKDRLEALGGSEAELAQFELDIAWFEYVLQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	30.3
976	MGSWAVFKDSLAHIKDVLEALGGSEAELALFEMDIAWFEYVLQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	24.1
977	MGSWIAFKDHLAIIKQRLEALGGSEAELARFEFEIAWFEWMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	29.9
978	MGSWIHFKNDLAVIKDELEALGGSEAELARFEIMIAWFEDALQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	17.9
979	MGSWMVFKQDLAEIKANLEALGGSEAELADFEFAIAWFEYELQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	17.8
980	MGSWKNFKLELALIKSKLEALGGSEAELAQFEADIAFFEWSLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	20.6
981	MGSWHSFKQDLAYIKYLLEALGGSEAELAQFEELIAFFEYYLQTYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	25.6
982	MGSWVVFKSSLAQIKILLEALGGSEAELAIFEVKIAHFEQELQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	8.6
983	MGSWDQFKNSLASIKRVLEALGGSEAELAIFEVKIAHFEHFLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	15.6
984	MGSWNNFKSSLASIKQVLEALGGSEAELAVFELQIAHFERELQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	P26	24.1
985	MGSWVEFGHRLWAIDQRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRQRAAFIRFRLQAYRHN	CD137	
986	MGSWVEFANRLWAIDQRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRDQAAFIRHKLQAYRHN	CD137	
987	MGSWYEFRHRLWAIDQRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEGLREAAAFIRAKLQAYRHN	CD137	
988	MGSWYEFSMRLWAIDQRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRAKAAYIRWKLQAYRHN	CD137	
989	MGSWYEFGHRLWAIDQRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRETAAHIRTRLQAYRHN	CD137	
990	MGSWYEFHYRLHAIDQRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRIKAAFIRDRLQAYRHN	CD137	

991	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFLGEIWAFEMELAAYKGKG NPEVEALGREAAAIRMELQAYRHN	CD137	
992	MGSWYEFDLRLHAIYDRLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILRDNAAYIRQMLQAYRHN	CD47	
993	MGSWTEFTYRLSAIEWRLWALGGSEAELAWFEQKIAFFEDFLQYYKGKG NPEVEALKHEAGAILNELMAYRHN	CD47	
994	MGSWAEFDHRLHAIRERLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILRGNAAYIRALLQAYRHN	CD47	
995	MGSWTEFVGRLAAIEFRLWALGGSEAELAWFEAHIAFFEDYLQWYKGKG NPEVEALREEAGAIMEELKAYRHN	CD47	
996	MGSWTEFYSRLEAIWVRLQALGGSEAELAMFEDRIAHFEWFLQQYKGKG NPEVEALHEEAIAIRKELAAYRHN	CD47	
997	MGSWHEFHDRLQAIHERLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRIAAAHIRQVLQAYRHN	CTLA4	
998	MGSWNYFKDHLAWIKNSLEALGGSEAELAHFETAIASFERQLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
999	MGSWLYFKEHLAHIKAWLEALGGSEAELAHFELAIADFEYHLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1000	MGSWVYFKEHLAWIKTELEALGGSEAELAHFEHSIADFEMSLQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1001	MGSWFYFKQHLAWIKSYLEALGGSEAELAHFERAIAAFEQHLQMYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1002	MGSWHYFKDHLAEIKGLLEALGGSEAELAHFEMAIADFEHNLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1003	MGSWHYFKGHLAEIKNHLEALGGSEAELAHFERAIAAFERSLQWYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1004	MGSWIYFKEHLAYIKKELEALGGSEAELAHFESAIAVFESTLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1005	MGSWTYFKEHLAEIKYMLEALGGSEAELAHFEVAIADFEKMLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1006	MGSWWLFKDHLAEIKTALEALGGSEAELAHFEMAIAAFEKQLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1007	MGSWSEFYNRLDAIESRLLALGGSEAELALFEIQIARFEKVLQAYKGKG NPEVEALRGEARAIFAELYAYRHN	KIR	
1008	MGSWYEFYNRLYAIEIRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVERLRVRAAKIRVILQAYRHN	KIR	
1009	MGSWLWFKIFLAEIKYFLEALGGSEAELAAFDFEIHAFHVELFAYKGKG NPEVEVLREVAAEIRWDLQAYRHN	KIR	
1010	MGSWTEFQSRLDAIHSRLRALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRDDAAFIRHFLQAYRHN	PDL1	
1011	MGSWQEFDDRLNAIKARLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRDDAAFIRRFLQAYRHN	PDL1	

1012	MGSWYEFQNRLHAIHERLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLRDDAAFIRHFLQAYRHN	PDL1	
1013	MGSWFEFQDRLTAINERLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRSDAAFIRRFLQAYRHN	PDL1	
1014	MGSWYEFESRLDAIHERLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRGDAAFIRHFLQAYRHN	PDL1	
1015	MGSWYEFNHRLDAISKRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRGDAAFIRHFLQAYRHN	PDL1	
1016	MGSWFEFENRLHAIVHRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRADAAFIRHYLQAYRHN	PDL1	
1017	MGSWVVFKVDLATIKYILEALGGSEAELAEFEGEIAGFEYSLQFYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	TIM3	
1018	MGSWTIFKEWLAFIKTDLEALGGSEAELAFFEGWIASFEMELQKYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	PD1	
1019	MGSWVMFKWLLADIKSHLEALGGSEAELAFFEGFIAAFETHLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	PD1	
1020	MGSWYAFKDYLADIKGWLEALGGSEAELAFFEIFIARFELELQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	PD1	
1021	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	既知のものなし	
1030	MGSWEEFELRLNAIEERLYALGGSEAELAYFEYVIADFEGNLQRYKGKG NPEVEALYFEADAIFEELVAYRHN	CD19	
1031	MGSWFEFNHRLWAIFERLMALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRAMAAVIRYHLQAYRHN	CD19	
1032	MGSWEEFDGRLFAIEQRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRWFAAGIRDFLQAYRHN	CD19	
1033	MGSWAEFYHRLYAIETRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRHWAAWIRTYLQAYRHN	CD19	
1034	MGSWVEFSDRLYAIEERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRELAAIIRHSLQAYRHN	CD19	
1035	MGSWWEFEGRLYAIEERLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLREWAAWIRQMLQAYRHN	CD19	
1036	MGSWWEFEHRLYAIEERLVALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRNWAAYIRMALQAYRHN	CD19	
1037	MGSWWEFEARLYAIEFRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRSWAAYIRTSLQAYRHN	CD19	
1038	MGSWWEFEARLWAIESRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRHWAAYIRVILQAYRHN	CD19	
1039	MGSWWEFEARLYAIEFRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRSWAAYIRTSLQAYRHN	CD19	
1040	MGSWEEFYHRLDAIELRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG	CD19	

	NPEVEYLRWYAAEIREILQAYRHN		
1041	MGSWYEFYERLDAIDTRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLREYAAEIRHFLQAYRHN	CD19	
1042	MGSWNEFFDRLDAILYRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRFVAADIRSWLQAYRHN	CD19	
1043	MGSWIEFDDRLLAIMDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRDVAADIRHYLQAYRHN	CD19	
1044	MGSWYEFWERLDAITFRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRTWAADIRAILQAYRHN	CD19	
1045	MGSWEEFYIRLDAIMERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRYAAADIRHFLQAYRHN	CD19	
1046	MGSWIEFEERLYAIETRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRVVAADIREWLQAYRHN	CD19	
1047	MGSWIEFEHRLSAINDRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLREWAADIRSLLQAYRHN	CD19	
1048	MGSWFEFEMRLDAIMARLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRYAAADIRDYLQAYRHN	CD19	
1049	MGSWYEFVYRLDAIYDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRYAAADIRDFLQAYRHN	CD19	
1050	MGSWVEFEDRLDAILERLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRELAADIRDFLQAYRHN	CD19	
1051	MGSWFEFEERLIAIEERLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRWIAADIRDVLQAYRHN	CD19	
1052	MGSWIEFADRLDAILDRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREIAADIRAYLQAYRHN	CD19	
1053	MGSWLEFEYRLDAILDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLREVAADIRMLLQAYRHN	CD19	
1054	MGSWYEFHDRLDAITNRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRDWAADIRVWLQAYRHN	CD19	
1055	MGSWQEFEQRLDAINWRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELREWAADIRIFLQAYRHN	CD19	
1056	MGSWYEFYSRLDAIDSRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRDYAAEIRRYLQAYRHN	CD19	
1057	MGSWEEFHDRLEAISDRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRDWAADIRFYLQAYRHN	CD19	
1058	MGSWWEFDERLYAIEDRLFALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRIVAADIREILQAYRHN	CD19	
1059	MGSWEEFEYRLMAIEVRLWALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLREIAADIRQILQAYRHN	CD19	
1060	MGSWVVFKQRLAYIKDLLEALGGSEAELAYFEMSIAFFEEDLQVYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CD22	
1061	MGSWYEFKNDLAWIKVHLEALGGSEAELAYFEFRIAHFENALQYYKGKG	CD22	

	NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN		
1062	MGSWVEFYNRLWAIDHRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRYHAASIRVTLQAYRHN	CD22	
1063	MGSWSEFYDRLHAIHHRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRDTAAFIRTRLQAYRHN	CD22	
1064	MGSWKEFHFRLHAIEHRLIALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEFLRAKAANIRTHLQAYRHN	CD22	
1065	MGSWFEFHGRLHAIYGRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRAHAAHIRDHLQAYRHN	CD22	
1066	MGSWYEFADRLHAIHQRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRMTAAFIRSRLQAYRHN	CD22	
1067	MGSWNEFYNRLHAIHQRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRQTAAYIRDRLQAYRHN	CD22	
1068	MGSWNEFADRLHAIHQRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRMTAAFIRSRLQAYRHN	CD22	
1069	MGSWTEFSYRLGAIQSRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRYNAAKIRHFLQAYRHN	CD22	
1070	MGSWQEFTTRLEAIYHRLRALGGSEAELANFEGFIAEFEGNLQMYKGKG NPEVEALVHEAYAIMEELHAYRHN	DR5	
1071	MGSWVEFFDRLKAIHDRLEALGGSEAELAHFEKLIAHFEHRLQNYKGKG NPEVEALEKEADAILYELAAYRHN	DR5	
1072	MGSWYYFKHHLAWIKMELEALGGSEAELAHFESSIASFERDLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	DR5	
1073	MGSWVEFHIRLHAIQYRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRHWAAFIRLQLQAYRHN	DR5	
1074	MGSWNEFHDRLNAIHARLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRDDAAFIRRFLQAYRHN	PDL1	
1075	MGSWYEFTVRLEAIHERLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILRDDAAFIRRFLQAYRHN	PDL1	
1076	MGSWKEFDDRLNAIKARLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRDDAAFIRRFLQAYRHN	PDL1	
1077	MGSWYEFDDRLNAIHDRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRDDAAFIRRFLQAYRHN	PDL1	
1078	MGSWNEFKNRLDAIHKRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRDDAAFIRHFLQAYRHN	PDL1	
1079	MGSWTEFEQRLEAIHNRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRNDAAFIRHFLQAYRHN	PDL1	
780	MGSWVEFEARLSAIYERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRRHAAGIRSNLQAYRHN	CS1	
781	MGSWVEFFVRLDAIWERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRFHAAGIRQKLQAYRHN	CS1	
782	MGSWTEFNLRLDAIYERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG	CS1	

	NPEVEALRWHAAGIRQQLQAYRHN		
783	MGSWMEFYDRLDAIWVRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRFHAAGIREQLQAYRHN	CS1	
784	MGSWHEFNGRLWAIYARLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRRHAAGIRGILQAYRHN	CS1	
785	MGSWYEFVQRLHAINDRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRRHAAGIRYTLQAYRHN	CS1	
786	MGSWAEFYQRLNAIWNRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEVLRRHAAGIRGQLQAYRHN	CS1	
787	MGSWVEFNERLHAIYLRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRRHAAGIRWQLQAYRHN	CS1	
788	MGSWNEFKLELAFIKDWLEALGGSEAELANFEEAIAEFEAGLQGYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CS1	
789	MGSWMEFEARLEAIWDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVESLRFHAAGIRQHLQAYRHN	CS1	
790	MGSWVEFEDRLNAIWWRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRRHAAGIRTQLQAYRHN	CS1	
791	MGSWHHFKMHLAGIKLQLEALGGSEAELAEFEEWIADFEGALQDYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	CS1	
792	MGSWAEFFARLDAIWERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRFHAAGIRQKLQAYRHN	CS1	
793	MGSWAEFFARLDAIWDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRFHAAGIRQKLQAYRHN	CS1	
794	MGSWAEFFARLDAIWERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLKFHAAGIRQKLQAYRHN	CS1	
795	MGSWAEFFARLDAIWDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLKFHAAGIRQKLQAYRHN	CS1	
800	MGSWHEFRWRLFAIWQRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRLDAALIRVMLQAYRHN	HER2	10.02
801	MGSWAEFRWRLHAIWLKLGELGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREDAEQIKYILQAYRHN	HER2	
802	MGSWAEFRWALHAIWLKLGELGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLREDAEQIKYILQAYRHN	HER2	
803	MGSWAEFRWRLHAIWLKLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQDAAQIKYILQAYRHN	HER2	
804	MGSWAEFRWRLHAIWLQLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQDAAQIKYILQAYRHN	HER2	
805	MGSWAEFRWRLHAIWLRLGALGGTEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQDAAQIKYILQAYRHN	HER2	
806	MGSWAEFRWRLHAIWLRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQDAAQIKYILQAYRHN	HER2	
807	MGSWAEFRWKLEAIWLRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG	HER2	

	NPEVEWLRQDAAQIKYILQAYRHN		
808	MGSWAEFRWKLGAIWLRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQDAAQIKYILQAYRHN	HER2	
809	MGSWYEFRWRLHAIWLRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEWLRQDAAQIRYILQAYRHN	HER2	7.18
810	MGSWHEFLRRLLAIEMRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEHLRVRAASIRQMLQAYRHN	HER2	8.15
811	MGSWWGFKVNLAWIKWKLEALGGSEAELAYFELWIANFEHSLQEYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	HER2	8.69
812	MGSWVNFKTHLARIKVHLEALGGSEAELALFEHDIANFEQVLQQYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	HER2	7.91
813	MGSWLVFKDELAGIKNYLEALGGSEAELATFEQDIAWFEQWLQNYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	HER2	3.28
814	MGSWKTFKIELAGIKLELEALGGSEAELAGFENAIAQFESSLQYYKGKG NPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHN	HER2	4.95
815	MGSWWEFKVRLSAIQYRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALREQAALIRTILQAYRHN	HER2	5.17
816	MGSWWEFHIRLHAINYRLAALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRELAAKIRGDLQAYRHN	HER2	11.90
817	MGSWWEFQVRLRAIQYRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRGLAAQIRFDLQAYRHN	HER2	14.39
818	MGSWWEFKIRLYAIEYRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRAKAAQIRYNLQAYRHN	HER2	4.49
819	MGSWFEFNIRLHAIEYRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRNYAASIRKLLQAYRHN	HER2	7.86
820	MGSWFEFEIRLRAIEYRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRELAAEIRYALQAYRHN	HER2	7.75
821	MGSWFEFKIRLYAIQYRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRNLAAEIRHSLQAYRHN	HER2	13.08
822	MGSWWEFKVRLRAIEYRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRVLAASIRIHLQAYRHN	HER2	10.09
823	MGSWSEFWFRLHAILYRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVETLRDAAAEIRVALQAYRHN	HER2	14.79
824	MGSWIEFWVRLNAILYRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEALRDSAAEIRRWLQAYRHN	HER2	3.91
825	MGSWVEFWIRLNAIKYRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEKLRQDAADIRELLQAYRHN	HER2	10.62
826	MGSWTEFWWRLSAIVYRLNALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRDMAADIRSLLQAYRHN	HER2	5.76
827	MGSWWEFYLRLRAISYRLQALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEGLRQDAAEIRKLLQAYRHN	HER2	5.10
828	MGSWWEFHVRLRAIEYRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG	HER2	5.48

	NPEVEQLRLIAANIRHLLQAYRHN		
829	MGSWWEFHVRLKAIEYRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRYIAANIRQLLQAYRHN	HER2	4.56
830	MGSWWEFKVRLKAIEYRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRYIAANIRQLLQAYRHN	HER2	
831	MGSWWEFQVRLAAIEYRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVENLRQLAAHIRSVLQAYRHN	HER2	6.33
832	MGSWWEFQVRLSAIEYRLTALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEELRQKAARIRSLLQAYRHN	HER2	9.61
833	MGSWWEFNIRLHAIDYRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVELLREKAAQIRAQLQAYRHN	HER2	9.75
834	MGSWWEFRVRLEAIDYRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRMKAATIRAILQAYRHN	HER2	6.82
835	MGSWYEFDIRLEAIKYRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEYLRKKAAVIRSMLQAYRHN	HER2	5.35
836	MGSWWEFRIRLEAIWYRLHALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRIFAANIRSKLQAYRHN	HER2	8.04
837	MGSWWEFNVRLQAIKYRLSALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRKTAAHIRWQLQAYRHN	HER2	5.23
838	MGSWWEFNVRLSAIRYRLLALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRASAAQIRAMLQAYRHN	HER2	6.73
839	MGSWWEFNMRLSAIKYRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEILRRLAADIRERLQAYRHN	HER2	3.08
840	MGSWWEFHIRLRAIKYRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKG NPEVEDLRILAAEIRAQLQAYRHN	HER2	14.79

【表４】

表４．代表的抗原決定基配列

配列番号	抗原	配列
2	CD19	MPPPRLLFFLLFLTPMEVRPEEPLVVKVEEGDNAVLQCLKGTSDGPTQQLTWSRESPLKPFL KLSLGLPGLGIHMRPLAIWLFIFNVSQQMGGFYLCQPGPPSEKAWQPGWTVNVEGSGELFRW NVSDLGGLGCGLKNRSSEGPSSPSGKLMSPKLYVWAKDRPEIWEGEPPCLPPRDSLNQSLSQ DLTMAPGSTLWLSCGVPPDSVSRGPLSWTHVHPKGPKSLLSLELKDDRPARDMWVMETGLLL PRATAQDAGKYYCHRGNLTMSFHLEITARPVLWHWLLRTGGWK
3	CD19 － シグナル	PEEPLVVKVEEGDNAVLQCLKGTSDGPTQQLTWSRESPLKPFLKLSLGLPGLGIHMRPLAIW LFIFNVSQQMGGFYLCQPGPPSEKAWQPGWTVNVEGSGELFRWNVSDLGGLGCGLKNRSSEG PSSPSGKLMSPKLYVWAKDRPEIWEGEPPCLPPRDSLNQSLSQDLTMAPGSTLWLSCGVPPD SVSRGPLSWTHVHPKGPKSLLSLELKDDRPARDMWVMETGLLLPRATAQDAGKYYCHRGNLT MSFHLEITARPVLWHWLLRTGGWK
4	BCMA	MLQMAGQCSQNEYFDSLLHACIPCQLRCSSNTPPLTCQRYCNASVTNSVKGTNAILWTCLGL SLIISLAVFVLMFLLRKINSEPLKDEFKNTGSGLLGMANIDLEKSRTGDEIILPRGLEYTVE ECTCEDCIKSKPKVDSDHCFPLPAMEEGATILVTTKTNDYCKSLPAALSATEIEKSISAR
5	BCMA_ECD	MLQMAGQCSQNEYFDSLLHACIPCQLRCSSNTPPLTCQRYCNASVTNSVKGTNA
6	CD20	AGIYAPI
7	CD20	FLKMESLNFIRAHTP
8	CD20	EPANPSEK
9	CD20	KISHFLKMESLNFIRAHTPYINIYNCEPANPSEKNSPSTQYCYSIQS
10	CD20	PICVTV
11	CD123 － シグナル	TKEDPNPPITNLRMKAKAQQLTWDLNRNVTDIECVKDADYSMPAVNNSYCQFGAISLCEVTN YTVRVANPPFSTWILFPENSGKPWAGAENLTCWIHDVDFLSCSWAVGPGAPADVQYDLYLNV ANRRQQYECLHYKTDAQGTRIGCRFDDISRLSSGSQSSHILVRGRSAAFGIPCTDKFVVFSQ IEILTPPNMTAKCNKTHSFMHWKMRSHFNRKFRYELQIQKRMQPVITEQVRDRTSFQLLNPG TYTVQIRARERVYEFLSAWSTPQRFECDQEEGANTRAWR
12	CD37	DKTSFVSFVGLAFVPLQIWSK
13	CD37	RAQLERSLRDVVEKTIQKYGTNPEETAAEESWDYVQFQLRCCGWHYPQDWFQVLILRGNGSE AHRVPCSCYNLSATNDSTILDKVILPQLSRLGHLARSRHSADICAVPAESHIYREGCAQGLQ KWLHNN
14	AFP	MKWVESIFLIFLLNFTESRTLHRNEYGIASILDSYQCTAEISLADLATIFFAQFVQEATYKE VSKMVKDALTAIEKPTGDEQSSGCLENQLPAFLEELCHEKEILEKYGHSDCCSQSEEGRHNC FLAHKKPTPASIPLFQVPEPVTSCEAYEEDRETFMNKFIYEIARRHPFLYAPTILLWAARYD KIIPSCCKAENAVECFQTKAATVTKELRESSLLNQHACAVMKNFGTRTFQAITVTKLSQKFT KVNFTEIQKLVLDVAHVHEHCCRGDVLDCLQDGEKIMSYICSQQDTLSNKITECCKLTTLER GQCIIHAENDEKPEGLSPNLNRFLGDRDFNQFSSGEKNIFLASFVHEYSRRHPQLAVSVILR VAKGYQELLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVA YTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPG VGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVK QKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGV

15	AFP－シグナル	RTLHRNEYGIASILDSYQCTAEISLADLATIFFAQFVQEATYKEVSKMVKDALTAIEKPTGD EQSSGCLENQLPAFLEELCHEKEILEKYGHSDCCSQSEEGRHNCFLAHKKPTPASIPLFQVP EPVTSCEAYEEDRETFMNKFIYEIARRHPFLYAPTILLWAARYDKIIPSCCKAENAVECFQT KAATVTKELRESSLLNQHACAVMKNFGTRTFQAITVTKLSQKFTKVNFTEIQKLVLDVAHVH EHCCRGDVLDCLQDGEKIMSYICSQQDTLSNKITECCKLTTLERGQCIIHAENDEKPEGLSP NLNRFLGDRDFNQFSSGEKNIFLASFVHEYSRRHPQLAVSVILRVAKGYQELLEKCFQTENP LECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITR KMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSS LVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFS GLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGV
16	P26	LEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQL TSSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSS YANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEE QLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGV
1117	P26Q217P	LEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQL TSSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSS YANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEE QLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGPKLISKTRAALGV
1118	P26(Q26-V229)	QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSED KLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDD KFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVC FAEEGQKLISKTRAALGV
1119	P26(Q26-V229) Q217P	QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSED KLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDD KFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVC FAEEGPKLISKTRAALGV
1120	p26(K23-V229)	KYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQL SEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAF SDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQ EVCFAEEGQKLISKTRAALGV
1121	p26(K23-V229) Q217P	KYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQL SEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAF SDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQ EVCFAEEGPKLISKTRAALGV
1122	p26(G17-V229)	GEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATA ATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDET YVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKC CQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGV
1123	p26(G17-V229) Q217P	GEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATA ATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDET YVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKC CQGQEQEVCFAEEGPKLISKTRAALGV

41	CD22 成熟 ECD	DSSKWVFEHPETLYAWEGACVWIPCTYRALDGDLESFILFHNPEYNKNTSKFDGTRLYESTK DGKVPSEQKRVQFLGDKNKNCTLSIHPVHLNDSGQLGLRMESKTEKWMERIHLNVSERPFPP HIQLPPEIQESQEVTLTCLLNFSCYGYPIQLQWLLEGVPMRQAAVTSTSLTIKSVFTRSELK FSPQWSHHGKIVTCQLQDADGKFLSNDTVQLNVKHTPKLEIKVTPSDAIVREGDSVTMTCEV SSSNPEYTTVSWLKDGTSLKKQNTFTLNLREVTKDQSGKYCCQVSNDVGPGRSEEVFLQVQY APEPSTVQILHSPAVEGSQVEFLCMSLANPLPTNYTWYHNGKEMQGRTEEKVHIPKILPWHA GTYSCVAENILGTGQRGPGAELDVQYPPKKVTTVIQNPMPIREGDTVTLSCNYNSSNPSVTR YEWKPHGAWEEPSLGVLKIQNVGWDNTTIACAACNSWCSWASPVALNVQYAPRDVRVRKIKP LSEIHSGNSVSLQCDFSSSHPKEVQFFWEKNGRLLGKESQLNFDSISPEDAGSYSCWVNNSI GQTASKAWTLEVLYAPRRLRVSMSPGDQVMEGKSATLTCESDANPPVSHYTWFDWNNQSLPY HSQKLRLEPVKVQHSGAYWCQGTNSVGKGRSPLSTLTVYYSPETIGRR
1081	CD137 成熟 ECD	LQDPCSNCPAGTFCDNNRNQICSPCPPNSFSSAGGQRTCDICRQCKGVFRTRKECSSTSNAE CDCTPGFHCLGAGCSMCEQDCKQGQELTKKGCKDCCFGTFNDQKRGICRPWTNCSLDGKSVL VNGTKERDVVCGPSPADLSPGASSVTPPAPAREPGHSPQ
1102	ヒト CD45RABC	MTMYLWLKLLAFGFAFLDTEVFVTGQSPTPSPTGLTTAKMPSVPLSSDPLPTHTTAFSPAST FERENDFSETTTSLSPDNTSTQVSPDSLDNASAFNTTGVSSVQTPHLPTHADSQTPSAGTDT QTFSGSAANAKLNPTPGSNAISDVPGERSTASTFPTDPVSPLTTTLSLAHHSSAALPARTSN TTITANTSDAYLNASETTTLSPSGSAVISTTTIATTPSKPTCDEKYANITVDYLYNKETKLF TAKLNVNENVECGNNTCTNNEVHNLTECKNASVSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHD CTQVEKADTTICLKWKNIETFTCDTQNITYRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEIL YNNHKFTNASKIIKTDFGSPGEPQIIFCRSEAAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYIKETEKDC LNLDKNLIKYDLQNLKPYTKYVLSLHAYIIAKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMT SDNSMHVKCRPPRDRNGPHERYHLEVEAGNTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYFHN GDYPGEPFILHHSTSYNSKALIAFLAFLIIVTSIALLVVLYKIYDLHKKRSCNLDEQQELVE RDDEKQLMNVEPIHADILLETYKRKIADEGRLFLAEFQSIPRVFSKFPIKEARKPFNQNKNR YVDILPYDYNRVELSEINGDAGSNYINASYIDGFKEPRKYIAAQGPRDETVDDFWRMIWEQK ATVIVMVTRCEEGNRNKCAEYWPSMEEGTRAFGDVVVKINQHKRCPDYIIQKLNIVNKKEKA TGREVTHIQFTSWPDHGVPEDPHLLLKLRRRVNAFSNFFSGPIVVHCSAGVGRTGTYIGIDA MLEGLEAENKVDVYGYVVKLRRQRCLMVQVEAQYILIHQALVEYNQFGETEVNLSELHPYLH NMKKRDPPSEPSPLEAEFQRLPSYRSWRTQHIGNQEENKSKNRNSNVIPYDYNRVPLKHELE MSKESEHDSDESSDDDSDSEEPSKYINASFIMSYWKPEVMIAAQGPLKETIGDFWQMIFQRK VKVIVMLTELKHGDQEICAQYWGEGKQTYGDIEVDLKDTDKSSTYTLRVFELRHSKRKDSRT VYQYQYTNWSVEQLPAEPKELISMIQVVKQKLPQKNSSEGNKHHKSTPLLIHCRDGSQQTGI FCALLNLLESAETEEVVDIFQVVKALRKARPGMVSTFEQYQFLYDVIASTYPAQNGQVKKNN HQEDKIEFDNEVDKVKQDANCVNPLGAPEKLPEAKEQAEGSEPTSGTEGPEHSVNGPASPAL NQGS
1103	ヒト CD45RO	MTMYLWLKLLAFGFAFLDTEVFVTGQSPTPSPTDAYLNASETTTLSPSGSAVISTTTIATTP SKPTCDEKYANITVDYLYNKETKLFTAKLNVNENVECGNNTCTNNEVHNLTECKNASVSISH NSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHDCTQVEKADTTICLKWKNIETFTCDTQNITYRFQCGNM IFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEILYNNHKFTNASKIIKTDFGSPGEPQIIFCRSEAAHQGV ITWNPPQRSFHNFTLCYIKETEKDCLNLDKNLIKYDLQNLKPYTKYVLSLHAYIIAKVQRNG SAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMTSDNSMHVKCRPPRDRNGPHERYHLEVEAGNTLVRNES

		HKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYFHNGDYPGEPFILHHSTSYNSKALIAFLAFLIIVTSIALL VVLYKIYDLHKKRSCNLDEQQELVERDDEKQLMNVEPIHADILLETYKRKIADEGRLFLAEF QSIPRVFSKFPIKEARKPFNQNKNRYVDILPYDYNRVELSEINGDAGSNYINASYIDGFKEP RKYIAAQGPRDETVDDFWRMIWEQKATVIVMVTRCEEGNRNKCAEYWPSMEEGTRAFGDVVV KINQHKRCPDYIIQKLNIVNKKEKATGREVTHIQFTSWPDHGVPEDPHLLLKLRRRVNAFSN FFSGPIVVHCSAGVGRTGTYIGIDAMLEGLEAENKVDVYGYVVKLRRQRCLMVQVEAQYILI HQALVEYNQFGETEVNLSELHPYLHNMKKRDPPSEPSPLEAEFQRLPSYRSWRTQHIGNQEE NKSKNRNSNVIPYDYNRVPLKHELEMSKESEHDSDESSDDDSDSEEPSKYINASFIMSYWKP EVMIAAQGPLKETIGDFWQMIFQRKVKVIVMLTELKHGDQEICAQYWGEGKQTYGDIEVDLK DTDKSSTYTLRVFELRHSKRKDSRTVYQYQYTNWSVEQLPAEPKELISMIQVVKQKLPQKNS SEGNKHHKSTPLLIHCRDGSQQTGIFCALLNLLESAETEEVVDIFQVVKALRKARPGMVSTF EQYQFLYDVIASTYPAQNGQVKKNNHQEDKIEFDNEVDKVKQDANCVNPLGAPEKLPEAKEQ AEGSEPTSGTEGPEHSVNGPASPALNQGS
1104	アカゲザル CD45RABC	MTMCLWLKLLAFVFAFLDTEVFVTGQGSTLSPTGRRTTKMPSVPLSSDPLPTHTTAFSPASI SERENDFSETTPSLSSDNTSTHVSPDSLDNASAFNTTGVSSALTPHLPTHADSQTPSTGTDT QTPSGSAANTTLSPTPRSNDISDVPGERSTASTFPTDPISPLATTLIPARNSSAALPARTSN TTITANTSVSYLNASETTTPSPSGSTVISTPTIATTTSKPTCAEKYATIPVDYLYNNKTKLF TAKLNVNENVECTNNNHTHNICTNNEVLNLPECKEMNVFVSHNSCTDRHKELKLDVPPEVEK FQLDDCTPDVEANTTICLKWKIIETFACDKSKITYRFQCGNKTYNKEGIYLENLEPEYEYKC DSEILYNNHKYINITKLIKTDFGIPGQPQNVVCRHEDAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYVSK TAKKCLSLDKHLTTYHLQNLKPYTNYSLSLHAYIIAKVQRNGTAATCNFTTESAPPSQVQNM IVSTSDNSMRVKCEGPRDVNGPTGLYHLEVEAGNTLVRNLSQSKCDFSVNNLQYSTYYNLKA YYHNGKYSGEPVILRESTSYNSKALIAFLAFLIIVTSIALLVVLYKIYDLHKKRSCNLDEQQ ELVERDDEKQLMNVEPIHADILLETYKRKIADEGRLFLAEFQSIPRVFSKFPIKEARKPFNQ NKNRYVDILPYDYNRVELSEINGDAGSNYINASYIDGFKEPRKYIAAQGPRDETVDDFWRMI WEQKATVIVMVTRCEEGNRNKCAEYWPSMEEGTRAFGDVVVKINQHKRCPDYIIQKLNIVNK KEKATGREVTHIQFTSWPDHGVPEDPHLLLKLRRRVNAFSNFFSGPIVVHCSAGVGRTGTYI GIDAMLEGLEAENKVDVYGYVVKLRRQRCLMVQVEAQYILIHQALVEYNQFGETEVNLSELH PYLHNMKKRDPPSEPSPLEAEFQRLPSYRSWRTQHIGNQEENKNKNRNSNVIPYDYNRVPLK HELEMSKESDHDSDESSDDDSDSEEPSKYINASFIMSYWKPEVMIAAQGPLKETIGDFWQMI FQRKVKVIVMLTELKHGDQEICAQYWGEGKQTYGDIEVDMKDTNKSSTYTLRVFELRHSKRK DSRTVYQYQYTNWSVEQLPAEPKELVSLIQVLKEKLPQKNSSEGNKHHKSTPLLIHCRDGSQ QTGIFCALLNLLESAETEEVVDIFQVVKALRKARPGMVSTFEQYQFLYDIIASTYPAQNGQV KKNNHQEDKIEFDNEVDKVKQDANCVNPLGATEKLPEAKEQATGSEPTSGTEGPEHSVNGPA SPALNQGS
1105	カニクイザル CD45RABC	MTMCLWLKLLAFVFAFLDTEVFVTGQGSTLSPTGRRTTKMPSVPLSSDPLPTHTTAFSPASI SERENDFSETTPSLSSDNTSTQVSPDSLDNASAFNTTGVSSALTPHLPTHADSQTPSTGTDT QTPSGSAANTTLSPTPRSNDISDVPGERSTASTFPTDPISPLATTLIPARNSSAALPARTSN TTITANTSVSYLNASETTTPSPSGSTVISTPTIATTTSKPTCAEKYATIPVDYLYNNKTKLF TAKLNVNENVECTNNNHTHNICTNNEVLNLPECKEMNVFVSHNSCTDRHKELKLDVPPEVEK FQLDDCTPDVEANTTICLKWKIIETFACDKSKITYRFQCGNKTYNKEGIYLENLEPEYEYKC

		DSEILYNNHKYINITKLIKTDFGIPGQPQNVVCRHEDAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYVNK PAKKCLILDKHLTTYHLQNLKPYTNYSLSLHAYIIAKVQRNGTAATCNFTTESAPPSQVQNM IVSTSDNSMHVKCEVPRDVNGPTGLYHLEVEAGNTLVRNLSQSKCDFSVNNLQYSTYYNLKA YYHNGKYSGEPVILRESTSYNSKALIAFLAFLIIVTSIALLVVLYKIYDLHKKRSCNLDEQQ ELVERDDEKQLMNVEPIHADILLETYKRKIADEGRLFLAEFQSIPRVFSKFPIKEARKPFNQ NKNRYVDILPYDYNRVELSEINGDAGSNYINASYIDGFKEPRKYIAAQGPRDETVDDFWRMI WEQKATVIVMVTRCEEGNRNKCAEYWPSMEEGTRAFGDIVVKINQHKRCPDYIIQKLNIVNK KEKATGREVTHIQFTSWPDHGVPEDPHLLLKLRRRVNAFSNFFSGPIVVHCSAGVGRTGTYI GIDAMLEGLEAENKVDVYGYVVKLRRQRCLMVQVEAQYILIHQALVEYNQFGETEVNLSELH PYLHNMKKRDPPSEPSPLEAEFQRLPSYRSWRTQHIGNQEENKNKNRNSNVIPYDYNRVPLK HELEMSKESDHDSDESSDDDSDSEEPSKYINASFIMSYWKPEVMIAAQGPLKETIGDFWQMI FQRKVKVIVMLTELKHGDQEICAQYWGEGKQTYGDIEVDMKDTNKSSTYTLRVFELRHSKRK DSRTVYQYQYTNWSVEQLPAEPKELVSLIQVLKEKLPQKNFSEGNKHHKSTPLLIHCRDGSQ QTGIFCALLNLLESAETEEVVDIFQVVKALRKARPGMVSTFEQYQFLYDIIASTYPAQNGQV KKNNHQEDKIEFDNEVDKVKQDANCVNPLGATEKLPEAKEQATGSEPTSGTEGPEHSVNGPA SPALNQGS
1106	ヒト CD45RABC ECD	QSPTPSPTGLTTAKMPSVPLSSDPLPTHTTAFSPASTFERENDFSETTTSLSPDNTSTQVSP DSLDNASAFNTTGVSSVQTPHLPTHADSQTPSAGTDTQTFSGSAANAKLNPTPGSNAISDVP GERSTASTFPTDPVSPLTTTLSLAHHSSAALPARTSNTTITANTSDAYLNASETTTLSPSGS AVISTTTIATTPSKPTCDEKYANITVDYLYNKETKLFTAKLNVNENVECGNNTCTNNEVHNL TECKNASVSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHDCTQVEKADTTICLKWKNIETFTCDT QNITYRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEILYNNHKFTNASKIIKTDFGSPGEPQI IFCRSEAAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYIKETEKDCLNLDKNLIKYDLQNLKPYTKYVLSL HAYIIAKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMTSDNSMHVKCRPPRDRNGPHERYHLE VEAGNTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYFHNGDYPGEPFILHHSTSYNSK
1107	ヒト CD45RO ECD	QSPTPSPTDAYLNASETTTLSPSGSAVISTTTIATTPSKPTCDEKYANITVDYLYNKETKLF TAKLNVNENVECGNNTCTNNEVHNLTECKNASVSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHD CTQVEKADTTICLKWKNIETFTCDTQNITYRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEIL YNNHKFTNASKIIKTDFGSPGEPQIIFCRSEAAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYIKETEKDC LNLDKNLIKYDLQNLKPYTKYVLSLHAYIIAKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMT SDNSMHVKCRPPRDRNGPHERYHLEVEAGNTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYFHN GDYPGEPFILHHSTSYNSK
1108	ヒト CD45RA ECD	QSPTPSPTGLTTAKMPSVPLSSDPLPTHTTAFSPASTFERENDFSETTTSLSPDNTSTQVSP DSLDNASAFNTTDAYLNASETTTLSPSGSAVISTTTIATTPSKPTCDEKYANITVDYLYNKE TKLFTAKLNVNENVECGNNTCTNNEVHNLTECKNASVSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKF QLHDCTQVEKADTTICLKWKNIETFTCDTQNITYRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCD SEILYNNHKFTNASKIIKTDFGSPGEPQIIFCRSEAAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYIKET EKDCLNLDKNLIKYDLQNLKPYTKYVLSLHAYIIAKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMT VSMTSDNSMHVKCRPPRDRNGPHERYHLEVEAGNTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKA YFHNGDYPGEPFILHHSTSYNSK

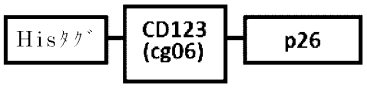
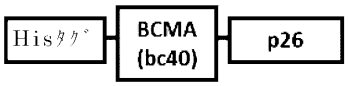
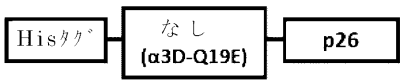
1109	ヒト CD45RB	QSPTPSPTGVSSVQTPHLPTHADSQTPSAGTDTQTFSGSAANAKLNPTPGSNAISDAYLNAS ETTTLSPSGSAVISTTTIATTPSKPTCDEKYANITVDYLYNKETKLFTAKLNVNENVECGNN TCTNNEVHNLTECKNASVSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHDCTQVEKADTTICLKW KNIETFTCDTQNITYRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEILYNNHKFTNASKIIKT DFGSPGEPQIIFCRSEAAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYIKETEKDCLNLDKNLIKYDLQNL KPYTKYVLSLHAYIIAKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMTSDNSMHVKCRPPRDR NGPHERYHLEVEAGNTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYFHNGDYPGEPFILHHSTS YNSK
1110	ヒト CD45RAB ECD	QSPTPSPTGLTTAKMPSVPLSSDPLPTHTTAFSPASTFERENDFSETTTSLSPDNTSTQVSP DSLDNASAFNTTGVSSVQTPHLPTHADSQTPSAGTDTQTFSGSAANAKLNPTPGSNAISDAY LNASETTTLSPSGSAVISTTTIATTPSKPTCDEKYANITVDYLYNKETKLFTAKLNVNENVE CGNNTCTNNEVHNLTECKNASVSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHDCTQVEKADTTI CLKWKNIETFTCDTQNITYRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEILYNNHKFTNASK IIKTDFGSPGEPQIIFCRSEAAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYIKETEKDCLNLDKNLIKYD LQNLKPYTKYVLSLHAYIIAKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMTSDNSMHVKCRP PRDRNGPHERYHLEVEAGNTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYFHNGDYPGEPFILH HSTSYNSK
1111	ヒト CD45RAC ECD	QSPTPSPTGLTTAKMPSVPLSSDPLPTHTTAFSPASTFERENDFSETTTSLSPDNTSTQVSP DSLDNASAFNTTDVPGERSTASTFPTDPVSPLTTTLSLAHHSSAALPARTSNTTITANTSDA YLNASETTTLSPSGSAVISTTTIATTPSKPTCDEKYANITVDYLYNKETKLFTAKLNVNENV ECGNNTCTNNEVHNLTECKNASVSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHDCTQVEKADTT ICLKWKNIETFTCDTQNITYRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEILYNNHKFTNAS KIIKTDFGSPGEPQIIFCRSEAAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYIKETEKDCLNLDKNLIKY DLQNLKPYTKYVLSLHAYIIAKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMTSDNSMHVKCR PPRDRNGPHERYHLEVEAGNTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYFHNGDYPGEPFIL HHSTSYNSK
1112	ヒト CD45RBC ECD	QSPTPSPTGVSSVQTPHLPTHADSQTPSAGTDTQTFSGSAANAKLNPTPGSNAISDVPGERS TASTFPTDPVSPLTTTLSLAHHSSAALPARTSNTTITANTSDAYLNASETTTLSPSGSAVIS TTTIATTPSKPTCDEKYANITVDYLYNKETKLFTAKLNVNENVECGNNTCTNNEVHNLTECK NASVSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHDCTQVEKADTTICLKWKNIETFTCDTQNIT YRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEILYNNHKFTNASKIIKTDFGSPGEPQIIFCR SEAAHQGVITWNPPQRSFHNFTLCYIKETEKDCLNLDKNLIKYDLQNLKPYTKYVLSLHAYI IAKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMTSDNSMHVKCRPPRDRNGPHERYHLEVEAG NTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYFHNGDYPGEPFILHHSTSYNSK
1113	ヒト CD26	MKTPWKVLLGLLGAAALVTIITVPVVLLNKGTDDATADSRKTYTLTDYLKNTYRLKLYSLRW ISDHEYLYKQENNILVFNAEYGNSSVFLENSTFDEFGHSINDYSISPDGQFILLEYNYVKQW RHSYTASYDIYDLNKRQLITEERIPNNTQWVTWSPVGHKLAYVWNNDIYVKIEPNLPSYRIT WTGKEDIIYNGITDWVYEEEVFSAYSALWWSPNGTFLAYAQFNDTEVPLIEYSFYSDESLQY PKTVRVPYPKAGAVNPTVKFFVVNTDSLSSVTNATSIQITAPASMLIGDHYLCDVTWATQER ISLQWLRRIQNYSVMDICDYDESSGRWNCLVARQHIEMSTTGWVGRFRPSEPHFTLDGNSFY KIISNEEGYRHICYFQIDKKDCTFITKGTWEVIGIEALTSDYLYYISNEYKGMPGGRNLYKI

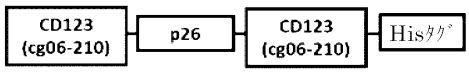
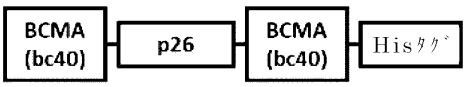
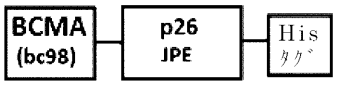
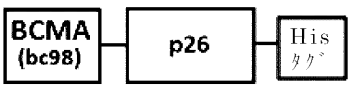
		QLSDYTKVTCLSCELNPERCQYYSVSFSKEAKYYQLRCSGPGLPLYTLHSSVNDKGLRVLED NSALDKMLQNVQMPSKKLDFIILNETKFWYQMILPPHFDKSKKYPLLLDVYAGPCSQKADTV FRLNWATYLASTENIIVASFDGRGSGYQGDKIMHAINRRLGTFEVEDQIEAARQFSKMGFVD NKRIAIWGWSYGGYVTSMVLGSGSGVFKCGIAVAPVSRWEYYDSVYTERYMGLPTPEDNLDH YRNSTVMSRAENFKQVEYLLIHGTADDNVHFQQSAQISKALVDVGVDFQAMWYTDEDHGIAS STAHQHIYTHMSHFIKQCFSLP
1114	ヒト CD30	MRVLLAALGLLFLGALRAFPQDRPFEDTCHGNPSHYYDKAVRRCCYRCPMGLFPTQQCPQRP TDCRKQCEPDYYLDEADRCTACVTCSRDDLVEKTPCAWNSSRVCECRPGMFCSTSAVNSCAR CFFHSVCPAGMIVKFPGTAQKNTVCEPASPGVSPACASPENCKEPSSGTIPQAKPTPVSPAT SSASTMPVRGGTRLAQEAASKLTRAPDSPSSVGRPSSDPGLSPTQPCPEGSGDCRKQCEPDY YLDEAGRCTACVSCSRDDLVEKTPCAWNSSRTCECRPGMICATSATNSCARCVPYPICAAET VTKPQDMAEKDTTFEAPPLGTQPDCNPTPENGEAPASTSPTQSLLVDSQASKTLPIPTSAPV ALSSTGKPVLDAGPVLFWVILVLVVVVGSSAFLLCHRRACRKRIRQKLHLCYPVQTSQPKLE LVDSRPRRSSTQLRSGASVTEPVAEERGLMSQPLMETCHSVGAAYLESLPLQDASPAGGPSS PRDLPEPRVSTEHTNNKIEKIYIMKADTVIVGTVKAELPEGRGLAGPAEPELEEELEADHTP HYPEQETEPPLGSCSDVMLSVEEEGKEDPLPTAASGK
1115	ヒト CD33	MPLLLLLPLLWAGALAMDPNFWLQVQESVTVQEGLCVLVPCTFFHPIPYYDKNSPVHGYWFR EGAIISRDSPVATNKLDQEVQEETQGRFRLLGDPSRNNCSLSIVDARRRDNGSYFFRMERGS TKYSYKSPQLSVHVTDLTHRPKILIPGTLEPGHSKNLTCSVSWACEQGTPPIFSWLSAAPTS LGPRTTHSSVLIITPRPQDHGTNLTCQVKFAGAGVTTERTIQLNVTYVPQNPTTGIFPGDGS GKQETRAGVVHGAIGGAGVTALLALCLCLIFFIVKTHRRKAARTAVGRNDTHPTTGSASPKH QKKSKLHGPTETSSCSGAAPTVEMDEELHYASLNFHGMNPSKDTSTEYSEVRTQ
1116	ヒト CD38	MANCEFSPVSGDKPCCRLSRRAQLCLGVSILVLILVVVLAVVVPRWRQQWSGPGTTKRFPET VLARCVKYTEIHPEMRHVDCQSVWDAFKGAFISKHPCNITEEDYQPLMKLGTQTVPCNKILL WSRIKDLAHQFTQVQRDMFTLEDTLLGYLADDLTWCGEFNTSKINYQSCPDWRKDCSNNPVS VFWKTVSRRFAEAACDVVHVMLNGSRSKIFDKNSTFGSVEVHNLQPEKVQTLEAWVIHGGRE DSRDLCQDPTIKELESIISKRNIQFSCKNIYRPDKFLQCVKNPEDSSCTSEI
1138	CS1 成熟 ECD	SGPVKELVGSVGGAVTFPLKSKVKQVDSIVWTFNTTPLVTIQPEGGTIIVTQNRNRERVDFP DGGYSLKLSKLKKNDSGIYYVGIYSSSLQQPSTQEYVLHVYEHLSKPKVTMGLQSNKNGTCV TNLTCCMEHGEEDVIYTWKALGQAANESHNGSILPISWRWGESDMTFICVARNPVSRNFSSP ILARKLCEGAADDPDSSM
1139	CS1	MAGSPTCLTLIYILWQLTGSAASGPVKELVGSVGGAVTFPLKSKVKQVDSIVWTFNTTPLVT IQPEGGTIIVTQNRNRERVDFPDGGYSLKLSKLKKNDSGIYYVGIYSSSLQQPSTQEYVLHV YEHLSKPKVTMGLQSNKNGTCVTNLTCCMEHGEEDVIYTWKALGQAANESHNGSILPISWRW GESDMTFICVARNPVSRNFSSPILARKLCEGAADDPDSSMVLLCLLLVPLLLSLFVLGLFLW FLKRERQEEYIEEKKRVDICRETPNICPHSGENTEYDTIPHTNRTILKEDPANTVYSTVEIP KKMENPHSLLTMPDTPRLFAYENVI
42	HER2 成熟 ECD	TQVCTGTDMKLRLPASPETHLDMLRHLYQGCQVVQGNLELTYLPTNASLSFLQDIQEVQGYV LIAHNQVRQVPLQRLRIVRGTQLFEDNYALAVLDNGDPLNNTTPVTGASPGGLRELQLRSLT EILKGGVLIQRNPQLCYQDTILWKDIFHKNNQLALTLIDTNRSRACHPCSPMCKGSRCWGES SEDCQSLTRTVCAGGCARCKGPLPTDCCHEQCAAGCTGPKHSDCLACLHFNHSGICELHCPA LVTYNTDTFESMPNPEGRYTFGASCVTACPYNYLSTDVGSCTLVCPLHNQEVTAEDGTQRCE

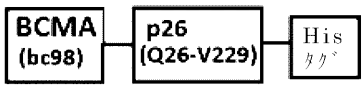
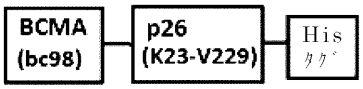
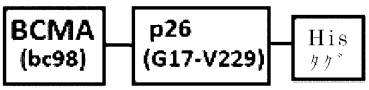
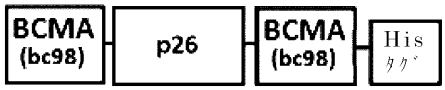
		KCSKPCARVCYGLGMEHLREVRAVTSANIQEFAGCKKIFGSLAFLPESFDGDPASNTAPLQP EQLQVFETLEEITGYLYISAWPDSLPDLSVFQNLQVIRGRILHNGAYSLTLQGLGISWLGLR SLRELGSGLALIHHNTHLCFVHTVPWDQLFRNPHQALLHTANRPEDECVGEGLACHQLCARG HCWGPGPTQCVNCSQFLRGQECVEECRVLQGLPREYVNARHCLPCHPECQPQNGSVTCFGPE ADQCVACAHYKDPPFCVARCPSGVKPDLSYMPIWKFPDEEGACQPCPINCTHSCVDLDDKGC PAEQRASPLT

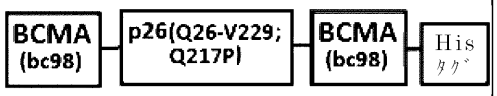
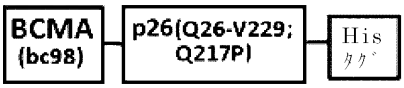
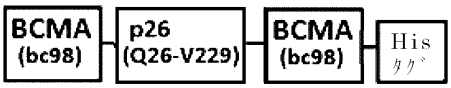
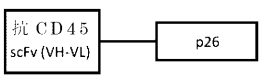
【表５】

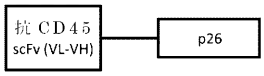
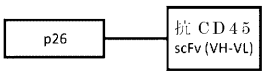
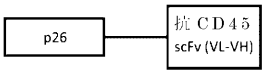
表５．代表的アダプター

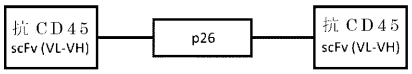
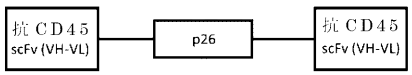
配列番号	アダプター設計	アダプター配列
1082		DEMGSWDEFGRRLYAIEWRLYALGGSEAELAAFEKEIA AFESELQAYKGKGNPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHNG GGGSGGGGSGGGGSGMLQMAGQCSQNEYFDSLLHACIP CQLRCSSNTPPLTCQRYCNASVTNSVKGTNAGGGGSGG GGSGGGGSHHHHHHHHHH
1083		DEGGGGSMGSWAEFKQRLAAIKTRLQALGGSEAELAAF EKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQA YRHNGGGGSGGGGSGGGGSGMLQMAGQCSQNEYFDSLL HACIPCQLRCSSNTPPLTCQRYCNASVTNSVKGTNAGG GGSGGGGSGGGGSHHHHHHHHHH
1084		DEHHHHHHHHHHHKLENLYFQGGGGGSMGSWDEFGRRLY AIEWRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGN PEVEKLREIAAVIRSNLQAYRHNGGGGSGGGGSGGGGS LEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGL FQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAA TAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVN PGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFI FHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEA VIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALG V
1085		DEHHHHHHHHHHHKLENLYFQGGGGGSMGSWSEFWVRLG AIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGN PEVEKLRYTAATIRRFLQAYRHNGGGGSGGGGSGGGGS LEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGL FQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAA TAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVN PGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFI FHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEA VIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALG V
1086		DEHHHHHHHHHHHKLENLYFQGGGGGSMGSWAEFKQRLA AIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGN PEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGGGSGGGGSGGGGS LEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGL FQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAA TAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVN PGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFI FHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEA

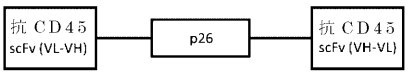
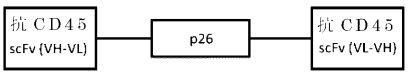
		VIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALG V
1087		DEGGGGSMGSWDEFGRRLYAIEWQLYALGGTEAELAAF EKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEKLREIAAVIRENLQA YRHNGGGGSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGE EELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYT KKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGE GAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCF SSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQ EFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQ EVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSMG SWDEFGRRLYAIEWQLYALGGTEAELAAFEKEIAAFES ELQAYKGKGNPEVEKLREIAAVIRENLQAYRHNGGGGS GGGGSGGGGSHHHHHHHHHH
1088		DEGGGGSMGSWSEFWVRLGAIRERLDALGGSEAELAAF EKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAATIRRFLQA YRHNGGGGSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGE EELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYT KKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGE GAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCF SSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQ EFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQ EVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSMG SWSEFWVRLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFES ELQAYKGKGNPEVEKLRYTAATIRRFLQAYRHNGGGGS GGGGSGGGGSHHHHHHHHHH
1124		DEGGGGSMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAF EKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQA YRHNGGGGDGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGE EELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYT KKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGE GAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCF SSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQ EFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQ EVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSHH HHHHHHHH
1125		DEMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIA AFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHNG GGGDGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQK YIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQ LTSSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADI IIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVV

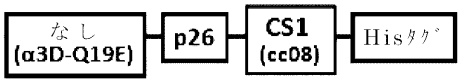
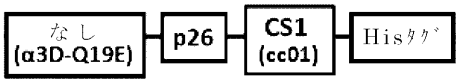
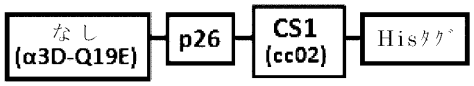
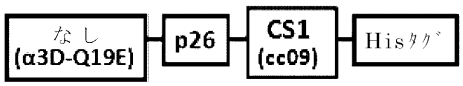
		DETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLIN LVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFA EEGQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSHHHHHHH HHH
1126		DEMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIA AFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHNG GGGDGGGGSGGGGSGQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQ NAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSE DKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSS YANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQG VALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLE KCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGGGSGGGG SGGGGSHHHHHHHHHH
1127		DEMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIA AFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHNG GGGDGGGGSGGGGSGKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEY YLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQ LSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCC TSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQ AQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSG LLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGGGSG GGGSGGGGSHHHHHHHHH
1128		DEMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIA AFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHNG GGGDGGGGSGGGGSGGEEELQKYIQESQALAKRSCGLF QKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAAT AATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNP GVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIF HKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAV IADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGV GGGGSGGGGSGGGGSHHHHHHHHHH
1129		DEGGGGSMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAF EKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQA YRHNGGGGDGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGE EELQKYIQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYT KKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGE GAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCF SSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQ EFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQ EVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSMG SWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIAAFES ELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHNGGGGD

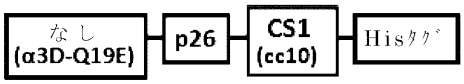
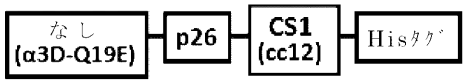
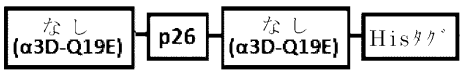
		GGGGSGGGGSHHHHHHHHHH
1130		DEMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIA AFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHNG GGGDGGGGSGGGGSGQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQ NAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSE DKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSS YANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQG VALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLE KCCQGQEQEVCFAEEGPKLISKTRAALGVGGGGSGGGG SGGGGSMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFE KEIAAFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAY RHNGGGGSGGGGSGGGGSHHHHHHHHHH
1131		DEMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIA AFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHNG GGGDGGGGSGGGGSGQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQ NAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSE DKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSS YANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQG VALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLE KCCQGQEQEVCFAEEGPKLISKTRAALGVGGGGSGGGG SGGGGSHHHHHHHHHH
1132		DEMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFEKEIA AFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAYRHNG GGGDGGGGSGGGGSGQESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQ NAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAATCCQLSE DKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSS YANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQG VALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIADFSGLLE KCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGGGSGGGG SGGGGSMGSWSEFWARLGAIRERLDALGGSEAELAAFE KEIAAFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAGTIKRFLQAY RHNGGGGSGGGGSGGGGSHHHHHHHHHH
1141		QVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVR QAPGKGLEWIGEINPTSSTINFTPSLKDKVFISRDNAK NTLYLQMSKVRSEDTALYYCARGNYYRYGDAMDYWGQG TSVTVSGGGGSGGGGSAGGGSDIVLTQSPASLAVSLGQ RATISCRASKSVSTSGYSYLHWYQQKPGQPPKLLIYLA SNLESGVPARFSGSGSGTDFTLNIHPVEEEDAATYYCQ HSRELPFTFGSGTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSGLEKC FQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKL GEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAAT

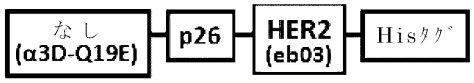
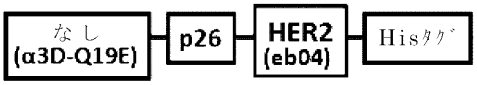
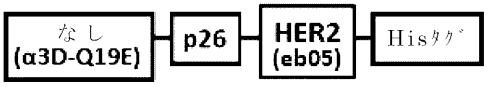
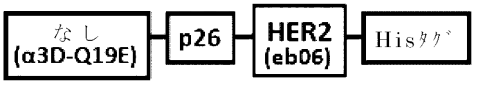
		CCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVG QCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKD LCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIAD FSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGV
1142		DIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRASKSVSTSGYSYLH WYQQKPGQPPKLLIYLASNLESGVPARFSGSGSGTDFT LNIHPVEEEDAATYYCQHSRELPFTFGSGTKLEIKGGG GSGGGGSAGGGSQVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG FDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEINPTSSTINFTPSL KDKVFISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCARGNYY RYGDAMDYWGQGTSVTVSGGGGSGGGGSGGGGSGLEKC FQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKL GEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAAT CCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVG QCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKD LCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIAD FSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGV
1143		LEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGL FQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAA TAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVN PGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFI FHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEA VIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALG VGGGGSGGGGSGGGGSGQVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEINPTSSTIN FTPSLKDKVFISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCA RGNYYRYGDAMDYWGQGTSVTVSGGGGSGGGGSAGGGS DIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRASKSVSTSGYSYLH WYQQKPGQPPKLLIYLASNLESGVPARFSGSGSGTDFT LNIHPVEEEDAATYYCQHSRELPFTFGSGTKLEIK
1144		LEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGL FQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAA TAATCCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVN PGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFI FHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEA VIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALG VGGGGSGGGGSGGGGSGDIVLTQSPASLAVSLGQRATI SCRASKSVSTSGYSYLHWYQQKPGQPPKLLIYLASNLE SGVPARFSGSGSGTDFTLNIHPVEEEDAATYYCQHSRE LPFTFGSGTKLEIKGGGGSGGGGSAGGGSQVQLVESGG GLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEW IGEINPTSSTINFTPSLKDKVFISRDNAKNTLYLQMSK

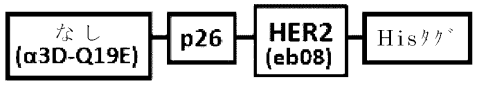
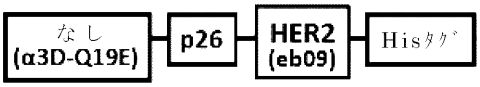
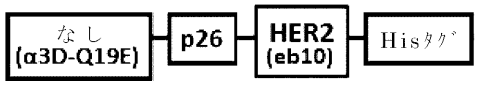
		VRSEDTALYYCARGNYYRYGDAMDYWGQGTSVTVS
1145		DIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRASKSVSTSGYSYLH WYQQKPGQPPKLLIYLASNLESGVPARFSGSGSGTDFT LNIHPVEEEDAATYYCQHSRELPFTFGSGTKLEIKGGG GSGGGGSAGGGSQVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG FDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEINPTSSTINFTPSL KDKVFISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCARGNYY RYGDAMDYWGQGTSVTVSGGGGSGGGGSGGGGSGLEKC FQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKL GEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAAT CCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVG QCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKD LCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIAD FSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGG GSGGGGSGGGGSGDIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRA SKSVSTSGYSYLHWYQQKPGQPPKLLIYLASNLESGVP ARFSGSGSGTDFTLNIHPVEEEDAATYYCQHSRELPFT FGSGTKLEIKGGGGSGGGGSAGGGSQVQLVESGGGLVQ PGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEI NPTSSTINFTPSLKDKVFISRDNAKNTLYLQMSKVRSE DTALYYCARGNYYRYGDAMDYWGQGTSVTVS
1146		QVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVR QAPGKGLEWIGEINPTSSTINFTPSLKDKVFISRDNAK NTLYLQMSKVRSEDTALYYCARGNYYRYGDAMDYWGQG TSVTVSGGGGSGGGGSAGGGSDIVLTQSPASLAVSLGQ RATISCRASKSVSTSGYSYLHWYQQKPGQPPKLLIYLA SNLESGVPARFSGSGSGTDFTLNIHPVEEEDAATYYCQ HSRELPFTFGSGTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSGLEKC FQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKL GEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAAT CCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVG QCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKD LCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIAD FSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGG GSGGGGSGGGGSGQVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEINPTSSTINFTPS LKDKVFISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCARGNY YRYGDAMDYWGQGTSVTVSGGGGSGGGGSAGGGSDIVL TQSPASLAVSLGQRATISCRASKSVSTSGYSYLHWYQQ KPGQPPKLLIYLASNLESGVPARFSGSGSGTDFTLNIH PVEEEDAATYYCQHSRELPFTFGSGTKLEIK

1147		DIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRASKSVSTSGYSYLH WYQQKPGQPPKLLIYLASNLESGVPARFSGSGSGTDFT LNIHPVEEEDAATYYCQHSRELPFTFGSGTKLEIKGGG GSGGGGSAGGGSQVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG FDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEINPTSSTINFTPSL KDKVFISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCARGNYY RYGDAMDYWGQGTSVTVSGGGGSGGGGSGGGGSGLEKC FQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKL GEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAAT CCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVG QCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKD LCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIAD FSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGG GSGGGGSGGGGSGQVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEINPTSSTINFTPS LKDKVFISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCARGNY YRYGDAMDYWGQGTSVTVSGGGGSGGGGSAGGGSDIVL TQSPASLAVSLGQRATISCRASKSVSTSGYSYLHWYQQ KPGQPPKLLIYLASNLESGVPARFSGSGSGTDFTLNIH PVEEEDAATYYCQHSRELPFTFGSGTKLEIK
1148		QVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVR QAPGKGLEWIGEINPTSSTINFTPSLKDKVFISRDNAK NTLYLQMSKVRSEDTALYYCARGNYYRYGDAMDYWGQG TSVTVSGGGGSGGGGSAGGGSDIVLTQSPASLAVSLGQ RATISCRASKSVSTSGYSYLHWYQQKPGQPPKLLIYLA SNLESGVPARFSGSGSGTDFTLNIHPVEEEDAATYYCQ HSRELPFTFGSGTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSGLEKC FQTENPLECQDKGEEELQKYIQESQALAKRSCGLFQKL GEYYLQNAFLVAYTKKAPQLTSSELMAITRKMAATAAT CCQLSEDKLLACGEGAADIIIGHLCIRHEMTPVNPGVG QCCTSSYANRRPCFSSLVVDETYVPPAFSDDKFIFHKD LCQAQGVALQTMKQEFLINLVKQKPQITEEQLEAVIAD FSGLLEKCCQGQEQEVCFAEEGQKLISKTRAALGVGGG GSGGGGSGGGGSGDIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRA SKSVSTSGYSYLHWYQQKPGQPPKLLIYLASNLESGVP ARFSGSGSGTDFTLNIHPVEEEDAATYYCQHSRELPFT FGSGTKLEIKGGGGSGGGGSAGGGSQVQLVESGGGLVQ PGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEI NPTSSTINFTPSLKDKVFISRDNAKNTLYLQMSKVRSE DTALYYCARGNYYRYGDAMDYWGQGTSVTVS
1150	α3D Q19E-p26-cc08.HIS	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG

		GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWVEFN ERLHAIYLRLDALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVETLRRHAAGIRWQLQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1151	α3D Q19E-p26-cc01.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWVEFE ARLSAIYERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVEKLRRHAAGIRSNLQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1152	α3D Q19E-p26-cc02.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWVEFF VRLDAIWERLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVETLRFHAAGIRQKLQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1153	α3D Q19E-p26-cc09.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE

		GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWNEFK LELAFIKDWLEALGGSEAELANFEEAIAEFEAGLQGYK GKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1154	α3D Q19E-p26-cc10.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWMEFE ARLEAIWDRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVESLRFHAAGIRQHLQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1155	α3D Q19E-p26-cc12.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWHHFK MHLAGIKLQLEALGGSEAELAEFEEWIADFEGALQDYK GKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1156	α3D(Q19E).3xGS.p26.3xGS. α3D(Q19E).HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWAEFK QRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1157	α3D(Q19E).3xGS.p26.3xGS.eb03.HIS	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG

		GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWAEFR WRLHAIWLQLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVEWLRQDAAQIKYILQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1158	α3D(Q19E).3xGS.p26.3xGS.eb04.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWKTFK IELAGIKLELEALGGSEAELAGFENAIAQFESSLQYYK GKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1159	α3D(Q19E).3xGS.p26.3xGS.eb05.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWHEFL RRLLAIEMRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVEHLRVRAASIRQMLQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1160	α3D(Q19E).3xGS.p26.3xGS.eb06.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE

		GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWWEFR VRLEAIDYRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVEYLRMKAATIRAILQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1161	α3D(Q19E).3xGS.p26.3xGS.eb08.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWYEFR WRLHAIWLRLGALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVEWLRQDAAQIRYILQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1162	α3D(Q19E).3xGS.p26.3xGS.eb09.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWWEFN IRLHAIDYRLKALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVELLREKAAQIRAQLQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH
1163	α3D(Q19E).3xGS.p26.3xGS.eb10.HIS 	MGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSEAELAAFEKEIAAF ESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNGGG GSGGGGSGGGGSGLEKCFQTENPLECQDKGEEELQKYI QESQALAKRSCGLFQKLGEYYLQNAFLVAYTKKAPQLT SSELMAITRKMAATAATCCQLSEDKLLACGEGAADIII GHLCIRHEMTPVNPGVGQCCTSSYANRRPCFSSLVVDE TYVPPAFSDDKFIFHKDLCQAQGVALQTMKQEFLINLV KQKPQITEEQLEAVIADFSGLLEKCCQGQEQEVCFAEE GQKLISKTRAALGVGGGGSGGGGSGGGGSGMGSWWEFN MRLSAIKYRLYALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYK GKGNPEVEILRRLAADIRERLQAYRHNGGGGSGGGGSG GGGSHHHHHHHHHH

【表６】

表６．代表的 ADBD CAR 配列

配列番号	CAR 設計	CAR 配列
1089	CTsp-Flag-GSlinker-αD3(Q19E)-GSlinker-CD8H-TM-41BB-CD3ζ	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWAEFKQRLAAIKTRL EALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRH NGQAGSGTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDFACDIY IWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLLYIFKQPFMRPVQTTQEEDGCSCRF PEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRRGRDPE MGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGLSTATK DTYDALHMQALPPR
1090	CTsp-Flag-GSlinker-cg06-GSlinker-CD8H-TM-41BB-CD3ζ	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWDEFGRRLYAIEWRL YALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEKLREIAAVIRSNLQAYRH NGGGGSGGGGSGTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDF ACDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLLYIFKQPFMRPVQTTQEEDG CSCRFPEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRR GRDPEMGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGL STATKDTYDALHMQALPPR
1091	CTsp-Flag-GSlinker-bc40-GSlinker-CD8H-TM-41BB-CD3ζ	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWSEFWVRLGAIRERL DALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEKLRYTAATIRRFLQAYRH NGGGGSGGGGSGTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDF ACDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLLYIFKQPFMRPVQTTQEEDG CSCRFPEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRR GRDPEMGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGL STATKDTYDALHMQALPPR
1092	CTsp-Flag-GSlinker-af03-GSlinker-CD8H-TM-41BB-CD3ζ	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWFEFYDRLNAIDARL WALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVENLRVHAAAIREWLQAYRH NGGGGSGGGGSGTTTPAPRPPTPAPTIASMGSWAEFKQRLAAIKTRLEALGGSE AELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVEALRKEAAAIRDELQAYRHNQPLSLR PEACRPAAGGAVHTRGLDFACDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLL YIFKQPFMRPVQTTQEEDGCSCRFPEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQL YNELNLGRREEYDVLDKRRGRDPEMGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEI GMKGERRRGKGHDGLYQGLSTATKDTYDALHMQALPPR
1093	CTsp-Flag-GSlinker-af05-GSlinker-CD8H-TM-41BB-CD3ζ	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWLEFYHRLNAIDSRL WALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVESLRDHAAHIREWLQAYRH NGGGGSGGGGSGTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDF ACDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLLYIFKQPFMRPVQTTQEEDG CSCRFPEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRR GRDPEMGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGL STATKDTYDALHMQALPPR
1133	CTsp-Flag-GSlinker-af59-GSlinker-CD8H-	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWFEFYDRLNAIDARL WALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVESLRVHAAAIREWLQAYRH NGGGGSGGGGSGTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDF

	TM-41BB-CD3ζ	ACDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLLYIFKQPFMRPVQTTQEEDG CSCRFPEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRR GRDPEMGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGL STATKDTYDALHMQALPPR
1134	CTsp-Flag- GSlinker-af83- GSlinker-CD8H- TM-41BB-CD3ζ	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWSEFYDRLNAIDARL WALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVESLRVHAAAIREWLQAYRH NGGGGSGGGGSGTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDF ACDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLLYIFKQPFMRPVQTTQEEDG CSCRFPEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRR GRDPEMGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGL STATKDTYDALHMQALPPR
1135	CTsp-Flag- GSlinker-af99- GSlinker-CD8H- TM-41BB-CD3ζ	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWFEFYDRLNAIDARL WALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVESLREHAAAIREWLQAYRH NGGGGSGGGGSGTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDF ACDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLLYIFKQPFMRPVQTTQEEDG CSCRFPEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRR GRDPEMGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGL STATKDTYDALHMQALPPR
1136	CTsp-Flag- GSlinker-af101- GSlinker-CD8H- TM-41BB-CD3ζ	MAFLWLLSCWALLGTTFGDYKDDDDKGGGGSGGGGSMGSWSEFYDRLNAIDARL WALGGSEAELAAFEKEIAAFESELQAYKGKGNPEVESLREHAAAIREWLQAYRH NGGGGSGGGGSGTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDF ACDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCKRGRKKLLYIFKQPFMRPVQTTQEEDG CSCRFPEEEEGGCELRVKFSRSADAPAYKQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRR GRDPEMGGKPRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGL STATKDTYDALHMQALPPR

【手続補正４】
【補正対象書類名】明細書
【補正対象項目名】配列表
【補正方法】変更
【補正の内容】
【配列表】
2021503006000001.app