(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2024-0027895
(43) 공개일자 2024년03월04일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
A61K 39/00 (2006.01) *A61P 35/00* (2006.01)
C07K 14/47 (2006.01)
(52) CPC특허분류
A61K 39/0011 (2023.05)
A61P 35/00 (2018.01)
(21) 출원번호 10-2024-7006135(분할)
(22) 출원일자(국제) 2018년05월02일
심사청구일자 없음
(62) 원출원 특허 10-2019-7035028
원출원일자(국제) 2018년05월02일
심사청구일자 2021년04월19일
(85) 번역문제출일자 2024년02월22일
(86) 국제출원번호 PCT/US2018/030725
(87) 국제공개번호 WO 2018/204534
국제공개일자 2018년11월08일
(30) 우선권주장
62/500,053 2017년05월02일 미국(US)
62/561,760 2017년09월22일 미국(US)

(71) 출원인
이뮤노믹 쎄라퓨틱스, 인크.
미국 20850 메릴랜드주 록빌 브로샤트 로드 15010 스위트 250
(72) 발명자
헤일랜드, 테리
미국 21774 메릴랜드주 뉴 마켓 소여 로드 6241
(74) 대리인
양영준, 김영

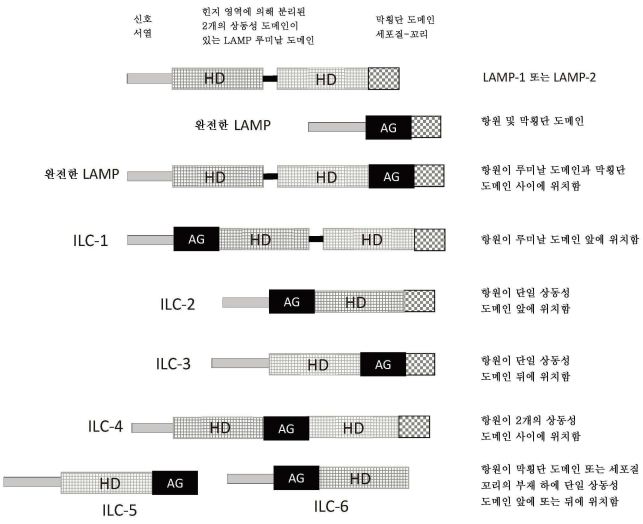
전체 청구항 수 : 총 84 항

(54) 발명의 명칭 **암 항원을 포함하는 LAMP (리소솜 연관 막 단백질) 구축물**

(57) 요 약

본 발명은 강화된 프로세싱을 위해 암 항원을 면역 세포로 전달하기 위한 LAMP 루미날 도메인의 특정 단편을 포함하는 LAMP 구축물을 제공한다. 이러한 LAMP 구축물은 질환, 특히 과다증식성 장애 및/또는 암의 치료에 사용될 수 있다. LAMP 구축물은 대상체에게 투여되었을 때 면역 반응의 생산을 위한 정확하게 형상화된 3차원 에피토프의 제시를 허용한다. LAMP 구축물은 다가 분자일 수 있고/있거나, 2개 이상의 LAMP 구축물을 함유하는 다가 백신의 일부로서 제공될 수 있다. 본원에 기술된 바와 같은 LAMP 구축물은 비-인간 척추동물에게 투여되었을 때 항체를 생성시키는데 사용될 수도 있다.

대 표 도



(52) CPC특허분류
C07K 14/4748 (2013.01)
A61K 2039/5154 (2023.05)
A61K 2039/53 (2013.01)
A61K 2039/545 (2013.01)
A61K 2039/6031 (2013.01)
A61K 2039/64 (2013.01)

명 세 서

청구범위

청구항 1

하기를 포함하는 리소좀 연관 막 단백질 (LAMP) 구축물이며:

a. LAMP 단백질의 루미날 도메인의 2개의 상동성 도메인, 및

b. 2개의 상동성 도메인 사이에 위치하고, 적어도 하나의 pp65의 에피토프, 적어도 하나의 gB의 에피토프, 및 적어도 하나의 IE1의 에피토프 중 하나 이상을 포함하는 항원성 도메인,

여기서 LAMP 단백질은 인간 LAMP-1인 LAMP 구축물.

청구항 2

제1항에 있어서, 항원성 도메인이 적어도 하나의 pp65의 에피토프 및 적어도 하나의 IE1의 에피토프를 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 3

제1항에 있어서, 항원성 도메인이 적어도 하나의 gB의 에피토프를 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 4

제1항에 있어서, 항원성 도메인의 에피토프들이 링커에 의해 분리된 것인 LAMP 구축물.

청구항 5

제4항에 있어서, 링커가 아미노산 서열 GPGPG 또는 PMGLP로부터 선택되는 것인 LAMP 구축물.

청구항 6

제1항에 있어서, LAMP 단백질의 막횡단 도메인 및/또는 세포질 꼬리를 추가로 포함하는 LAMP 구축물.

청구항 7

제1항에 있어서, 신호 서열을 추가로 포함하는 LAMP 구축물.

청구항 8

제7항에 있어서, 신호 서열이 LAMP 단백질로부터 유래되는 것인 LAMP 구축물.

청구항 9

제1항에 있어서, LAMP 단백질이 서열식별번호: 1의 아미노산 서열을 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 10

제1항에 있어서, LAMP 단백질이 서열식별번호: 1의 아미노산 서열에 대해 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98% 또는 적어도 99% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 11

제1항에 있어서, 2개의 상동성 도메인이 인간 LAMP-1 상동성 도메인 1 및 인간 LAMP-1 상동성 도메인 2를 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 12

제1항에 있어서, 인간 LAMP-1 상동성 도메인 1이

(a) 서열식별번호: 1의 잔기 29 내지 194의 아미노산 서열, 또는

(b) (a)의 아미노산 서열에 대해 적어도 95% 또는 적어도 97% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 (a)의 변이체를 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 13

제1항에 있어서, 인간 LAMP-1 상동성 도메인 2가 서열식별번호: 1의 잔기 228 내지 381 또는 잔기 228 내지 382의 아미노산 서열을 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 14

제1항에 있어서, 인간 LAMP-1 상동성 도메인 1이

(a) 서열식별번호: 1의 잔기 29 내지 194의 아미노산 서열, 또는

(b) (a)의 아미노산 서열에 대해 적어도 95% 또는 적어도 97% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 (a)의 변이체를 포함하고;

인간 LAMP-1 상동성 도메인 2가 서열식별번호: 1의 잔기 228 내지 381 또는 잔기 228 내지 382의 아미노산 서열을 포함하는 것인

LAMP 구축물.

청구항 15

제6항에 있어서, 막횡단 도메인이 서열식별번호: 1의 잔기 383 내지 405를 포함하고/하거나 세포질 꼬리가 서열식별번호: 1의 잔기 406 내지 417을 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 16

제1항에 있어서, 적어도 하나의 pp65의 에피토프가 서열식별번호: 114의 아미노산 서열을 포함하거나, 또는 서열식별번호: 114에 대해 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98% 또는 적어도 99% 동일한 아미노산 서열을 포함하고/하거나;

적어도 하나의 gB의 에피토프가 서열식별번호: 117의 아미노산 서열을 포함하거나, 또는 서열식별번호: 117에 대해 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98% 또는 적어도 99% 동일한 아미노산 서열을 포함하고/하거나;

적어도 하나의 IE1의 에피토프가 서열식별번호: 121의 아미노산 서열을 포함하거나, 또는 서열식별번호: 121에 대해 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98% 또는 적어도 99% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 것인

LAMP 구축물.

청구항 17

제1항에 있어서, 적어도 하나의 pp65의 에피토프가 LLQTGIHVRVSQPSL, ALPLKMLNIPSINVH, DQYVKVYLESFCEDV, IIKPGKISHIMLDVAFTSH, PQYSEHPTFTSQYRIQGKL, PPWQAGILARNLVPMV, 또는 KYQEFFWDANDIYRIFA 중 하나 이상을 포함하고/하거나;

적어도 하나의 gB의 에피토프가 TTSAQTRSVYSQHVT, QLIPDDYSNTHSTRYV, VSVFETSGGLVVFWQ, 또는 NSAYEYVDYLFKRMIDLS 중 하나 이상을 포함하고/하거나;

적어도 하나의 IE1의 에피토프가 VLAELVKQIKVRVDMVRHRIKEHMLKKYTQ, IVPEDKREMWMACIKELH, KDELRRKMMYMCYRNIEFFTKNSAFPKTT, SVMKRRIEEICMKVFAQYI, AIAEESDEEEAIVAY, 또는 VKSEPVSEIEEVAPEEEEDG 중 하나 이상을 포함하는 것인

LAMP 구축물.

청구항 18

제1항에 있어서, 항원성 도메인이 서열식별번호: 115, 116, 119, 120, 122, 또는 123 중 하나 이상을 포함하는

것인 LAMP 구축물.

청구항 19

제1항에 있어서, 항원성 도메인이 서열식별번호: 114, 서열식별번호: 117, 및 서열식별번호: 121 중 하나 이상을 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 20

제1항에 있어서, 항원성 도메인이 서열식별번호: 114 및 서열식별번호: 121을 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 21

제1항에 있어서, 항원성 도메인이 서열식별번호: 117을 포함하는 것인 LAMP 구축물.

청구항 22

제1항 내지 제21항 중 어느 한 항의 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드.

청구항 23

제22항에 있어서, DNA인 폴리뉴클레오티드.

청구항 24

제22항에 있어서, RNA인 폴리뉴클레오티드.

청구항 25

제22항에 있어서, 바이러스 벡터인 폴리뉴클레오티드.

청구항 26

제22항에 있어서, 자가-복제 RNA 바이러스 벡터인 폴리뉴클레오티드.

청구항 27

제1항 내지 제21항 중 어느 한 항의 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 숙주 세포.

청구항 28

제27항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 DNA인 숙주 세포.

청구항 29

제27항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 RNA인 숙주 세포.

청구항 30

제27항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 바이러스 벡터인 숙주 세포.

청구항 31

제27항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 자가-복제 RNA 바이러스 벡터인 숙주 세포.

청구항 32

제1항 내지 제21항 중 어느 한 항의 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 항원 제시 세포.

청구항 33

제32항에 있어서, 수지상 세포인 항원 제시 세포.

청구항 34

제32항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 DNA인 항원 제시 세포.

청구항 35

제32항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 RNA인 항원 제시 세포.

청구항 36

제32항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 바이러스 벡터인 항원 제시 세포.

청구항 37

제32항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 자가-복제 RNA 바이러스 벡터인 항원 제시 세포.

청구항 38

LAMP 구축물의 혼합물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 제약 조성물이며, 여기서 LAMP 구축물의 혼합물은 집합적으로 pp65, IE1 및 gB 항원을 포함하고,

여기서 혼합물의 각각의 LAMP 구축물은 LAMP 단백질의 루미날 도메인의 2개의 상동성 도메인, 및

2개의 상동성 도메인 사이에 위치하고, 적어도 하나의 pp65의 에피토프, 적어도 하나의 gB의 에피토프, 및 적어도 하나의 IE1의 에피토프 중 하나 이상을 포함하는 항원성 도메인을 포함하고,

여기서 LAMP 단백질은 인간 LAMP-1인 제약 조성물.

청구항 39

제38항에 있어서, 각각의 LAMP 구축물의 항원성 도메인의 에피토프들이 링커에 의해 분리된 것인 제약 조성물.

청구항 40

제39항에 있어서, 링커가 아미노산 서열 GPGPG 또는 PMGLP로부터 선택되는 것인 제약 조성물.

청구항 41

제38항에 있어서, LAMP 구축물이 각각 LAMP 단백질의 막횡단 도메인 및/또는 세포질 꼬리를 추가로 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 42

제38항에 있어서, LAMP 구축물이 각각 신호 서열을 추가로 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 43

제42항에 있어서, 신호 서열이 LAMP 단백질로부터 유래되는 것인 제약 조성물.

청구항 44

제38항에 있어서, 각각의 LAMP 구축물의 LAMP 단백질이 서열식별번호: 1의 아미노산 서열을 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 45

제38항에 있어서, 각각의 LAMP 구축물의 LAMP 단백질이 서열식별번호: 1의 아미노산 서열에 대해 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98% 또는 적어도 99% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 46

제38항에 있어서, 각각의 LAMP 구축물의 2개의 상동성 도메인이 인간 LAMP-1 상동성 도메인 1 및 인간 LAMP-1 상동성 도메인 2를 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 47

제46항에 있어서, 인간 LAMP-1 상동성 도메인 1이

(a) 서열식별번호: 1의 잔기 29 내지 194의 아미노산 서열, 또는

(b) (a)의 아미노산 서열에 대해 적어도 95% 또는 적어도 97% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 (a)의 변이체

를 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 48

제46항에 있어서, 인간 LAMP-1 상동성 도메인 2가 서열식별번호: 1의 잔기 228 내지 381 또는 잔기 228 내지 382의 아미노산 서열을 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 49

제46항에 있어서, 인간 LAMP-1 상동성 도메인 1이

(a) 서열식별번호: 1의 잔기 29 내지 194의 아미노산 서열, 또는

(b) (a)의 아미노산 서열에 대해 적어도 95% 또는 적어도 97% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 (a)의 변이체를 포함하고;

인간 LAMP-1 상동성 도메인 2가 서열식별번호: 1의 잔기 228 내지 381 또는 잔기 228 내지 382의 아미노산 서열을 포함하는 것인

제약 조성물.

청구항 50

제41항에 있어서, 막횡단 도메인이 서열식별번호: 1의 잔기 383 내지 405를 포함하고/하거나 세포질 꼬리가 서열식별번호: 1의 잔기 406 내지 417을 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 51

제38항에 있어서, 적어도 하나의 pp65의 에피토프가 서열식별번호: 114의 아미노산 서열을 포함하거나, 또는 서열식별번호: 114에 대해 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98% 또는 적어도 99% 동일한 아미노산 서열을 포함하고/하거나;

적어도 하나의 gB의 에피토프가 서열식별번호: 117의 아미노산 서열을 포함하거나, 또는 서열식별번호: 117에 대해 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98% 또는 적어도 99% 동일한 아미노산 서열을 포함하고/하거나;

적어도 하나의 IE1의 에피토프가 서열식별번호: 121의 아미노산 서열을 포함하거나, 또는 서열식별번호: 121에 대해 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98% 또는 적어도 99% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 것인

제약 조성물.

청구항 52

제38항에 있어서, 적어도 하나의 pp65의 에피토프가 LLQTGIHVRVSQPSL, ALPLKMLNIPSINVH, DQYVKVYLESFCEDV, IIKPGKISHIMLDVAFTSH, PQYSEHPTFTSQYRIQGKL, PPWQAGILARNLVPMV, 또는 KYQEFFWDANDIYRIFA 중 하나 이상을 포함하고/하거나;

적어도 하나의 gB의 에피토프가 TTSAQTRSVYSQHVT, QLIPDDYSNTHSTRYV, VSVFETSGGLVVFWQ, 또는 NSAYEYVDYLFKRMIDLS 중 하나 이상을 포함하고/하거나;

적어도 하나의 IE1의 에피토프가 VLAELVKQIKVRVDMVRHRIKEHMLKKYTQ, IVPEDKREMWMACIKELH, KDELRRKMMYMCYRNIEFFTKNSAFPKTT, SVMKRRIEEICMKVFAQYI, AIAEESDEEEAIVAY, 또는 VKSEPVSEIEEVAPEEEEDG 중 하나 이상을 포함하는 것인

제약 조성물.

청구항 53

제38항에 있어서, 각각의 LAMP 구축물의 항원성 도메인이 서열식별번호: 115, 116, 119, 120, 122, 또는 123 중 하나 이상을 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 54

제38항에 있어서, 각각의 LAMP 구축물의 항원성 도메인이 서열식별번호: 114, 서열식별번호: 117, 및 서열식별번호: 121 중 하나 이상을 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 55

제38항에 있어서, 하나의 LAMP 구축물의 항원성 도메인이 적어도 하나의 pp65의 에피토프 및 적어도 하나의 IE1의 에피토프를 포함하고, 제2 LAMP 구축물의 항원성 도메인이 적어도 하나의 gB의 에피토프를 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 56

제38항에 있어서, 하나의 LAMP 구축물의 항원성 도메인이 서열식별번호: 114 및 121을 포함하고, 제2 LAMP 구축물의 항원성 도메인이 서열식별번호: 117을 포함하는 것인 제약 조성물.

청구항 57

제38항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 DNA 벡터인 제약 조성물.

청구항 58

제38항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 RNA 벡터인 제약 조성물.

청구항 59

제38항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 바이러스 벡터인 제약 조성물.

청구항 60

제38항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 자가-복제 RNA 바이러스 벡터인 제약 조성물.

청구항 61

제38항 내지 제56항 중 어느 한 항의 폴리뉴클레오티드를 포함하는 항원 제시 세포.

청구항 62

제61항에 있어서, 수지상 세포인 항원 제시 세포.

청구항 63

제61항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 DNA인 항원 제시 세포.

청구항 64

제61항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 RNA인 항원 제시 세포.

청구항 65

제61항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 바이러스 벡터인 항원 제시 세포.

청구항 66

제61항에 있어서, 폴리뉴클레오티드가 자가-복제 RNA 바이러스 벡터인 항원 제시 세포.

청구항 67

제1항 내지 제21항 중 어느 한 항의 LAMP 구축물,

상기 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드, 또는

상기 폴리뉴클레오티드를 포함하는 항원 제시 세포

를 포함하는,

대상체에서 다형성 교모세포종을 치료하는 방법에 사용하기 위한 제약 조성물.

청구항 68

제38항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, 대상체에서 다형성 교모세포종을 치료하는 방법에 사용하기 위한 제약 조성물.

청구항 69

제61항에 있어서, 대상체에서 다형성 교모세포종을 치료하는 방법에 사용하기 위한 항원 제시 세포.

청구항 70

제67항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 프라이밍 단계에서 투여되는 것인 제약 조성물.

청구항 71

제70항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 부스팅 단계에서 투여되는 것인 제약 조성물.

청구항 72

제68항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 프라이밍 단계에서 투여되는 것인 제약 조성물.

청구항 73

제72항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 부스팅 단계에서 투여되는 것인 제약 조성물.

청구항 74

제69항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 프라이밍 단계에서 투여되는 것인 항원 제시 세포.

청구항 75

제74항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 부스팅 단계에서 투여되는 것인 항원 제시 세포.

청구항 76

제1항 내지 제21항 중 어느 한 항의 LAMP 구축물,

상기 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드, 또는

상기 폴리뉴클레오티드를 포함하는 항원 제시 세포

를 포함하는,

다형성 교모세포종을 갖는 대상체에서 면역 반응을 생성시키는 방법에 사용하기 위한 제약 조성물.

청구항 77

제38항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, 다형성 교모세포종을 갖는 대상체에서 면역 반응을 생성시키는 방

법에 사용하기 위한 제약 조성물.

청구항 78

제61항에 있어서, 다형성 교모세포종을 갖는 대상체에서 면역 반응을 생성시키는 방법에 사용하기 위한 항원 제시 세포.

청구항 79

제76항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 프라이밍 단계에서 투여되는 것인 제약 조성물.

청구항 80

제79항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 부스팅 단계에서 투여되는 것인 제약 조성물.

청구항 81

제77항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 프라이밍 단계에서 투여되는 것인 제약 조성물.

청구항 82

제81항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 부스팅 단계에서 투여되는 것인 제약 조성물.

청구항 83

제78항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 프라이밍 단계에서 투여되는 것인 항원 제시 세포.

청구항 84

제83항에 있어서, 방법이 프라이밍 단계 및 적어도 1회의 부스팅 단계를 포함하고, 제약 조성물이 부스팅 단계에서 투여되는 것인 항원 제시 세포.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 본 발명은 암 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물, 및 과다증식성 장애 및/또는 암을 앓고 있는 대상체를 치료하는 것에서의 이의 용도에 관한 것이다. 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 이용하는 프라이밍 부스팅 프로토콜이 또한 기술된다.

배 경 기 술

[0002] 하기 논의에서, 특정 논문 및 방법이 배경 및 소개 목적을 위해 기술될 것이다. 본원에 함유된 어떠한 것도 선행 기술의 "승인"으로서 해석되지 않아야 한다. 출원인은, 적합한 경우에, 적용가능한 법정 조항 하에 본원에서 언급된 논문 및 방법이 선행 기술을 구성하지 않는다는 것을 입증할 권리를 명백하게 보유한다.

[0003] DNA 백신은 예방용 및 치료용 백신 둘 다의 개발을 위한 새롭고 유망한 후보이다. 이는 안전한 것으로 증명되었고, 임상 이점을 달성하기 위해 반복적인 사이클의 백신 접종이 요구되는 경우에 벡터 백본에 대한 면역 반응의 결여가 분명한 장점일 수 있다. 그러나, 통상적인 DNA 백신의 한 인지된 단점은 인간에서의 이의 낮은 면역원성이다. 에피토프-기반 DNA 백신의 면역원성에서의 핵심적인 제한 단계는 에피토프가 T 세포로의 MHCII 제시 경로에 접근하는 것일 수 있고, 이는 표적화 기술이 없는 백신의 경우에 확률적 프로세스일 가능성이 있다.

[0004] 미국 특허 번호 5,633,234는 변형된 인플루엔자 헤마글루티닌 (HA)의 항원성 도메인 및 항원을 엔도솜/리소솜

구획으로 효과적으로 표적화하는 세포질 엔도솜/리소솜 표적화 신호를 포함하는 키메라 단백질을 기술한다. 항원성 도메인이 프로세싱되었고, 이로부터의 펩티드가 주요 조직적합성 (MHC) 클래스 II 분자와 회합되어 세포 표면 상에 제시되었다. LAMP-1의 세포질 꼬리가 키메라 단백질의 엔도솜/리소솜 표적화 도메인을 형성하는데 사용되었다.

[0005] 미국 특허 번호 8,318,173은 이러한 초기 관찰을 확장시켜, LAMP-1의 전체 루미날 도메인과 막횡단 도메인 사이에 삽입된 HIV-1 Gag 단백질을 포함하는 키메라단백질 (및 이러한 단백질을 코딩하는 상응하는 DNA)를 기술하였다. 이러한 구축물이 수지상 세포 내로 도입되었고, 그 후 이는 MHC II 경로를 표적화하는 것으로 보고되었다.

[0006] 이러한 접근법은 여러 바이러스 항원, 인간 유두종바이러스 E7, 뎅기 바이러스 막 단백질, HIV-1 gp160 막 단백질, HIV-1 p55 Gag, 웨스트 나일 막 단백질, C형 간염 바이러스 NS3 단백질 및 사이토메갈로바이러스 pp65에 대한 세포성 및 체액성 반응을 증가시키는데 유용한 것으로 증명되었다 (예를 들어, 문헌 [Bonini, et al., J. Immunol. 166: 5250-5257, 2001] 참조). 강화된 면역 반응이 LAMP와 MHC II의 공동-국소화 및 항원성 펩티드의 더욱 효율적인 프로세싱 및 전달에 기인할 수 있다. 추가적으로, LAMP-표적화는 증가된 개수의 면역원성 에피토프의 제시를 초래하고, 따라서 표적화되지 않은 항원에 비교하여 질적으로 확장된 면역 반응을 유도하는 것으로 보고된다. 예를 들어, 문헌 [Fernandes et al., 2000, Eur. J. Immunol. 30(8): 2333-43]은 우두 벡터 내에 코딩된 LAMP-트래피킹된 OVA 항원의 제시된 펩티드의 개수 증가를 입증하였다. 외인성으로 공급된 OVA로부터 생성된 12개의 펩티드 중에서, LAMP가 없는 구축물에 의해서는 2개만 제시된 것에 비교하여, 9개가 OVA/LAMP 키메라에 의해 제시되었다.

[0007] LAMP의 세포질 도메인이 (신호 서열 및 막횡단 도메인과 함께) 필수적인 것으로 결정되었지만, 모든 항원의 엔도솜/리소솜 트래피킹을 위해 항상 충분하지는 않다. 그 대신, LAMP의 전체 루미날 도메인이 단백질을 리소솜 소포 경로에 트래피킹하는데 또한 요구되는 것으로 나타났다.

[0008] 그러나, LAMP의 완전한 루미날 도메인 및 완전한 막횡단/세포질 꼬리의 존재 ("완전한 LAMP 구축물")에도 불구하고, 특정 항원이 면역 반응을 일으키는 효능이 이러한 구축물에서 사용된 특정 서열에 고도로 의존적이라는 것이 점차 밝혀졌다. 실제로, 완전한 LAMP 구축물 내로 삽입되었을 때의 동일한 단백질의 상이한 항원성 단편들이 동일한 면역 반응을 유발하지 않는 것으로 밝혀졌다. 항원 단편이 때로는 면역 반응을 생성시키고, 다른 때에는 그렇지 않다. 이러한 관찰은 관심 단백질로부터의 어떠한 특정 항원성 서열이 면역 반응을 일으킬지를 미리 예측하는 능력을 완전한 LAMP 구축물로는 어렵게 만든다.

[0009] 또한, 완전한 LAMP 구축물을 생성시키는 것에서, 항원을 정확하게 발현하고 프로세싱하는데 전체 루미날 도메인이 필요하다는 것이 반복적으로 관찰되었다. 예를 들어, 문헌 [Godinho et al., PLoS ONE 9(6): 9(6): e99887. doi:10.1371/journal.pone.0099887]에서, 저자는 완전한 무손상 루미날 도메인이 항원을 리소솜에 표적화하는데 필요한 필수적인 최소 영역이었고, 루미날 도메인의 단편은 작동하지 않았음을 보고하였다. 동일 문헌의 6면을 참조한다.

[0010] 구체적으로, 고딘호(Godinho) 저자들은 제1 루미날 도메인 및 제2 루미날 도메인의 일부를 제거하는 것에 의해 (즉, T1-Lum/gag 구축물), 단백질 발현 및 항체 반응 둘 다가 감소된다는 것을 나타냈다. 유사하게, 제1 루미날 도메인의 25%를 제거하지만 무손상 제2 루미날 도메인이 있는 것에 의해 (즉, T2-lum/gag), 단백질 발현 및 항체 반응 둘 다가 비교적 증가되었지만, 여전히 완전한 LAMP 구축물로 수득된 결과보다 적었다.

[0011] 또한, 저자들은 면역 반응을 일으키는 능력이 이러한 완전한 LAMP 구축물에서 사용된 특정 항원 및 에피토프에 의존적이라는 것을 인정하였다. 예를 들어, 9면의 2칸에서, 저자들은 "따라서, 이전의 연구들은 VLP로서 또는 가용성 형태로 분비되는 Gag를 생성시키는 DNA 백신이 상이한 수준의 T 및 B 세포 활성화를 유도하고, 이는 세포질 Gag에 의해 유도된 반응과 또한 상이하였다는 것을 입증하였다"라고 말한다. 또한, 문헌에 기술된 바와 같이 LAMP의 전체 루미날 도메인과 LAMP의 전체 막횡단/세포질 도메인 사이에 항원성 서열을 삽입하는 것은 상업적인 수준으로 생산하기에는 너무 비용이 많이 들거나 또는 과학적 관점에서 비현실적이게 될 수 있는 대형 폴리뉴클레오티드 서열을 초래할 수 있다.

[0012] 따라서, 예를 들어, 과다증식성 장애 및/또는 암을 효과적으로 치료하기 위해 백신으로서 사용될 수 있는 새로운 개선된 LAMP 구축물을 디자인하는 것이 요구된다. 또한, 일단 개선되면, 이러한 새로운 LAMP 구축물은 항체를 생성시키는데 사용될 수 있다.

발명의 내용

[0013] 이러한 내용란은 하기의 상세한 설명란에서 추가로 기술되는 선택된 개념들을 단순화된 형태로 소개하기 위해 제공된다. 이러한 발명의 내용란은 청구된 주제의 핵심 또는 필수 특색을 확인하도록 의도되지도 않고, 청구된 주제의 범주를 제한하는데 사용되도록 의도되지도 않는다. 첨부 도면에서 도해되고 첨부된 청구범위에서 정의된 측면들을 포함하여, 청구된 주제의 다른 특색, 상세사항, 활용, 및 장점이 하기의 서면 상세한 설명란으로부터 명백할 것이다.

[0014] 본 발명의 목표는 본원에서 상술된 암 항원을 면역계에 효과적으로 제시하여 강화된 면역 반응을 생성시키는 LAMP 도메인의 특정 단편 및/또는 변이체를 포함하는 신규 구축물 ("개선된 LAMP 구축물")을 제공하는 것이다. 이러한 개선된 LAMP 구축물은 항원을 리소솜/엔도솜 구획으로 효과적으로 지시하고, 여기에서 헬퍼 T 세포가 우선적으로 자극되고/되거나 항체가 생성되도록 항원이 프로세싱되고 주요 조직적합성 복합체 (MHC) 클래스 II 분자에 제시된다.

[0015] 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 및 방법은 대상체에서 면역 반응을 유발할 수 있다. 면역 반응은 개선된 LAMP 구축물 (예를 들어, 백신) 내의 항원의 에피토프에 대한 면역 반응일 수 있다. 백신은 면역계가 대상체에서 백신의 항원을 함유하는 것을 검출하여 파괴할 수 있도록 대상체의 면역계를 무장시킨다. 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 및 방법은 대상체에서 Th1 면역 반응을 유발할 수 있다. Th1 면역 반응은 면역 세포의 부분 집합 (예를 들어, 항원 특이적 T-세포)에 의한 염증성 시토카인 (예를 들어, IFNɣ, TNFα)의 분비를 포함할 수 있다. 일부 경우에, 염증성 시토카인은 대상체에서 항원을 함유하는 것을 파괴할 수 있는 또 다른 아유형의 면역 세포 (예를 들어, 세포독성 T-세포)를 활성화시킨다.

[0016] 일부 경우에, 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 및 방법에서 사용되는 에피토프 및/또는 항원은 Th1 면역 반응을 유발하고 I형 시토카인을 방출하도록 대상체의 면역계에 의해 인식될 수 있다. 에피토프와 T-세포, 더욱 구체적으로는, T-세포에 의해 발현되는 주요 조직적합성 복합체 (MHC) 사이의 상호작용에 의해 Th1 반응이 개시될 수 있다. 예를 들어, 에피토프가 MHC 수용체에 높은 친화력으로 결합하는 것이 Th1 반응을 자극할 수 있다. MHC 수용체는 복수의 유형의 MHC 수용체 중 적어도 하나일 수 있다. T-세포 상에 고용된 MHC 수용체는 집단 내의 개체들마다 다를 수 있다.

[0017] 일부 경우에, 면역 반응은 1형 면역 반응이다. 일부 경우에, 면역 반응은 1 초과인 I형 시토카인 생산 대 II형 시토카인 생산의 비를 특징으로 한다. 일부 경우에, 면역 반응은 1 미만인 I형 시토카인 생산 대 II형 시토카인 생산의 비를 특징으로 한다. 일부 경우에, 면역 반응은 1 초과인 IFNɣ 생산 대 IL-10 생산의 비를 특징으로 한다. 일부 경우에, 면역 반응은 1 미만인 IFNɣ 생산 대 IL-10 생산의 비를 특징으로 한다.

[0018] 프라이밍 부스팅 프로토콜이 또한 구상된다. 예를 들어, 본 발명은 본원에 기술된 바와 같은 암 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물로 대상체를 프라이밍시킨 후, 항원 또는 관련된 항원 (예를 들어, 동일하거나 고도로 유사한 단백질 서열로부터 유래되는 제2 항원)으로 대상체를 적어도 1회 부스팅하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 항원에 대한 면역 반응을 생성시키는 방법을 추가로 제공한다. 항원 혼합물이 프라이밍 및 부스팅 단계 중 어느 하나 또는 둘 다에서 사용될 수 있다. 프라이밍 단계를 위해 개선된 LAMP 구축물을 사용한 후의 항원 부스팅 단계가 유의하게 더 높은 역가를 생산하는 것으로 나타났고, 이는 항체 반응을 강화하는 것에서의 LAMP의 능력을 가리킨다.

[0019] 본 발명의 또 다른 목표는 헬퍼 T 세포의 자극을 통해 항-종양 면역 반응을 유발하는 것에 의한 암 및/또는 과다증식성 장애에 대한 개선된 치료 방법을 제공하는 것이다.

[0020] 본 발명은 본원에 기술된 암 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물 중 임의의 것을 코딩하는 핵산 분자를 추가로 제공한다. 본 발명은 항체를 생성시키는 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 또한 제공한다. 개선된 LAMP 구축물은 핵산 분자가 발현 제어 서열에 작동가능하게 연결된 핵산을 포함할 수 있다. 한 바람직한 측면에서, 개선된 LAMP 구축물은 환자에 백신 접종하는데 적절한 백신 벡터이다. 또 따른 측면에서, 본 발명은 항원을 코딩하는 핵산 분자를 세포 내로 도입하는 것을 촉진하기 위한 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 전달 비히클을 제공한다. 전달 비히클은 지질-기반 (예를 들어, 리포솜 제형), 바이러스-기반 (예를 들어, 핵산 분자를 캡슐화하는 바이러스 단백질을 포함함), 또는 세포-기반일 수 있다.

[0021] 바람직한 실시양태에서, 본 발명은 포유동물에서 암 항원에 대한 면역 반응 (예를 들어, 항체 생성)을 유발하기 위한 관심 암 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 주사용 조성물을 제공한다. 바람직한 실시양태에서, 이러한 백신은 Th2 반응에 비해 우선적인 Th1 반응을 생성시킨다. 개선된 LAMP 구축물은 본원에 기술된 바와 같은 암 항원의 적어도 1개의 에피토프를 포함한다.

[0022] 본 발명은 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 중 임의의 것을 포함하는 세포를 또한 제공한다. 한 측면에서, 세포는 항원 제시 세포이다. 항원 제시 세포는 전문 항원 제시 세포 (예를 들어, 수지상 세포, 대식세포, B 세포 등) 또는 조작된 항원 제시 세포 (예를 들어, 항원 제시에 요구되는 분자, 예컨대 MHC 클래스 II 분자를 발현하도록 조작된 비-전문 항원 제시 세포)일 수 있다. 항원 제시에 요구되는 분자는 다른 세포로부터 유래될 있고, 예를 들어, 천연 발생일 수 있거나, 또는 자체가 조작될 수 있다 (예를 들어, 원하는 성질, 예컨대 항원성 에피토프에 대한 더 높은 친화력 또는 더 낮은 친화력을 발현하도록 돌연변이되거나 변형됨). 한 측면에서, 항원 제시 세포는 어떠한 공동-자극 신호도 발현하지 않고, 항원은 자가-항원이다.

[0023] 본 발명은 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 중 임의의 것을 포함하는 복수의 세포를 포함하는 키트를 추가적으로 제공한다. 세포 중 적어도 2개가 상이한 MHC 클래스 II 분자를 발현하고, 각각의 세포는 동일한 LAMP 구축물을 포함한다. 한 측면에서, 개선된 LAMP 구축물 및 벡터를 수신하기 위한 세포를 포함하는 키트가 제공된다.

[0024] 본 발명은 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 중 적어도 하나 및/또는 세포 중 적어도 하나를 포함하는 트랜스제닉 동물을 또한 제공한다. 본 발명은 본원에 기술된 세포 중 적어도 하나를 포함하는 트랜스제닉 동물을 또한 제공한다.

[0025] 본 발명은 동물에게 상기 기술된 바와 같은 세포를 투여하는 것을 포함하고, 세포가 동물에서 개선된 LAMP 구축물을 발현하거나 또는 이를 발현하도록 유도될 수 있는, 동물 (예를 들어, 인간 또는 비-인간 척추동물)에서 항원에 대한 면역 반응을 생성시키는 방법을 추가로 제공한다. 한 측면에서, 동물이 MHC 클래스 II 분자에 대한 면역 반응을 생성시키지 않도록, 세포는 동물의 MHC 단백질과 상용성인 MHC 클래스 II 분자를 포함한다. 한 바람직한 측면에서, 동물은 인간이다.

[0026] 한 추가 측면에서, 본 발명은 동물, 예컨대 인간 또는 비-인간 척추동물에게 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 중 임의의 것을 투여하는 것을 포함하는, 암 항원에 대한 면역 반응을 유발하는 방법을 제공한다. 바람직하게는, 개선된 LAMP 구축물은 동물의 세포에 대해 감염성이다. 예를 들어, 개선된 LAMP 구축물은 바이러스 벡터, 예컨대 우두의 개선된 LAMP 구축물일 수 있다.

[0027] 예를 들어, 본 발명은 본원에 기술된 바와 같은 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물로 동물을 프라이밍시킨 후, 동물을 적어도 1회 부스팅하는 것을 포함하는, 동물에서 암 항원에 대한 면역 반응을 생성시키는 방법을 추가로 제공한다. 프라이밍 단계를 위해 개선된 LAMP 구축물을 사용한 후의 항원 부스팅 단계가 유의하게 더 높은 역가를 생산하는 것으로 나타났고, 이는 항체 반응을 강화하는 것에서의 LAMP의 능력을 가리킨다.

[0028] 추가 측면에서, 환자로부터 세포가 수득되고, 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물이 세포 내로 도입되며, 세포 또는 세포의 자손이 환자 내로 재도입된다. 한 측면에서, 세포는 항원 제시 세포로 분화될 수 있는 줄기 세포이다. 인간 환자의 치료, 뿐만 아니라 수의학 용도가 특히 구상된다.

[0029] 본 발명은 본원에 기술된 바와 같은 관심 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 비-인간 척추동물에 주사하는, 비-인간 척추동물에서 항체를 생성시키는 방법을 또한 포함한다. 그 후, 관심 암 항원이 비-인간 척추동물에서 LAMP의 도움으로 면역계에 효율적으로 제시되어 항원에 대한 항체를 생성시킨다.

[0030] 구체적으로, 관심 항원의 제시를 LAMP와 조합함으로써, 그러면 항원이 세포질 엔도솜/리소솜 구획으로 효과적으로 수송되고, 여기에서 항원이 프로세싱될 수 있으며, 이로부터의 펩티드가 주요 조직적합성 (MHC) 클래스 II 분자와 회합되어 세포 표면 상에 제시될 수 있다.

[0031] 이러한 생성된 항체를 척추동물의 혈액으로부터 (폴리클로날로서) 단리할 수 있고, 그 후 표준 기술을 사용하여 모노클로날 항체를 생성시키기 위해 추가로 단리할 수 있다.

[0032] 바람직한 실시양태에서, 비-인간 척추동물의 게놈은 도입된 부분 인간 이뮤노글로불린 영역을 포함하고, 상기 도입된 영역은 비-인간 척추동물의 내인성 이뮤노글로불린 가변 영역 유전자좌를 기초로 인간 이뮤노글로불린 가변 영역 유전자좌 코딩 서열 및 비-코딩 서열을 포함한다. 바람직하게는, 비-인간 척추동물의 게놈은 내인성 이뮤노글로불린 영역의 적어도 일부분 또는 전체가 제거되었다.

[0033] 추가의 바람직한 실시양태에서, 비-인간 척추동물에서의 인간 모노클로날 항체의 생산은 숙주가 인간 중쇄 이뮤노글로불린 단백질을 발현할 하나의 유전자좌 및 인간 경쇄 이뮤노글로불린 단백질을 발현할 하나의 유전자를 적어도 갖는 것을 필요로 한다.

[0034] 일부 측면에서, 부분 인간 이뮤노글로불린 가변 영역 유전자좌는 비-인간 척추동물의 내인성 V_H 영역을 기초로 인간 V_H 코딩 서열 및 비-코딩 V_H 서열을 포함한다. 이러한 측면에서, 부분 인간 이뮤노글로불린 가변 영역 유전자좌는 비-인간 척추동물 숙주의 내인성 게놈을 기초로 인간 D 및 J 유전자 코딩 서열 및 비-코딩 D 및 J 유전자를 추가로 포함한다.

[0035] 다른 측면에서, 이뮤노글로불린 영역은 비-인간 척추동물의 내인성 V_L 영역을 기초로 인간 V_L 코딩 서열 및 비-코딩 V_L 서열을 포함하는 도입된 영역을 포함한다. 더욱 바람직하게는, 인간 V_L 코딩 서열을 포함하는 도입된 부분 인간 이뮤노글로불린 영역은 비-인간 척추동물 숙주의 내인성 게놈을 기초로 인간 J 유전자 코딩 서열 및 비-코딩 J 유전자를 추가로 포함한다.

[0036] 특정 측면에서, 척추동물은 포유동물이고, 바람직하게는 포유동물은 설치류, 예를 들어, 마우스 또는 래트이다. 다른 측면에서, 척추동물은 조류, 예를 들어, 닭이다. 다른 비-인간 척추동물은 토끼, 라마, 낙타, 소, 기니피그, 햄스터, 개, 고양이, 말, 비-인간 영장류, 시미안 (예를 들어 원숭이 또는 유인원), 원숭이 (예를 들어 명주원숭이, 개코원숭이, 붉은털원숭이), 또는 유인원 (예를 들어 고릴라, 침팬지, 오랑우탄, 긴팔원숭이)를 포함한다.

[0037] 추가 실시양태에서, 부분 인간 이뮤노글로불린 영역은 인간 V_H 유전자 코딩 영역을 포함하고, 비-인간 척추동물 숙주의 내인성 게놈을 기초로 i) 인간 D 및 J 유전자 코딩 서열 및 ii) 비-코딩 D 및 J 유전자 및 프리-DJ 서열을 추가로 포함한다. 다른 측면에서, V_H 유전자 코딩 영역은 (적어도 부분적으로) 다른 출처로부터 유래된다 - 예를 들어, 이들은 합리적으로 또는 다른 방식으로 디자인된 서열, 인간 및 다른 디자인 서열의 조합물인 서열, 또는 다른 종, 예컨대 비인간 영장류로부터의 서열일 수 있다.

[0038] 또 다른 특정 측면에서, 부분 인간 이뮤노글로불린 영역은 인간 V_L 유전자 코딩 영역을 포함하고, 비-인간 척추동물 숙주의 내인성 게놈을 기초로 i) 인간 J 유전자 코딩 서열 및 ii) 비-코딩 J 유전자 서열을 추가로 포함한다. 특정 측면에서, 부분 인간 이뮤노글로불린 영역은 비-인간 척추동물 숙주의 내인성 게놈을 기초로 인간 V_H 코딩 영역, 인간 D 및 J 유전자 코딩 서열, 및 비-코딩 D 및 J 유전자 및 프리-DJ 서열을 포함한다.

[0039] 본원에 기술된 방법은 진단 및 치료 용도를 위한, 완전 인간 항체, 인간화 항체, 키메라 항체를 포함하는 항체의 생산 및/또는 최적화에 사용될 수 있다. 이같은 항체를 생산하는 하이브리도마 또한 본 발명의 추가 목표이다.

[0040] 이러한 측면, 목표 및 특색 및 다른 측면, 목표 및 특색이 하기에서 더욱 상세하게 기술된다.

도면의 간단한 설명

[0041] 본 발명의 목표 및 특색을 하기의 상세한 설명 및 첨부된 도면을 참조로 더욱 잘 이해할 수 있다.

도 1은 본원에 기술된 바와 같이 사용될 수 있는 여러 유형의 개선된 LAMP 구축물 (ILC-1, ILC-2, ILC-3, ILC-4, ILC-5 및 ILC-6로서 확인됨)의 일반적인 체계를 도해한다.

도 2b는 본원에서 정의된 LAMP 단백질의 도메인들을 도해하는 한편, **도 2a**는 인간 LAMP-1 (서열식별번호(SEQ ID NO): 1), 인간 LAMP-2 (서열식별번호: 2), 인간 LAMP-3 (서열식별번호: 3), 인간 LIMP-2 (서열식별번호: 4), 인간 엔돌린 (서열식별번호: 5), 인간 마크로사일린 (서열식별번호: 80), 인간 LAMP-5 (서열식별번호: 93) 및 인간 LIMBIC (서열식별번호: 67)에 대한 이러한 도메인들의 구체적인 아미노산 경계를 규정한다. 본원에 기술된 바와 같이, LAMP 루미날 도메인, 상동성 도메인, 막횡단 도메인, 세포질 꼬리 및 신호 서열이 본원에 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물 ILC-1, ILC-2, ILC-3, ILC-4, ILC-5 및 ILC-6을 생성시키는데 사용될 수 있다.

도 3은 인간 LAMP-1 (서열식별번호: 1)에 비교된 바와 같은 다른 종에서 발견된 LAMP-1 단백질의 정렬을 제공한다. 이러한 다른 종의 등가 도메인이 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 구축하는데 사용될 수 있고, 도 2 및 도 3에서 인간 LAMP-1에 대해 확인된 도메인을 도 3에 제시된 정렬에 비교함으로써 쉽게 확인된다.

도 4는 인간 LAMP-2 (서열식별번호: 2)에 비교된 바와 같은 다른 종에서 발견된 LAMP-2 단백질의 정렬을 제공한다. 이러한 다른 종의 등가 도메인이 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 구축하는데 사용될 수 있고, 도 2 및 도 4에서 인간 LAMP-2에 대해 확인된 도메인을 도 4에 제시된 정렬에 비교함으로써 쉽게 확인된다.

도 5는 인간 LAMP-3 (서열식별번호: 3)에 비교된 바와 같은 다른 종에서 발견된 LAMP-3 단백질의 정렬을 제공한

다. 이러한 다른 종의 등가 도메인이 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 구축하는데 사용될 수 있고, 도 2 및 도 5에서 인간 LAMP-3에 대해 확인된 도메인을 도 5에 제시된 정렬에 비교함으로써 쉽게 확인된다.

도 6은 인간 LIMP-2 (서열식별번호: 4)에 비교된 바와 같은 다른 종에서 발견된 LIMP-2 단백질의 정렬을 제공한다. 이러한 다른 종의 등가 도메인이 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 구축하는데 사용될 수 있고, 도 2 및 도 6에서 인간 LIMP-2에 대해 확인된 도메인을 도 6에 제시된 정렬에 비교함으로써 쉽게 확인된다.

도 7은 인간 LIMBIC (서열식별번호: 67)에 비교된 바와 같은 다른 종에서 발견된 LIMBIC 단백질의 정렬을 제공한다. 이러한 다른 종의 등가 도메인이 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 구축하는데 사용될 수 있고, 도 2 및 도 7에서 인간 LIMBIC에 대해 확인된 도메인을 도 7에 제시된 정렬에 비교함으로써 쉽게 확인된다.

도 8은 인간 엔돌린 (서열식별번호: 5)에 비교된 바와 같은 다른 종에서 발견된 엔돌린 단백질의 정렬을 제공한다. 이러한 다른 종의 등가 도메인이 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 구축하는데 사용될 수 있고, 도 2 및 도 8에서 인간 엔돌린에 대해 확인된 도메인을 도 8에 제시된 정렬에 비교함으로써 쉽게 확인된다.

도 9는 인간 마크로사일린 (서열식별번호: 80)에 비교된 바와 같은 다른 종에서 발견된 마크로사일린 단백질의 정렬을 제공한다. 이러한 다른 종의 등가 도메인이 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 구축하는데 사용될 수 있고, 도 2 및 도 9에서 인간 마크로사일린에 대해 확인된 도메인을 도 9에 제시된 정렬에 비교함으로써 쉽게 확인된다.

도 10은 인간 LAMP-5 (서열식별번호: 93)에 비교된 바와 같은 다른 종에서 발견된 LAMP-5 단백질의 정렬을 제공한다. 이러한 다른 종의 등가 도메인이 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 구축하는데 사용될 수 있고, 도 2 및 도 10에서 인간 LAMP-5에 대해 확인된 도메인을 도 10에 제시된 정렬에 비교함으로써 쉽게 확인된다.

도 11은 제0일, 제7일 및 제14일에 마우스를 HVEM-LAMP, HVEM, 또는 LAMP로 면역화시켰을 때 수득된 결과를 나타낸다. 제28일에, 마우스에서 채혈하고, 혈청 샘플을 단리하였다. ELISA에 의해 HVEM 특이적 IgG를 검사하였다. 데이터는 항체 역가의 기하 평균 ± 기하 SD, n=6을 나타낸다. ** p 값 <0.01

도 12는 제0일, 제7일 및 제14일에 마우스를 HVEM-LAMP, HVEM, 또는 LAMP로 면역화시켰을 때에 수득된 결과를 나타낸다. 제35일에, 백반 아주반트의 존재 하에 5 μg HVEM 단백질로 마우스를 부스팅시켰다. 제49일에 마우스에서 채혈하고, 혈청 샘플을 단리하였다. ELISA에 의해 HVEM 특이적 IgG를 검사하였다. 데이터는 항체 역가의 기하 평균 ± 기하 SD, n=6을 나타낸다. *** p 값 <0.001; **** p 값 <0.0001.

도 13은 LAMP가 HVEM의 CRD3/4 내의 에피토프의 결합 친화력을 변경시킨다는 것을 나타낸다.

도 14는 테스트된 개선된 LAMP 구축물의 단백질 발현을 확증한다. 도 14-28 각각에서, "완전한 LAMP 구축물", ILC-1, ILC-2, ILC-3 및 ILC-4 표지는 도 1에 도시된 바와 같은 구축물에 상응한다.

도 15는 개선된 LAMP 구축물이 INFγ를 생산하는 Th1 이펙터 T 세포를 유도한다는 것을 나타낸다.

도 16은 특정한 개선된 LAMP 구축물 (예를 들어, 도 1에 제시된 바와 같은 ILC-4)이 모든 서바이빈 펩티드 풀에 대한 유의하게 더 높은 T 세포 반응을 유발하였음을 나타낸다.

도 17은 CD4 T 세포가 IFNγ 생산 세포의 주요 공급원이라는 것과 개선된 LAMP 구축물이 완전한 LAMP 구축물에 비해 CD4 이펙터 기억 세포 집단의 증가를 입증한다는 것을 나타낸다.

도 18은 개선된 LAMP 구축물이 BALB/c 마우스에서 더 강한 서바이빈-특이적 총 IgG 반응을 일으켰음을 나타낸다.

도 19 및 20은 본원 및 도 1-10에 기술된 LAMP 구축물 내로 표 1 및 단락 [150]에 기술된 바와 같이 단독으로 또한 조합되어 클로닝될 수 있는 암 항원의 아미노산 서열을 제공한다. 또한, 도 19는 실시예에서 테스트된 서바이빈-LAMP 구축물의 아미노산 서열을 제공한다. 각각의 구축물의 신호 서열은 밑줄이 그어진 소문자로 도시되고; 서바이빈 서열은 흑색 음영 내의 백색 대문자로 도시되고; 루미날 도메인은 이탤릭체 대문자로 도시되고, 막횡단/세포질 도메인은 회색 음영 내의 대분자로 도시되며, ILC-4에서, 제2 상동성 도메인은 볼드체이다. 추가적인 아미노산 (LE 및 EF)이 클로닝 링커의 일부로서 포함될 수 있다.

도 21은 IGFBP2 (39-328)-ILC-1 구축물이 10 ug IM/EP 면역화의 용량에서 유의하게 더 높은 IFNγ 생산 이펙터 T 세포를 유도하였음을 나타낸다.

도 22는 IGFBP2 (39-328)-ILC-1 구축물이 10 ug IM/EP 면역화의 용량에서 IFNγ 및/또는 TNFα 생산 $CD4^+$ 및

$CD8^+$ 이펙터 기억 T 세포를 유도하였음을 나타낸다.

도 23은 IM/EP 면역화에 의해 IGFBP2 (39-328)-ILC-1 구축물로 면역화된 C57BL/6 알비노 마우스에서의 IGFBP-2-특이적 IgG 생산을 나타낸다.

도 24는 pp65 및 gB 펩티드 둘 다로의 IFNɣ 유도를 나타낸다.

도 25는 CMV-형질감염 세포 용해물에 대해 면역화된 마우스의 혈청 내의 총 IgG (왼쪽) 및 IgG2a (오른쪽) 항체 역가를 나타낸다.

도 26은 PSMA-ILC-1 LAMP 구축물이 20 ug ID/EP 면역화의 용량에서 유의하게 더 높은 IFNɣ 생산 이펙터 T 세포를 유도하였음을 나타낸다.

도 27은 PSMA-ILC-1 LAMP 구축물이 20 ug ID/EP 면역화의 용량에서 IFNɣ 생산 CD4+ 및 CD8+ 이펙터 기억 T 세포를 유도하였음을 나타낸다.

도 28은 ID/EP를 통한 면역화에 의해 PSMA-ILC-1 LAMP 구축물로 면역화된 C57BL/6 마우스에서의 총 IgG 및 IgG2A 생산을 나타낸다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0042] **상세한 설명**

[0043] 본 발명은 백신을 생성시키는데 사용될 수 있고/있거나 항체를 일으키는데 사용될 수 있는 개선된 LAMP 구축물을 제공한다. 개선된 LAMP 구축물은 면역 반응을 조정하거나 또는 강화하는데 사용될 수 있다. 한 바람직한 측면에서, 본 발명은 본원에 기술된 바와 같은 암 항원 중 하나 이상을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 제공함으로써 암 또는 과다증식성 장애 환자를 치료하는 방법을 제공한다. 개선된 LAMP 구축물은 비-인간 척추동물에서, 바람직하게는 비-인간 포유동물에서 항체를 일으키는데 또한 사용될 수 있다.

[0044] **정의**

[0045] 하기의 서면 설명에서 사용된 특정 용어들에 대해 하기의 정의가 제공된다.

[0046] 명세서 및 청구범위에서 사용된 바와 같이, 단수형은 문맥이 명확하게 달리 지시하지 않는 한 복수형 지시대상을 포함한다. 예를 들어, 용어 "세포"는 세포 혼합물을 포함하여 복수의 세포를 포함한다. 용어 "핵산 분자"는 복수의 핵산 분자를 포함한다.

[0047] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "포함하는"은 개선된 LAMP 구축물 및 방법이 열거된 요소를 포함하지만, 다른 요소를 배제하지 않는다는 것을 의미하도록 의도된다. "로 본질적으로 이루어지는"은, 개선된 LAMP 구축물 및 방법을 정의하는데 사용되는 경우, 조합물에 대한 임의의 본질적인 유의성이 있는 다른 요소를 배제하는 것을 의미하여야 한다. 따라서, 본원에서 정의된 바와 같은 요소로 본질적으로 이루어지는 개선된 LAMP 구축물은 단리 및 정제 방법으로부터의 미량의 오염물 및 제약상 허용되는 담체, 예컨대 포스페이트 완충 염수, 방부제 등을 배제하지 않을 것이다. "로 이루어지는"은 본 발명의 개선된 LAMP 구축물을 투여하기 위한 실질적인 방법 단계 및 다른 성분의 미량을 초과하는 요소를 배제하는 것을 의미하여야 한다. 각각의 이러한 이행 용어에 의해 정의되는 실시양태는 본 발명의 범주 내에 속한다.

[0048] 용어 "약" 또는 "대략적으로"는 관련 기술분야의 통상의 기술자에 의해 정의되는 바와 같은 특정 값에 대한 허용가능한 범위 내를 의미하고, 이는 어떻게 값이 측정 또는 결정되는지, 예를 들어, 측정 시스템의 한계에 부분적으로 좌우될 것이다. 예를 들어, "약"은 소정의 값의 20% 이하, 바람직하게는 10% 이하, 더욱 바람직하게는 5% 이하, 더욱 바람직하게는 1% 이하의 범위를 의미할 수 있다. 대안적으로, 특히 생물학적 시스템 또는 프로세스와 관련하여, 이러한 용어는 값의 10배 이내, 바람직하게는 5배 이내, 더욱 바람직하게는 2배 이내를 의미할 수 있다. 달리 언급되지 않는 한, 용어 '약'은 특정 값에 대한 허용가능한 오차 범위, 예컨대 ± 1-20%, 바람직하게는 ± 1-10%, 더욱 바람직하게는 ± 1-5% 이내를 의미한다.

[0049] 값의 범위가 제공되는 경우, 이러한 범위의 상한과 하한 사이의 각각의 개재 값 및 이러한 언급된 범위 내의 임의의 다른 언급되거나 개재되는 값이 본 발명에 포함되는 것으로 이해된다. 이러한 더 작은 범위의 상한 및 하한이 더 작은 범위 내에 독립적으로 포함될 수 있고, 언급된 범위 내의 임의의 구체적으로 배제된 한계를 조건으로 또한 본 발명에 포함된다. 언급된 범위가 한계 중 하나 또는 둘 다를 포함하는 경우, 이러한 포함된 한계

중 어느 하나 또는 양쪽을 배제하는 범위 또한 본 발명에 포함된다.

[0050] 본원에서 사용된 바와 같이, "리소솜/엔도솜 구획"은 막 내의 LAMP 분자, 항원 프로세싱에서 기능하는 가수분해 효소, 및 항원 인식 및 제시를 위한 MHC 클래스 II 분자를 함유하는 막-결합 산성 액포를 지칭한다. 이러한 구획은 세포내이입, 식세포작용 및 음세포작용을 포함하는 임의의 다양한 메커니즘에 의해 세포 표면으로부터 내재화된 외래 물질 및 특수 자가분해 현상에 의해 이러한 구획으로 전달된 세포내 물질의 분해를 위한 부위로서 기능한다 (de Duve, Eur. J. Biochem. 137: 391, 1983). 본원 및 청구범위에서 사용된 바와 같은 용어 "엔도솜"은 리소솜을 포함한다.

[0051] 본원에서 사용된 바와 같이, "리소솜-관련 소기관"은 리소솜을 포함하는 임의의 소기관을 지칭하고, MIIC, CIIV, 멜라노솜, 분비 과립, 용해 과립, 혈소판-조밀 과립, 호염기구 과립, 버벡 과립, 포식리소솜, 분비 리소솜 등을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 바람직하게는, 이같은 소기관은 만노스 6-포스페이트 수용체가 결여되고, LAMP를 포함하지만, MHC 클래스 II 분자를 포함할 수 있거나 또는 그렇지 않을 수 있다. 리뷰를 위해, 예를 들어, 문헌 [Blott and Griffiths, Nature Reviews, Molecular Cell Biology, 2002]; [Dell'Angelica, et al., The FASEB Journal 14: 1265-1278, 2000]을 참조한다.

[0052] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "폴리뉴클레오티드" 및 "핵산 분자"는 임의 길이의 중합체 형태의 뉴클레오티드를 지칭하도록 상호교환가능하게 사용된다. 폴리뉴클레오티드는 데옥시리보뉴클레오티드, 리보뉴클레오티드, 및/또는 이의 유사체를 함유할 수 있다. 뉴클레오티드는 임의의 3차원 구조를 가질 수 있고, 기지 또는 미지의 임의의 기능을 수행할 수 있다. 용어 "폴리뉴클레오티드"는, 예를 들어, 단일-가닥, 이중-가닥 및 3중 나선 분자, 유전자 또는 유전자 단편, 엑소, 인트론, mRNA, tRNA, rRNA, 리보자임, 안티센스 분자, cDNA, 재조합 폴리뉴클레오티드, 분지형 폴리뉴클레오티드, 앱타머, 플라스미드, 벡터, 임의의 서열의 단리된 DNA, 임의의 서열의 단리된 RNA, 핵산 프로브, 및 프라이머를 포함한다. 핵산 분자는 변형된 핵산 분자 (예를 들어, 변형된 염기, 당, 및/또는 뉴클레오티드간 링커를 포함함)를 또한 포함할 수 있다.

[0053] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "펩티드"는 2개 이상의 서브유닛 아미노산, 아미노산 유사체, 또는 펩티드모방체의 화합물을 지칭한다. 이러한 서브유닛은 펩티드 결합에 의해 또는 다른 결합 (예를 들어, 에스테르, 에테르 등)에 의해 연결될 수 있다.

[0054] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "아미노산"은 글리신 및 D 또는 L 광학 이성질체 둘 다를 포함하는 천연 및/또는 비천연 또는 합성 아미노산, 및 아미노산 유사체 및 펩티드 모방체를 지칭한다. 3개 이상의 아미노산의 펩티드는 펩티드 사슬이 짧은 경우 통상적으로 올리고펩티드로 칭해진다. 펩티드 사슬이 길면 (예를 들어, 약 10개 초과의 아미노산), 펩티드는 통상적으로 폴리펩티드 또는 단백질로 칭해진다. 용어 "단백질"은 용어 "폴리펩티드"를 포함하는 한편, "폴리펩티드"는 전장 미만의 단백질일 수 있다.

[0055] 본원에서 사용된 바와 같이, "LAMP 폴리펩티드"는 본원에 기술된 바와 같은 포유동물 리소솜 연관 막 단백질인 인간 LAMP-1, 인간 LAMP-2, 인간 LAMP-3, 인간 LIMP-2, 인간 엔돌린, 인간 LIMBIC, 인간 LAMP-5, 또는 인간 마크로사일린, 뿐만 아니라 오르토로그 (예를 들어, 도 3-10에 제시된 LAMP 단백질), 및 대립유전자변이체를 지칭한다.

[0056] 본원에서 사용된 바와 같이, "발현"은 폴리뉴클레오티드가 mRNA로 전사되고/되거나 펩티드, 폴리펩티드 또는 단백질로 번역되는 프로세스를 지칭한다. 폴리뉴클레오티드가 게놈 DNA로부터 유래되는 경우, 발현은 게놈 DNA로부터 전사된 mRNA의 스플라이싱을 포함할 수 있다.

[0057] 본원에서 사용된 바와 같이, "전사 제어 하에 있는" 또는 "작동가능하게 연결된"은 발현 제어 요소 및 코딩 서열의 적합한 병치에 의해 제어되는 폴리뉴클레오티드 서열의 발현 (예를 들어, 전사 또는 번역)을 지칭한다. 한 측면에서, DNA 서열은 발현 제어 서열이 이러한 DNA 서열의 전사를 제어 및 조절하는 경우에 발현 제어 서열에 "작동적으로 연결"된다.

[0058] 본원에서 사용된 바와 같이, "코딩 서열"은 적합한 발현 제어 서열의 제어 하에 놓일 때 폴리펩티드로 전사 및 번역되는 서열이다. 코딩 서열의 경계는 5' (아미노) 말단의 개시 코돈 및 3' (카르복실) 말단의 번역 정지 코돈에 의해 결정된다. 코딩 서열은 원핵생물 서열, 진핵색물 mRNA로부터의 cDNA, 진핵생물 (예를 들어, 포유동물) DNA로부터의 게놈 DNA 서열, 및 심지어 합성 DNA 서열을 포함할 수 있으나 이에 제한되지는 않는다. 일반적으로 폴리아데닐화 신호 및 전사 종결 서열이 코딩 서열의 3'에 위치할 것이다

[0059] 본원에서 사용된 바와 같이, 2개의 코딩 서열은 서열 또는 이의 상보적인 서열이 동일한 아미노산 서열을 코딩

하면 서로에 "상응"한다.

[0060] 본원에서 사용된 바와 같이, "신호 서열"은 세포질세망 전위 서열을 가리킨다. 이러한 서열은 자신이 (예를 들어, 화학적 결합을 통해) 연결된 폴리펩티드를 세포질세망 소포 구획으로 지시하도록, 세포외유출/세포내이입 소기관에 진입하도록, 세포 소포 구획 또는 세포 표면으로 전달되도록 또는 폴리펩티드를 분비하도록 세포와 소통하는 신호 펩티드를 코딩한다. 때때로 단백질의 성숙에서 세포가 이러한 신호 서열을 잘라낸다. 신호 서열은 원핵생물 및 진핵생물에 고유한 다양한 단백질과 연관되어 발견될 수 있다.

[0061] 본원에서 사용된 바와 같이, "트래피킹"은 조면 세포질세망에서 항원 프로세싱 또는 MHC II 결합이 일어나는 엔도솜/리소솜 구획 또는 관련 소기관으로의 경로에서의 세포 소기관 또는 구획을 통한 개선된 LAMP 구축물이 코딩하는 폴리펩티드의 이동 또는 진행을 가리킨다.

[0062] 본원에서 사용된 바와 같이, "개선된 LAMP 구축물" 및 "항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물" 및 "관심 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물"은 상호교환가능하게 사용된다. 개선된 LAMP 구축물의 여러 배열이 ILC1-ILC6으로서 도 1에서 도해된다. 또한, "개선된 LAMP 구축물"의 사용은 개선된 LAMP 구축물의 폴리뉴클레오티드 서열, 뿐만 아니라 개선된 LAMP 구축물의 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는 단백질 둘 다를 포함한다.

[0063] 본원에서 사용된 바와 같이, "개선된 LAMP 구축물 전달 비히클"은 개선된 LAMP 구축물을 숙주 세포로 운반할 수 있고 (예를 들어, 유전자 또는 유전자 단편, 안티센스 분자, 리보자임, 앱타머 등), 본원에 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물과 회합되어 발생하는 임의의 분자 또는 일군의 분자 또는 거대분자로서 정의된다.

[0064] 본원에서 사용된 바와 같이, "개선된 LAMP 구축물 운반" 또는 "개선된 LAMP 구축물 전반"은 도입에 사용된 방법과 관계 없이 개선된 LAMP 구축물이 숙주 세포 내로 도입되는 것을 지칭한다. 도입된 개선된 LAMP 구축물은 숙주 세포에서 안정적으로 또는 일시적으로 유지될 수 있다. 안정적인 유지는 도입된 개선된 LAMP 구축물이 숙주 세포와 상용성인 복제 기원을 함유하거나 또는 숙주 세포의 레플리콘 예컨대 염색체외 레플리콘 (예를 들어, 플라스미드) 또는 핵 또는 미토콘드리아 염색체 내로 통합되는 것을 전형적으로 필요로 한다.

[0065] 본원에서 사용된 바와 같이, "개선된 바이러스 LAMP 구축물"은 생체 내에서, 생체 외에서 또는 시험관 내에서 숙주 세포 내로 전달될 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 바이러스 또는 바이러스 입자를 지칭한다. 개선된 바이러스 LAMP 구축물의 예는 아데노바이러스 벡터, 아데노-연관 바이러스 벡터, 레트로바이러스 벡터 등을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 유전자 전달이 아데노바이러스 벡터에 의해 매개되는 측면에서, 개선된 LAMP 구축물은 아데노바이러스 캡시드 단백질과 회합된, 아데노바이러스 게놈 또는 이의 일부분 및 선택된 비-아데노바이러스 유전자를 포함한다.

[0066] 본원에서 사용된 바와 같이, "아데노바이러스-매개 유전자 전달" 또는 "아데노바이러스 형질도입"은 개선된 LAMP 구축물이 세포에 진입하는 아데노바이러스에 의해 숙주 세포 내로 전달되는 프로세스를 지칭한다. 바람직하게는, 개선된 LAMP 구축물은 세포 내에서 복제 및/또는 통합될 수 있고, 전사될 수 있다.

[0067] 본원에서 사용된 바와 같이, "아데노바이러스 입자"는 외부 캡시드 및 개선된 LAMP 구축물로 구성되는 개별적인 아데노바이러스 비리온이고, 여기서 캡시드는 추가로 아데노바이러스 외피 단백질로 구성된다. 아데노바이러스 외피 단백질은, 예를 들어, 아데노바이러스 입자를 특정 세포 및/또는 조직 유형으로 표적화하기 위해, 바이러스 단백질에 공유결합으로 부착된 폴리펩티드 리간드를 함유하는 융합 폴리펩티드를 포함하도록 변형될 수 있다.

[0068] 본원에서 사용된 바와 같이, 개선된 LAMP 구축물의 "투여" 또는 "면역화" 또는 "주사"라는 용어는 개선된 LAMP 구축물을 세포에 형질도입하거나, 형질감염시키거나, 미세주입하거나, 전기천공시키거나 또는 발사하는 것을 지칭한다. 일부 측면에서, 개선된 LAMP 구축물은 표적 세포를 전달 세포와 접촉시킴으로써 (예를 들어, 표적 세포에 근접했을 때 전달 세포를 용해시킴으로써 또는 세포 융합에 의해) 표적 세포 내로 도입된다.

[0069] 본원에서 사용된 바와 같이, "프라이밍 부스팅"이라는 구절은 T-세포 반응을 프라이밍하도록 사용되는 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 사용한 후, 항원을 포함하는 제2의 개선된 LAMP 구축물, 항원 또는 재조합 항원을 포함하는 DNA 백신을 사용하여 반응을 부스팅시키는 것을 기술한다 (또는 반대의 경우). 이러한 이종성 프라이밍-부스팅 면역화는 동일한 벡터로 프라이밍 및 부스팅하는 것에 의해 달성될 수 있는 것보다 더 큰 높이 및 폭의 면역 반응을 유발한다. 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물로의 프라이밍은 기억 세포를 개시시키고, 부스팅 단계는 기억 반응을 확장시킨다. 바람직하게는, 서로에 대한 반응을 일으키지 않는 2개의 상이한 작용제가 사용되고, 따라서 서로의 활성을 방해하지 않는다. 프라이밍 및/또는 부스팅 단계에서 항원 혼합물이 특히 구

상된다. 부스팅은 1회 또는 수회 발생할 수 있다.

[0070] 본원에서 사용된 바와 같이, "혼성화"는 하나 이상의 폴리뉴클레오티드가 반응하여 뉴클레오티드 잔기의 염기들 사이의 수소 결합을 통해 안정화되는 복합체를 형성하는 반응을 지칭한다. 수소 결합은 왓슨-크릭 염기 쌍 형성에 의해, 후그스타인 결합에 의해, 또는 임의의 다른 서열-특이적 방식으로 일어날 수 있다. 복합체는 듀플렉스 구조를 형성하는 2개의 가닥, 다중-가닥 복합체를 형성하는 3개 이상의 가닥, 단일 자가-혼성화 가닥, 또는 이의 임의의 조합을 포함할 수 있다. 혼성화 반응은 더욱 광범위한 프로세스, 예컨대 PCR 반응의 개시, 또는 리보자임에 의한 폴리뉴클레오티드의 효소 절단 내의 단계를 구성할 수 있다.

[0071] 본원에서 사용된 바와 같이, 또 다른 서열에 대한 특정한 백분율 (예를 들어, 적어도 약 50%, 적어도 약 60%, 적어도 약 70%, 적어도 약 80%, 적어도 약 85%, 적어도 약 90%, 적어도 약 95%, 적어도 약 99%)의 "서열 동일성"이 있는 폴리뉴클레오티드 또는 폴리뉴클레오티드 영역 (또는 폴리펩티드 또는 폴리펩티드 영역)은 관련 기술분야에서 일상적인 소프트웨어 프로그램을 사용하여 최적으로 정렬되었을 때, 2개의 서열의 비교에서 이러한 백분율의 염기 (또는 아미노산)가 동일하다는 것을 의미한다.

[0072] 2개의 서열은 규정된 길이의 DNA 서열에 걸쳐 뉴클레오티드의 적어도 약 50%, 적어도 약 60%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 바람직하게는 적어도 약 80%, 가장 바람직하게는 적어도 약 90 또는 95%가 매칭되는 경우에 "실질적으로 상동성"이거나 또는 "실질적으로 유사"하다. 유사하게, 2개의 폴리펩티드 서열은 규정된 길이의 폴리펩티드 서열에 걸쳐 폴리펩티드의 아미노산 잔기의 적어도 약 50%, 적어도 약 60%, 적어도 약 66%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 바람직하게는 적어도 약 80%, 가장 바람직하게는 적어도 약 90 또는 95%가 매칭되는 경우에 "실질적으로 상동성"이거나 또는 "실질적으로 유사"하다. 서열 데이터 뱅크에서 이용가능한 표준 소프트웨어를 사용하여 서열을 비교함으로써 실질적으로 상동성인 서열을 확인할 수 있다. 실질적으로 상동성인 핵산 서열은, 예를 들어, 특정 시스템에 대해 정의된 바와 같은 엄격한 조건 하에서, 서던 혼성화 실험에서 확인될 수도 있다. 적합한 혼성화 조건을 정의하는 것은 관련 기술분야의 기술 내이다. 예를 들어, 엄격한 조건은 42℃에서의 5xSSC 및 50% 포름아미드에서의 혼성화 및 60℃에서의 0.1xSSC 및 0.1% 소듐 도데실 술페이트에서의 세정일 수 있다. 엄격한 혼성화 조건의 추가 예는 하기를 포함할 수 있다: 약 25℃ 내지 약 37℃의 인큐베이션 온도; 약 6xSSC 내지 약 10xSSC의 혼성화 완충제 농도; 약 0% 내지 약 25%의 포름아미드 농도; 및 약 6xSSC의 세정 용액. 중등도 혼성화 조건의 예는 하기를 포함한다: 약 40℃ 내지 약 50℃의 인큐베이션 온도; 약 9xSSC 내지 약 2xSSC의 완충제 농도; 약 30% 내지 약 50%의 포름아미드 농도; 및 약 5xSSC 내지 약 2xSSC의 세정 용액. 고도로 엄격한 조건의 예는 하기를 포함한다: 약 55℃ 내지 약 68℃의 인큐베이션 온도; 약 1xSSC 내지 약 0.1xSSC의 완충제 농도; 약 55% 내지 약 75%의 포름아미드 농도; 및 약 1xSSC, 0.1xSSC, 또는 탈이온수의 세정 용액. 일반적으로, 혼성화 인큐베이션 시간은 5분 내지 24시간 + 1회, 2회, 또는 그 초과의 세정 단계이고, 세정 인큐베이션 시간은 약 1, 2, 또는 15분이다. SSC는 0.15 M NaCl 및 15 mM 시트레이트 완충제이다. 다른 완충제 시스템을 사용하는 SSC의 등가물이 사용될 수 있는 것으로 이해된다. 유사성은 시퀀싱에 의해 검증될 수 있지만, 바람직하게는, 특정한 당해 도메인에 대해 적절한 검정법을 사용하여, 기능 (예를 들어, 엔도솜 구획으로 트래피킹하는 능력 등)에 의해서 또한 또는 대안적으로 검증된다.

[0073] 일반적으로 용어 "퍼센트 (%) 서열 유사성", "퍼센트 (%) 서열 동일성" 등은 공통적인 진화 기원을 공유할 수 있는 또는 공유하지 않을 수 있는 상이한 핵산 분자의 뉴클레오티드 서열 또는 폴리펩티드의 아미노산 서열 사이의 동일성 또는 상응성의 정도를 지칭한다 (상기 문헌 [Reeck et al.] 참조). 다수의 공개적으로 입수가능한 서열 비교 알고리즘, 예컨대 BLAST, FASTA, DNA 스트라이더(DNA Strider), GCG (제네틱스 컴퓨터 그룹(Genetics Computer Group) (위스콘신주 매디슨), 문헌 [Program Manual for the GCG Package, Version 7]) 등 중 임의의 것을 사용하여 서열 동일성을 결정할 수 있다.

[0074] 2개의 아미노산 서열 또는 2개의 핵산 분자 사이의 퍼센트 동일성을 결정하기 위해, 최적의 비교 목적으로 서열들을 정렬한다. 2개의 서열 사이의 퍼센트 동일성은 동일한 위치의 개수를 서열로 나눈 함수이다 (즉, 퍼센트 동일성 = 동일한 위치의 개수 / 위치 (예를 들어, 중첩 위치)의 총 개수 x 100). 한 실시양태에서, 2개의 서열은 길이가 동일하거나 또는 대략적으로 동일하다. 갭을 허용하면서 또는 허용하지 않으면서 하기 기술된 것과 유사한 기술을 사용하여 2개의 서열 사이의 퍼센트 동일성을 결정할 수 있다. 퍼센트 서열 동일성의 계산에서, 전형적으로 정확한 매칭이 계수된다.

[0075] 2개의 서열 사이의 퍼센트 동일성을 결정하는 것은 수학적 알고리즘을 사용하여 달성될 수 있다. 2개의 서열의 비교를 위해 이용되는 수학적 알고리즘의 비제한적인 예는 문헌 [Karlin and Altschul, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 1993, 90:5873-5877]에서와 같이 변형된 문헌 [Karlin and Altschul, Proc. Natl. Acad. Sci. USA

1990, 87:2264]의 알고리즘이다. 이같은 알고리즘은 문헌 [Altschul et al., J. Mol. Biol. 1990; 215: 403]의 NBLAST 및 XBLAST 프로그램 내로 혼입된다. NBLAST 프로그램, 점수 = 100, 단어 길이 = 12로 BLAST 뉴클레오티드 검색을 수행하여, 본 발명의 서열에 상동성인 뉴클레오티드 서열을 수득할 수 있다. XBLAST 프로그램, 점수 = 50, 단어 길이 = 3으로 BLAST 단백질 검색을 수행하여, 본 발명의 단백질 서열에 상동성인 아미노산 서열을 수득할 수 있다. 비교 목적을 위한 갭이 있는 정렬을 수득하기 위해, 문헌 [Altschul et al., Nucleic Acids Res. 1997, 25:3389]에 기술된 바와 같이 갭 BLAST(Gapped BLAST)를 이용할 수 있다. 대안적으로, PSI-Blast를 사용하여 분자 사이의 원격 관계를 검출하는 반복 검색을 수행할 수 있다. 상기 문헌 [Altschul et al. (1997)]을 참조한다. BLAST, 갭 BLAST, 및 PSI-Blast 프로그램을 사용할 때, 각각의 프로그램 (예를 들어, XBLAST 및 NBLAST)의 디폴트 파라미터를 이용할 수 있다. 월드와이드웹의 ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/를 참조한다.

[0076] 서열 비교에 이용되는 수학적 알고리즘의 또 다른 비제한적인 예는 문헌 [Myers and Miller, CABIOS 1988; 4: 1 1-17]의 알고리즘이다. 이같은 알고리즘은 GCG 서열 정렬 소프트웨어 패키지의 일부분인 ALIGN 프로그램 (버전 2.0) 내로 혼입된다. 아미노산 서열을 비교하기 위해 ALIGN 프로그램을 이용할 때, PAM120 가중 잔기 표, 갭 길이 페널티 12, 및 갭 페널티 4를 사용할 수 있다.

[0077] 바람직한 실시양태에서, 블로섬(Blossum) 62 행렬 또는 PAM250 행렬, 갭 가중치 16, 14, 12, 10, 8, 6, 또는 4, 및 길이 가중치 1, 2, 3, 4, 5, 또는 6을 사용하여, GCG 소프트웨어 패키지 (액셀리스(Accelrys), 매사추세츠주 벌링턴; 월드와이드웹의 accelrys.com에서 입수가능함) 내의 GAP 프로그램 내로 혼입된 문헌 [Needleman and Wunsch, J. Mol. Biol. 1970, 48:444-453]의 알고리즘을 사용하여 2개의 아미노산 서열 사이의 퍼센트 동일성이 결정된다. 또 다른 바람직한 실시양태에서, NWSgapdna.CMP 행렬, 갭 가중치 40, 50, 60, 70, 또는 80, 및 길이 가중치 1, 2, 3, 4, 5, 또는 6을 사용하여 GCG 소프트웨어 패키지 내의 GAP 프로그램을 사용하여 2개의 뉴클레오티드 서열 사이의 퍼센트 동일성이 결정된다. 특히 바람직한 파라미터 세트 (및 실무자가 분자가 본 발명의 서열 동일성 또는 상동성 한계인지 여부를 결정하기 위해 어떤 파라미터가 적용되어야 하는지에 대한 확신이 없는 경우에 사용될 수 있는 것)는 블로섬 62 채점 행렬 + 갭 페널티 12, 갭 확장 페널티 4, 및 프레임이동 갭 페널티 5를 사용하는 것이다.

[0078] 퍼센트 동일성이 결정될 수 있는 방법의 또 다른 비제한적인 예는 문헌 [Current Protocols In Molecular Biology (F. M. Ausubel et al., eds., 1987) Supplement 30, section 7.7.18, Table 7.7.1]에 기술된 것과 같은 소프트웨어 프로그램의 사용에 의한 것이다. 바람직하게는, 디폴트 파라미터가 정렬에 사용된다. 바람직한 정렬 프로그램은 디폴트 파라미터를 사용하는 BLAST이다. 특히, 바람직한 프로그램은 하기의 디폴트 파라미터를 사용하는 BLASTN 및 BLASTP이다: 유전자 코드=표준; 필터=없음; 가닥=양쪽; 차단값=60; 기대값=10; 행렬=BLOSUM62; 설명=50개의 서열; 분류 방식=높은 점수; 데이터베이스=비-중복, 진뱅크(GenBank)+EMBL+DDBJ+PDB+진뱅크 CDS 번역+스위스프로테인(SwissProtein)+SP업데이트+PIR. 이러한 프로그램의 상세사항을 하기의 인터넷 주소에서 확인할 수 있다: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/cgi-bin/BLAST.

[0079] 본원에 기술된 성질들의 통계 분석은 표준 검정, 예를 들어, t-검정, ANOVA, 또는 카이 제곱 검정에 의해 수행될 수 있다. 전형적으로, 통계적 유의성은 p=0.05 (5%), 더욱 바람직하게는 p=0.01, p=0.001, p=0.0001, p=0.000001의 수준에서 측정될 것이다.

[0080] 도메인 서열의 "보존적으로 변형된 변이체"가 또한 제공될 수 있다. 특정 핵산 서열과 관련하여, 보존적으로 변형된 변이체는 동일하거나 또는 본질적으로 동일한 아미노산 서열을 코딩하는 핵산을 지칭하거나, 또는 핵산이 아미노산 서열을 코딩하지 않는 경우에는 본질적으로 동일한 핵산을 지칭한다. 구체적으로, 하나 이상의 선택된 (또는 모든) 코돈의 세번째 위치가 혼합-염기 및/또는 데옥시오니신 잔기로 치환된 서열을 생성시킴으로써 축퇴성 치환이 달성될 수 있다 (Batzer, et al., 1991, Nucleic Acid Res. 19: 5081; Ohtsuka, et al., 1985, J. Biol. Chem. 260: 2605-2608; Rossolini et al., 1994, Mol. Cell. Probes 8: 91-98).

[0081] 야생형 단백질의 "생물학적으로 활성인 단편", "생물학적으로 활성인 형태", "생물학적으로 활성인 등가물" 및 "기능성 유도체"라는 용어는 활성 검출에 적절한 검정법을 사용하여 측정 시 야생형 단백질의 생물학적 활성과 적어도 실질적으로 동일한 (예를 들어, 이와 유의하게 상이하지 않은) 생물학적 활성을 보유한다.

[0082] 본원에서 사용된 바와 같이, "생체내" 핵산 배달, 핵산 전달, 핵산 요법 등은 개선된 LAMP 구축물을 생물, 예컨대 인간 또는 비-인간 포유동물의 신체 내로 직접적으로 도입하고, 이에 의해 개선된 LAMP 구축물이 생체 내에서 이같은 생물의 세포에 도입되는 것을 지칭한다.

[0083] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "계내"는 개선된 LAMP 구축물이 표적 세포와 근접하게 되는 생체내 핵산 전달의 유형을 지칭한다 (예를 들어, 핵산이 전신적으로 투여되지 않음). 예를 들어, 계내 전달 방법은 개선된 LAMP 구축물을 부위에 (예를 들어, 조직, 예컨대 종양 또는 심장 근육 내로) 직접 주사하는 것, 개방된 수술 구역을 통해 개선된 LAMP 구축물을 세포(들) 또는 조직과 접촉시키는 것, 또는 개선된 LAMP 구축물을 의학적 접근 장치 예컨대 카테터를 사용하여 부위에 전달하는 것을 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0084] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "단리된" 또는 "정제된"은 폴리뉴클레오티드, 펩티드, 폴리펩티드, 단백질, 항체, 또는 이의 단편이 천연에서 정상적으로 회합되어 있는 세포성 및 그 밖의 구성성분으로부터 분리된 것 (또는 이러한 구성성분이 실질적으로 없는 것)을 의미한다. 예를 들어, 개선된 LAMP 구축물과 관련하여, 단리된 폴리뉴클레오티드는 정상적으로는 자신이 염색체 내에서 회합되어 있는 5' 및 3' 서열로부터 분리된 것이다. 관련 기술분야의 기술자에게 명백한 바와 같이, 비-천연 발생 폴리뉴클레오티드, 펩티드, 폴리펩티드, 단백질, 항체, 또는 이의 단편은 이를 이의 천연 발생 대응물과 구별하기 위해 "단리"를 필요로 하지 않는다. 실질적으로 없는 또는 실질적으로 정제된은 집단의 적어도 50%, 바람직하게는 적어도 70%, 더욱 바람직하게는 적어도 80%, 더욱 더 바람직하게는 적어도 90%가 자신이 천연에서 회합된 성분이 없는 것을 의미한다.

[0085] 본원에서 사용된 바와 같이, "표적 세포" 또는 "수용자 세포"는 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물의 수용자이기를 원하는 또는 수용자인 개별적인 세포 또는 세포를 지칭한다. 이러한 용어는 또한 단일 세포의 자손을 포함하도록 의도되고, 이러한 자손은 자연적, 우발적 또는 의도적 돌연변이로 인해 (형태학 면에서 또는 게놈 또는 총 DNA 전량 면에서) 원래의 부모 세포와 완전히 동일할 필요가 없을 수 있다. 표적 세포는 (예를 들어, 조직에서와 같이) 다른 세포와 접촉되어 있을 수 있거나, 또는 생물의 신체 내에서 순환 중인 것으로 발견될 수 있다.

[0086] 본원에서 사용된 바와 같이, "대상체"는 척추동물, 바람직하게는 포유동물, 더욱 바람직하게는 인간이다. 포유동물은 뮤린, 시미안, 인간, 농장 동물, 스포츠 동물, 및 애완동물을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 다른 바람직한 실시양태에서, "대상체"는 설치류 (예를 들어, 래트, 마우스), 토끼, 라마, 낙타, 소, 기니피그, 햄스터, 개, 고양이, 말, 비-인간 영장류, 시미안 (예를 들어 원숭이 또는 유인원), 원숭이 (예를 들어 명주원숭이, 개코원숭이, 붉은털원숭이), 또는 유인원 (예를 들어 고릴라, 침팬지, 오랑우탄, 긴팔원숭이)이다. 다른 실시양태에서, 비-인간 포유동물, 특히 인간에서의 치료 효능을 입증하기 위한 모델로서 편리하게 사용되는 포유동물 (예를 들어 뮤린, 영장류, 돼지, 갯과, 또는 토끼 동물)을 사용할 수 있다.

[0087] 용어 "암", "신생물", 및 "종양"은 상호교환가능하게 사용되고, 단수 또는 복수 형태로, 이를 숙주 생물에 병적이게 만드는 악성 형질전환을 겪은 세포를 지칭한다. 1차 암 세포 형질전환이 이를 숙주 생물에 병적이게 만든다. 1차 암 세포 (즉, 악성 형질전환 부위 근처에서 수득된 세포)는 잘 확립되어 있는 기술, 특히 조직학적 검사에 의해 비-암성 세포로부터 쉽게 구별될 수 있다. 본원에서 사용된 바와 같이, 암 세포의 정의는 1차 암 세포 뿐만 아니라, 암 세포 선조로부터 유래된 임의의 세포를 포함한다. 이는 전이된 암 세포, 및 암 세포로부터 유래된 시험관내 배양물 및 세포주를 포함한다. 일반적으로 고형 종양으로서 나타내는 암 유형을 지칭할 때, "임상적으로 검출가능한" 종양은 종양 덩어리를 기초로, 예를 들어, CAT 스캔, MR 영상화, X선, 초음파 또는 촉진과 같은 절차에 의해 검출가능하고/하거나, 환자로부터 수득가능한 샘플 내의 하나 이상의 암-특이적 항원의 발현으로 인해 검출가능한 종양이다.

[0088] 바람직한 실시양태에서, 암 (과다형성을 포함하여, 모든 진행 단계를 포함함)은 선암종, 육종, 피부암, 흑색종, 방광암, 뇌암 (다형성 교모세포종을 포함함), 유방암, 자궁암, 난소암, 전립선암, 폐암 (NSCLC, SCLC, 편평세포암을 포함하나 이에 제한되지는 않음), 결장직장암, 항문암, 직장암, 자궁경부암, 간암, 두경부암, 구강암, 타액선암, 식도암, 췌장암, 췌장관 선암종 (PDA), 신암, 위암, 신장암, 다발성 골수종, 또는 대뇌암이다. 또한, 본원에 기술된 LAMP 구축물로 치료될 바람직한 질환은 사이토메갈로바이러스 (CMV)에 의해 야기되는 과다증식성 장애 또는 암을 포함한다

[0089] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "제약상 허용되는 담체"는 표준 제약 담체, 예컨대 포스페이트 완충 염수 용액, 물, 및 에멀션, 예컨대 오일/물 또는 물/오일 에멀션, 및 다양한 유형의 습윤화제 중 임의의 것을 포함한다. 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 조성물은 안정화제 및 방부제를 또한 포함할 수 있다. 담체, 안정화제 및 아주반트의 예에 대해, 문헌 [Martin Remington's Pharm. Sci., 15th Ed. (Mack Publ. Co., Easton (1975))]을 참조한다.

[0090] 세포는 개선된 LAMP 구축물이 세포 내부로 도입되었을 때 이같은 핵산에 의해 "형질전환"되거나, "형질도입"되거나 또는 "형질감염"된 것이다. 형질전환 DNA는 세포의 게놈을 구성하는 염색체 DNA와 통합될 수 있거나 (공

유결합으로 연결됨), 또는 통합되지 않을 수 있다. 예를 들어 원핵생물, 효모, 및 포유동물 세포에서, 개선된 LAMP 구축물은 에피솜 요소, 예컨대 플라스미드 상에서 유지될 수 있다. 진핵생물 세포에서, 안정적으로 형질전환된 세포는 개선된 LAMP 구축물이 염색체 내로 통합되어 염색체 복제를 통해 딸 세포에 의해 유전되는 세포이다. 이러한 안정성은 진핵생물 세포가 개선된 LAMP 구축물을 함유하는 딸 세포의 집단으로 구성되는 세포주 또는 클론을 확립하는 능력에 의해 입증된다. "클론"은 유사 분열에 의해 단일 세포 또는 공통 조상으로부터 유래된 세포들의 집단이다. "세포주"는 다수의 세대 (예를 들어, 적어도 약 10 세대) 동안 시험관 내에서 안정적으로 성장할 수 있는 1차 세포의 클론이다.

[0091] 본원에서 사용된 바와 같이, "유효량"은 이로운 또는 원하는 결과에 영향을 미치는데 충분한 양, 예컨대 개선된 LAMP 구축물 전달 및/또는 발현, 및/또는 원하는 치료 종점의 달성의 유효량이다. 유효량은 1회 이상의 투여, 적용 또는 투여량으로 투여될 수 있다. 한 측면에서, 개선된 LAMP 구축물의 유효량은 적어도 2개의 세포를 포함하는 세포 집단 내의 적어도 1개의 세포를 형질전환/형질도입/형질감염시키는데 충분한 양이다.

[0092] 본원에서 사용된 바와 같이, "치료적 유효량"은 비정상적인 생리학적 반응을 예방, 수정 및/또는 정상화하는데 충분한 양을 의미하도록 본원에서 사용된다. 한 측면에서, "치료적 유효량"은 병리의 임상적으로 유의한 특색, 예를 들어, 종양 덩어리의 크기, 항체 생산, 시토카인 생산, 열 또는 백혈구 수를 적어도 약 30 퍼센트, 더욱 바람직하게는 적어도 50 퍼센트, 가장 바람직하게는 적어도 90 퍼센트만큼 감소시키는데 충분한 양이다.

[0093] "항체"는 특정 항원에 결합하는, 항체 및 이의 단편을 포함하는 임의의 이뮤노글로불린이다. 이러한 용어는 폴리클로날, 모노클로날, 및 키메라 항체 (예를 들어, 이중특이적 항체)를 포괄한다. "항체 결합 부위"는 항원에 특이적으로 결합하는 중쇄 및 경쇄 가변 및 초가변 영역으로 구성된 항체 분자의 구조적 부분이다. 예시적인 항체 분자는 무손상 이뮤노글로불린 분자, 실질적으로 무손상인 이뮤노글로불린 분자, 및 Fab, Fab', $F(ab')_2$ 및 F(v) 부분을 포함하는, 파라토프를 함유하는 이뮤노글로불린 분자의 일부분 (이러한 일부분이 본원에 기술된 치료 방법에서 사용하기에 바람직함)이다. 따라서, 항체라는 용어는 전체 항체 분자 뿐만 아니라, 항체 단편, 및 항체 및 항체 단편의 변이체 (유도체 예컨대 융합 단백질을 포함함)를 포괄한다. 본 출원에서 "항체"라는 용어에 의해 기술되는 분자의 예는 하기를 포함하나 이에 제한되지는 않는다: 단일쇄 Fv (scFv), Fab 단편, Fab' 단편, $F(ab')_2$, 디술피드 연결 Fv (sdFv), Fv, 및 VL 또는 VH 도메인을 포함하거나 또는 대안적으로 VL 또는 VH 도메인로 이루어지는 단편. 본원에서 사용된 바와 같은 용어 "단일쇄 Fv" 또는 "scFv"는 항체의 VH 도메인에 연결된 항체의 VL 도메인을 포함하는 폴리펩티드를 지칭한다. 문헌 [Carter (2006) Nature Rev. Immunol. 6:243]을 참조한다.

[0094] 추가적으로, 본 발명의 항체는 모노클로날, 다중특이적, 이중특이적, 인간, 인간화, 마우스, 또는 키메라 항체, 단일쇄 항체, 낙타류 항체, Fab 단편, F(ab') 단편, 항-이디오타입 (항-Id) 항체 (예를 들어, 본 발명의 항체에 대한 항-Id 항체를 포함함), 도메인 항체, 및 상기 중 임의의 것의 에피토프-결합 단편을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 본 발명의 이뮤노글로불린 분자는 임의 유형 (예를 들어, IgG, IgE, IgM, IgD, IgA 및 IgY), 클래스 (예를 들어, IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgA1 및 IgA2) 또는 서브클래스의 이뮤노글로불린 분자일 수 있다.

[0095] 가장 바람직하게는, 항체는 인간 항체이다. 본원에서 사용된 바와 같이, "인간" 항체는 인간 이뮤노글로불린의 아미노산 서열을 갖는 항체를 포함하고, 인간 이뮤노글로불린 라이브러리 및 인간 항체를 생산하도록 유전자 조작된 제노마우스 및 기타 생물로부터 단리된 항체를 포함한다. 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물은 예시된 프로토콜에 기술된 바와 같이 인간 항체 및 인간 모노클로날 항체를 생성시키기 위한 공지된 기술과 조합되어 사용될 수 있고, 예를 들어, PCT 공보 WO 98/24893; WO 92/01047; WO 96/34096; WO 96/33735; 유럽 특허 번호 0598877; 미국 특허 번호 5,413,923; 5,625,126; 5,633,425; 5,569,825; 5,661,016; 5,545,806; 5,814,318; 5,885,793; 5,916,771; 및 5,939,598; 및 문헌 [Lonberg and Huszar, Int. Rev. Immunol. 13:65-93 (1995)]을 참조한다.

[0096] 본원에 기술되어 있거나 또는 관련 기술분야에 공지되어 있는 기술과 조합하여 개선된 LAMP 구축물을 사용하여 인간 항체 또는 "인간화" 키메라 모노클로날 항체를 생산할 수 있다. 예를 들어, 키메라 항체를 생산하기 위한 표준 방법이 관련 기술분야에 공지되어 있다. 리뷰를 위해 하기 참고문헌을 참조한다: 문헌 [Morrison, Science 229:1202 (1985)]; [Oi et al., BioTechniques 4:214 (1986)]; 캐빌리(Cabilly) 등의 미국 특허 번호 4,816,567; 타니구치(Taniguchi) 등의 EP 171496; 모리슨(Morrison) 등의 EP 173494; 노이버거(Neuberger) 등의 WO 8601533; 로빈슨(Robinson) 등의 WO 8702671; 문헌 [Boulianne et al., Nature 312:643 (1984)]; [Neuberger et al., Nature 314:268 (1985)].

[0097] 본 발명의 항체는 1가, 2가, 3가 또는 다가일 수 있다. 예를 들어, 1가 scFv가 화학적으로 또는 또 다른 단백질 또는 물질과의 회합에 의해 다량체화될 수 있다. 헥사히스티딘 태그 또는 플래그(Flag) 태그에 융합된 scFv가 Ni-NTA 아가로스 (퀴아젠(Qiagen))를 사용하여 또는 항-플래그 항체 (스트라타진 인크(Stratagene, Inc.))를 사용하여 다량체화될 수 있다. 추가적으로, 개선된 LAMP 구축물을 사용하여 개선된 LAMP 구축물에 함유된 코딩된 항원(들)에 대한 단일특이성, 이중특이성, 삼중특이성 또는 그 초과의 다중특이성을 생성시킬 수 있다. 예를 들어, PCT 공보 WO 93/17715; WO 92/08802; WO 91/00360; WO 92/05793; 문헌 [Tutt, et al., J. Immunol. 147:60-69 (1991)]; 미국 특허 번호 4,474,893; 4,714,681; 4,925,648; 5,573,920; 5,601,819; 문헌 [Kostelny et al., J. Immunol. 148:1547-1553 (1992)]을 참조한다.

[0098] "에피토프"는 면역계의 성분이 특이적으로 인식하거나 또는 특이적으로 결합하는, 일반적으로 짧은 펩티드 서열 또는 올리고당류로 구성된 구조이다. T-세포 에피토프는 일반적으로 선형 올리고펩티드인 것으로 나타났다. 동일한 항체에 의해 특이적으로 결합될 수 있으면 2개의 에피토프가 서로 상응한다. 둘 다가 동일한 B 세포 수용체 또는 동일한 T 세포 수용체에 결합할 수 있으면 2개의 에피토프가 서로 상응하고, 하나의 항체가 이의 에피토프에 결합하는 것은 다른 에피토프에 의한 결합을 실질적으로 방지한다 (예를 들어, 다른 에피토프의 약 30% 미만, 바람직하게는 약 20% 미만, 더욱 바람직하게는 약 10%, 5%, 1%, 또는 약 0.1% 미만이 결합함). 본 발명에서, 다중 에피토프가 항원을 구성할 수 있다.

[0099] 본원에서 사용된 바와 같은 용어 "항원" 또는 "관심 항원"은 표 1에 제시된 바와 같이 선천 또는 적응 면역 반응을 유발하는데 사용되는 개선된 LAMP 구축물 내로 클로닝된 폴리뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 임의의 폴리펩티드 서열을 포함한다. "항원"은 개선된 LAMP 구축물 내로 클로닝된 단일 항원 뿐만 아니라 다중 항원성 서열 (동일하거나 상이한 단백질로부터 유래됨) 둘 다를 포함한다.

[0100] 본원에서 사용된 바와 같은 용어 "항원 제시 세포"는 자신의 표면에 주요 조직적합성 복합체 분자 또는 이의 일부분, 또는 대안적으로 하나 이상의 비-고전적 MHC 분자 또는 이의 일부분과 회합된 항원을 제시하는 임의의 세포를 포함한다. 적절한 APC의 예가 하기에서 상세하게 논의되고, 전체 세포 예컨대 대식세포, 수지상 세포, B 세포, 하이브리드 APC, 및 위탁 항원 제시 세포를 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0101] 본원에서 사용된 바와 같이, "조작된 항원-제시 세포"는 이의 표면 상에 비-천연 분자 모이어티가 있는 항원-제시 세포를 지칭한다. 예를 들어, 이같은 세포는 천연적으로는 이의 표면 상에 공동자극인자가 없을 수 있거나, 또는 이의 표면 상에 천연 공동자극인자에 더하여 추가적인 인공 공동자극인자가 있을 수 있거나, 또는 이의 표면 상에 비-천연 클래스 II 분자를 발현할 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 조작된 항원-제시 세포는 이의 표면 상에 개선된 LAMP 구축물로부터 발현된 항원이 있다.

[0102] 본원에서 사용된 바와 같이, "면역 이펙터 세포"는 항원에 결합할 수 있고 면역 반응을 매개하는 세포를 지칭한다. 이러한 세포는 T 세포, B 세포, 단핵구, 대식세포, NK 세포 및 세포독성 T 림프구 (CTL), 예를 들어 CTL 세포주, CTL 클론, 및 종양, 염증 또는 기타 침윤물로부터의 CTL을 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0103] 본원에서 사용된 바와 같이, "부분 인간"은 인간 및 비-인간 척추동물 둘 다로부터의 서열을 갖는 핵산을 지칭한다. 부분 인간 서열의 맥락에서, 부분 인간 핵산은 인간 이뮤노글로불린 코딩 영역의 서열, 및 비-인간 척추동물의 내인성 이뮤노글로불린 영역의 비-코딩 서열을 기초로 하는 서열을 갖는다. 비-인간 척추동물로부터의 내인성 비-코딩 서열과 관련하여 사용될 때의 용어 "기초로 하는"은 비-코딩 서열에 상응하고 숙주 척추 동물, 예를 들어, ES 세포가 유래되는 비-인간 척추동물의 내인성 유전자좌의 비-코딩 서열과 비교적 높은 정도의 상동성을 공유하는 서열을 지칭한다. 바람직하게는, 비-코딩 서열은 비-코딩 서열을 포함하는 부분 인간 분자가 도입된 비-인간 척추동물 숙주 세포의 내인성 유전자좌에서 발견되는 상응하는 비-코딩 서열과 적어도 80%, 더욱 바람직하게는 90% 상동성을 공유한다.

[0104] 본원에서 사용된 바와 같은 용어 "이뮤노글로불린 가변 영역"은 항체 분자의 가변 영역 전체 또는 이의 일부분 또는 항체 분자의 발현을 제어하는 조절 뉴클레오티드 서열 전체 또는 이의 일부분을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 지칭하도록 본원에서 사용된다. 중쇄에 대한 이뮤노글로불린 영역은 인트론을 포함하여 V, D, J, 및 스위치 영역 전체 또는 이의 일부분을 포함할 수 있으나 이에 제한되지는 않는다. 경쇄에 대한 이뮤노글로불린 영역은 경쇄 불변 영역 유전자와 회합된 또는 이에 인접한, V 및 J 영역, 이의 상류 플랭킹 서열, 인트론을 포함할 수 있으나 이에 제한되지는 않는다.

[0105] "트랜스제닉 동물"은 외인성 핵산 서열이 이의 세포의 일부분 내에 염색체외 요소로서 존재하거나 또는 이의 생식계열 DNA 내로 (즉, 이의 세포 대부분 또는 전체의 게놈 서열 내에) 안정적으로 통합된 비-인간 동물, 일반적

으로는 포유동물을 의미한다. 인간 서열을 포함하는 트랜스제닉 동물을 생성시키는 것에서, 부분 인간 핵산이 관련 기술분야에 널리 공지되어 있는 방법에 따라 예를 들어 숙주 동물의 배아 또는 배아 줄기 세포의 유전자 조작에 의해 이같은 트랜스제닉 동물의 생식계열 내로 도입된다.

[0106] "벡터"는, 자가-복제 여부와 관계 없이, 세포를 형질전환 또는 형질감염시키는데 사용될 수 있는 플라스미드 및 바이러스 및 임의의 DNA 또는 RNA 분자를 포함한다.

[0107] 세포의 "단리된" 또는 "정제된" 집단은 천연에서 이와 회합되는 세포 또는 물질이 실질적으로 없다. 실질적으로 없는 또는 실질적으로 정제된 APC는 집단의 적어도 50%가 APC라는 것을 의미하고, 바람직하게는 적어도 70%, 더욱 바람직하게는 적어도 80%, 더욱 더 바람직하게는 적어도 90%가 천연에서 이와 회합되는 비-APC 세포가 없다.

[0108] 본원에서 사용된 바와 같이, "유전자 변형"은 세포의 정상적인 뉴클레오티드에 대한 임의의 부가, 결실 또는 파괴를 지칭한다. APC의 유전자 변형을 달성할 수 있는 임의의 방법이 본 발명의 취지 및 범주 내에 속한다. 관련 기술분야에서 인정되는 방법은 바이러스 매개 유전자 전달, 리포솜 매개 전달, 형질전환, 형질감염 및 형질도입, 예를 들어, DNA 바이러스 예컨대 아데노바이러스, 아데노-연관 바이러스 및 헤르페스 바이러스, 뿐만 아니라 레트로바이러스 기반 벡터를 기초로 하는 개선된 LAMP 구축물을 사용하는 것과 같은 바이러스-매개 유전자 전달을 포함한다.

[0109] 본 발명의 실행은, 달리 지시되지 않는 한, 관련 기술분야의 기술 내에 속하는 통상적인 분자 생물학, 미생물학, 및 재조합 DNA 기술을 이용한다. 이같은 기술은 문헌에 충분히 설명되어 있다. 예를 들어, 문헌 [Maniatis, Fritsch & Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual (1982)]; [DNA Cloning: A Practical Approach, Volumes I and II (D. N. Glover, ed., 1985)]; [Oligonucleotide Synthesis (M. J. Gait, ed., 1984)]; [Acid Hybridization (B. D. Hames & S. J. Higgins, eds., 1985)]; [Transcription and Translation (B. D. Hames & S. I. Higgins, eds., 1984)]; [Animal Cell Culture (R. I. Freshney, ed., 1986)]; [Immobilized Cells and Enzymes (IRL Press, 1986)]; [B. Perbal, A Practical Guide to Molecular Cloning (1984)]을 참조한다.

[0110] 달리 정의되지 않는 한, 본원에서 사용된 모든 기술 용어 및 과학 용어는 본 발명이 속하는 분야의 통상의 기술자가 통상적으로 이해하는 바와 동일한 의미를 갖는다. 본원에서 언급된 모든 간행물은 현재 기술된 발명과 관련하여 사용될 수 있는 장치, 제형 및 방법을 기술하고 개시하기 위한 목적으로 참조로 포함된다.

[0111] **LAMP 구축물**

[0112] cDNA 클론으로부터 추정된 바와 같이 (Chen, et al., J. Biol. Chem. 263: 8754, 1988), LAMP-1은 대형 (346개의 잔기) 아미노-말단 루미날 도메인에 이어지는 24개의 잔기의 소수성 막횡단 영역 및 짧은 (12개의 잔기) 카르복실-말단 세포질 꼬리가 있는 아미노산 약 382개의 폴리펩티드 코어로 이루어진다. 도 2a 및 2b를 참조한다. 루미날 도메인은 고도로 글리코실화되어, 약 20개의 아스파라긴 연결 복합체-유형 올리고당류로 치환되고, 프롤린/세린-풍부 힌지 영역에 의해 분리된 2개의 잔기 약 160개의 "상동성 도메인"으로 이루어진다. 각각의 이러한 "상동성 도메인"은 루미날 도메인의 2개의 반쪽 내에 대칭적으로 배치된 4개의 잔기 36-38개의 루프를 형성하도록 디술피드 결합된, 4개의 균일한 간격의 시스테인 잔기를 함유한다 (문헌 [Arterburn, et al., J. Biol. Chem. 265: 7419, 1990]; 또한 문헌 [Chen, et al., J. Biol. Chem. 25: 263(18): 8754-8, 1988] 참조). 도 2a는 LAMP-1, LAMP-2, LAMP-3, 엔돌린, LIMBIC, LAMP5, 또는 마크로사일린 사이의 보존된 도메인을 개략적으로 나타낸다.

[0113] 이전에 보고된 LAMP 구축물은 하기의 요소를 이러한 특정 배열로 포함한다: (a) LAMP-1 단백질의 전체 루미날 도메인, 항원 및 이어서 LAMP-1 단백질의 전체 막횡단/세포질 꼬리; 또는 (b) 항원 및 LAMP-1 단백질의 전체 막횡단/세포질 꼬리. 예 (a)에서, 항원성 서열은 LAMP-1 단백질의 전체 루미날 도메인과 LAMP-1 전체 막횡단 도메인/세포질 꼬리 사이에 삽입된다. 둘 다의 구축물이 항원성 서열을 리소솜/엔도솜으로 성공적으로 표적화하는 것으로 나타났고, 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 ILC1-ILC6에 비교하여 도 1에서 제시된 바와 같이 "완전한 LAMP 구축물"로 지칭될 것이다. 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물은 선행 기술에 기술된 완전한 LAMP 구축물을 포함하지 않는다.

[0114] LAMP-1의 전체 루미날 도메인보다 작은 단편이 강건한 면역 반응을 생성시키는 것에서 효과적이지 않았다는 것이 문헌에서 널리 보고되었지만 (예를 들어, 문헌 [Godinho et al.] 참조). 대조적으로, 본 발명자들은 특정한 배열의 특정 단편이 실제로 효과적으로 항원을 면역계에 제시하여, 상이한 항체 레퍼토리의 생성을 포함하여,

다수의 경우에 더욱 강건한 면역 반응을 생성시켰다는 것을 뜻밖에 발견하였다. 예를 들어, 본 발명자들은 강건한 면역 반응을 생성시키는데 효과적인 최소 LAMP 루미날 도메인 단편이 (문헌에서 널리 보고된 바와 같이) 전체 루미날 도메인이 아니라, LAMP 단백질의 루미날 도메인의 단일 상동성 도메인이라는 것을 확인하였다.

[0115] 예를 들어, 구축물은 전체 루미날 도메인이 아니라 LAMP 단백질의 루미날 도메인의 단일 상동성 도메인을 포함할 수 있다. 본원에서 사용된 바와 같이, "상동성 도메인"은 도 3-10에 나타난 적어도 4개의 균일한 간격의 시스테인 잔기를 포함한다. 이러한 시스테인 잔기는 도 3-10에서 제시된 바와 같이 각각의 상동성 도메인에서 1, 2, 3, 및 4로 표지되고 (LIMP-2 및 마크로사일린에서는 5개의 시스테인이 확인되고, LIMBIC에서는 6개의 시스테인이 확인되며, 엔돌린에서는 8개의 시스테인이 확인됨), 본원에서 "시스테인 보존된 단편"으로 정의된다. 추가적인 아미노산이 시스테인 보존된 단편의 N-말단 단부 및/또는 C-말단 단부에 포함되어, LAMP 단백질의 전체 상동성 도메인까지가 생성될 수 있다. 이러한 추가적인 부가된 아미노산은 시스테인 보존된 단편이 유래되는 상동성 도메인으로부터 또는 다른 LAMP 단백질 상동성 도메인으로부터 유래될 수 있다. 따라서, 본원에서 사용된 바와 같이, LAMP 상동성 도메인은 하나의 시스테인 보존된 단편을 포함하고/하거나 이로 이루어진다. 적어도 2개의 LAMP 상동성 도메인이 LAMP-1, LAMP-2, LAMP-3, 또는 엔돌린의 루미날 도메인을 구성한다.

[0116] 구체적으로, 한 바람직한 실시양태에서, 개선된 LAMP 구축물은 LAMP 단백질의 루미날 도메인, LAMP 단백질의 적어도 1개의 상동성 도메인, 또는 LAMP 단백질의 적어도 1개의 시스테인 보존된 단편의 N-말단에 융합된 표 1에 기술된 적어도 1개의 암 항원 (바람직하게는, 표 1의 4열에 기술된 서열/단편/에피토프) 및/또는 단락 [150]에 기술된 조합물을 포함한다. 예를 들어, 도 1의 ILC-2 및 ILC-6을 참조한다. 바람직한 실시양태에서, 이러한 구축물은 LAMP 단백질의 막횡단 도메인 및/또는 LAMP 단백질의 세포질액 꼬리를 또한 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 항원이 막횡단 도메인을 함유하는 경우, LAMP 단백질의 막횡단 도메인 및/또는 LAMP 단백질의 세포질액 꼬리가 불필요하다. 바람직한 실시양태에서, 2개의 상동성 도메인이 개선된 LAMP 구축물 내에 포함된다 (예를 들어, 도 1의 ILC-1). 추가의 바람직한 실시양태에서, 2개의 상동성 도메인은 LAMP-1, LAMP-2, LAMP-3, 또는 엔돌린 단백질로부터 유래된다. 대안적으로, 2개의 상동성 도메인은 상이한 LAMP 단백질로부터 유래된다. 2개의 상동성 도메인을 포함하는 이러한 구축물에서, LAMP 힌지 도메인이 또한 포함될 수 있다. 항원이 항상 전체 루미날 LAMP-1 도메인과 전체 LAMP-1 막횡단/세포질 꼬리 사이에 위치한 바와 같은 선행 기술의 관점에서 이러한 단락에서 기술된 개선된 LAMP 구축물은 뜻밖이었는데, 루미날 도메인의 단편은 강건한 면역 반응을 생성시키는데 효과적인 것으로 보고되지 않았기 때문이다.

[0117] 또 다른 바람직한 실시양태에서, 개선된 LAMP 구축물은 LAMP 단백질의 단일 상동성 도메인 또는 LAMP의 단일 시스테인 보존된 단편의 C-말단에 융합된 표 1에 기술된 적어도 1개의 암 항원 (바람직하게는, 표 1의 4열에 기술된 서열/단편/에피토프) 및 단락 [150]에 기술된 조합물을 포함한다 (예를 들어, 도 1의 ILC-5). 바람직한 실시양태에서, 이러한 구축물은 LAMP 단백질의 막횡단 도메인, 및/또는 LAMP 단백질의 세포질액 꼬리를 또한 포함한다 (예를 들어, 도 1의 ILC-3). 다른 바람직한 실시양태에서, 항원이 막횡단 도메인을 함유하는 경우, LAMP 단백질의 막횡단 도메인 및/또는 LAMP 단백질의 세포질액 꼬리가 불필요하다. 표 1에 기술된 암 항원은 도 1에 도시된 바와 같은 완전한 LAMP 구축물 내로 또한 삽입될 수 있다. 대안적으로, 2개이 상이한 LAMP 단백질로부터의 2개의 상동성 도메인이 사용될 수 있다. 항원이 항상 전체 루미날 LAMP-1 도메인과 전체 LAMP-1 막횡단/세포질 꼬리 상이에 위치한 바와 같은 선행 기술의 관점에서 이러한 단락에서 기술된 개선된 LAMP 구축물은 뜻밖이었는데, 루미날 도메인의 단편은 강건한 면역 반응을 생성시키는 것에서 효과적인 것으로 보고되지 않았기 때문이다.

[0118] 따라서, 개선된 LAMP 구축물은 LAMP 단백질의 단일 상동성 도메인 또는 LAMP 단백질의 단일 시스테인 보존된 단편의 C-말단에 융합된 표 1에 기술된 적어도 1개의 암 항원 (바람직하게는, 표 1의 4열에 기술된 서열/단편/에피토프) 및 단락 [150]에 기술된 조합물을 포함한다. 예를 들어, 도 1의 ILC-3 및 ILC-5를 참조한다. 바람직한 실시양태에서, 이러한 구축물은 LAMP 단백질의 막횡단 도메인, 및/또는 LAMP 단백질의 세포질액 꼬리를 또한 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 항원이 막횡단 도메인을 함유하는 경우, LAMP 단백질의 막횡단 도메인 및/또는 LAMP 단백질의 세포질액 꼬리가 불필요하다. 이러한 단락에서 기술된 개선된 LAMP 구축물은 상기 기술된 바와 같은 선행 기술의 관점에서 뜻밖이다.

[0119] 또 다른 바람직한 실시양태에서, 개선된 LAMP 구축물은 LAMP 단백질의 제1 상동성 도메인과 LAMP 단백질의 제2 상동성 도메인 사이에 (또는 적어도 2개의 시스테인 보존된 단편 사이에) 융합된 적어도 1개의 관심 항원을 포함한다. 예를 들어, 도 1의 ILC-4를 참조한다. 바람직한 실시양태에서, 2개의 상동성 도메인은 LAMP-1, LAMP-2, LAMP-3, 또는 엔돌린 단백질로부터 유래된다. 이러한 구축물에서, 항원은 LAMP 힌지 영역 내에 위치할 수 있다. 대안적으로, 2개의 상이한 LAMP 단백질로부터의 2개의 상동성 도메인이 사용될 수 있다. 표 1에 기술된

적어도 1개의 암 항원 (바람직하게는, 표 1의 4열에 기술된 서열/단편/에피토프) 및 단락 [150]에 기술된 조합물이 2개의 LAMP 상동성 도메인 (시스테인 보존된 단편을 포함함) 사이에 융합된 이러한 배열은 상기 기술된 바와 같은 선행 기술의 관점에서 뜻밖이다.

[0120] 각각의 상기 정의된 개선된 LAMP 구축물은 도면에서 정의된 도메인을 사용하여 생성될 수 있다. 예를 들어, 도 1에 도해된 개선된 LAMP 구축물에 포함된 도메인이, 예를 들어, 오르토로그 서열로부터 유래된 서열로부터 기원할 수 있다는 것이 특히 구상된다. 예를 들어, 도 3-10을 참조한다. 도 2a 및 2b에서 정의된 등가의 도메인이 오르토로그 서열에 대해 도 1에 도해된 개선된 LAMP 구축물을 생성시키는데 사용되는 것이 명백하게 구상된다. 또한, 도 3-10에 제시된 오르토로그 서열은 도메인을 생성시키는데 사용될 수 있는 서열을 대표한다. 다른 오르토로그 서열 및/또는 이소타입을 확인하고, 이를 도 3-10에 제시된 정렬과 비교하는 것은 충분히 관련 기술분야의 기술 내에 속한다. 따라서, 도 3-10에 제시된 정렬로 인간 LAMP 단백질에 대한 도 2a 및 2b에 정의된 등가의 경계를 확인함으로써, 도 1에 도해된 개선된 LAMP 구축물을 생성시킬 수 있다.

[0121] 숙련된 기술자가 잘 이해할 바와 같이, 각각의 도메인의 경계는 근사값이고, 클로닝 고려사항 및 제한 효소 배치를 기초로 적어도 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 10개의 아미노산이 조정될 수 있다. 따라서, 특정 도메인 (예를 들어, LAMP 상동성 도메인)이 개선된 LAMP 구축물에 포함되는 경우, 도메인의 시작 및 종결 아미노산은 도 2a에 정의된 경계처럼 적어도 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 10개의 아미노산만큼 조정될 수 있다.

[0122] 각각의 상기 기술된 개선된 LAMP 구축물은 관련 기술분야에 널리 공지된 바와 같이 클로닝 목적을 위해 각각의 도메인 사이에 신호 서열 및/또는 추가적인 아미노산을 추가적으로 포함할 수 있다. 추가적으로, LAMP 상동성 도메인, LAMP 루미날 도메인, LAMP 막횡단 도메인, 및/또는 LAMP 세포질액 꼬리 도메인이 동일한 LAMP 단백질 (예를 들어, 인간 LAMP-1) 또는 상이한 LAMP 단백질 (예를 들어, 인간 LAMP-1로부터의 루미날 도메인 및 인간 LAMP-2로부터의 막횡단 도메인, 및/또는 동일한 유전자 패밀리 (예를 들어, LAMP-1) 또는 상이한 유전자 패밀리 (LAMP-1 및 LAMP-2)내의 오르토로그 도메인의 혼합)에서 기원할 수 있다.

[0123] 기술된 LAMP 구축물의 폴리펩티드 변이체가 구상된다. 예를 들어, 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 중 임의의 것에 대해 적어도 약 60%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 적어도 약 80%, 적어도 약 85%, 적어도 약 90%, 적어도 약 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 폴리펩티드, 뿐만 아니라 이러한 변이체를 코딩하는 폴리뉴클레오티드. 개선된 LAMP 구축물의 변이체는 항원성 서열을 리소솜에 표적화함으로써 기능하는 능력을 유지한다. 예를 들어, 변형된 루미날 서열은 원래의 도메인 서열에 비교하여 적어도 약 50%, 적어도 약 60%, 적어도 70%, 적어도 약 80%, 적어도 약 90%, 또는 적어도 약 100%의 효능으로, 즉 면역 반응을 개시시키기 위해 키메라 서열을 포함하는 세포에 의한 충분한 항원 제시를 초래하는 효능으로 막 및 비-막 항원성 물질 둘 다를 엔도솜 구획으로 트래피킹하는 능력을 유지하여야 한다. 한 측면에서, 오브알부민의 잘 특성화된 항원성 도메인, 막횡단 도메인, 및 추정 리소솜/엔도솜 표적화 신호를 함유하는 단백질의 세포질 도메인을 함유하는 개선된 LAMP 구축물을 구축함으로써 적절한 트래피킹 신호를 함유하는 서열을 확인할 수 있다. 개선된 LAMP 구축물을 발현하는 항원 제시 세포가 HA 에피토프-특이적, MHC 클래스 II 제한 T-세포를 자극하는 능력을 결정함으로써 표적화 효능을 측정할 수 있다 (예를 들어, 미국 특허 번호 5,633,234의 실시예 5 참조).

[0124] 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 폴리뉴클레오티드 중 적어도 임의의 것에 대해 적어도 약 60%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 적어도 약 80%, 적어도 약 85%, 적어도 약 90%, 적어도 약 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 폴리뉴클레오티드와 함께, 기술된 개선된 LAMP 구축물 중 임의의 것을 코딩하는 폴리뉴클레오티드는 본 발명의 바람직한 실시양태이다. 개선된 LAMP 구축물의 변이체는 항원성 서열을 리소솜에 표적화함으로써 기능하는 능력을 유지한다. 예를 들어, 변형된 루미날 서열은 원래의 도메인 서열에 비교하여 적어도 약 50%, 적어도 약 60%, 적어도 70%, 적어도 약 80%, 적어도 약 90%, 또는 적어도 약 100%의 효능으로, 즉 면역 반응을 개시시키기 위해 키메라 서열을 포함하는 세포에 의한 충분한 항원 제시를 초래하는 효능으로 막 및 비-막 항원성 물질 둘 다를 엔도솜 구획으로 트래피킹하는 능력을 유지하여야 한다. 한 측면에서, 오브알부민의 잘 특성화된 항원성 도메인, 막횡단 도메인, 및 추정 리소솜/엔도솜 표적화 신호를 함유하는 단백질의 세포질 도메인을 함유하는 개선된 LAMP 구축물을 구축함으로써 적절한 트래피킹 신호를 함유하는 서열을 확인할 수 있다. 개선된 LAMP 구축물을 발현하는 항원 제시 세포가 HA 에피토프-특이적, MHC 클래스 II 제한 T-세포를 자극하는 능력을 결정함으로써 표적화 효능을 측정할 수 있다 (예를 들어, 미국 특허 번호 5,633,234의 실시예 5 참조).

[0125] **암 항원**

[0126] 표 1에 제시된 하기의 항원이 통상의 기술자에게 널리 공지되어 있는 기술을 사용하여 각각의 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있다. 4열에 기술된 서열/단편/에피토프 또한 본원에 기술된 바와 같은 개선된

LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있다. 또한, 표 1에 열거된 암 항원 중 어느 하나가 표 1에 열거된 임의의 다른 항원 (4열에 기술된 서열/단편/에피토프를 포함함)과 조합되어 본원에 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물 내로 삽입될 수 있는 것이 구체적으로 구상된다.

SEQ ID NO:	각각의 항원의 단백질 명칭	수탁/하기로부터 유래	본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있는 바람직한 에피토프/단편은 적어도 하기를 포함한다
114	pp65	ABQ23593	LLQTGIHVRVSQPSL 및/또는 ALPLKMLNIPSINVH 및/또는 DQYVKVYLESFCEDV 및/또는 IIKPGKISHIMLDV'AFTSH 및/또는 PQYSEHPTFTSQYRIQGKL 및/또는 PPWQAGILARNLVPMV 및/또는 KYQEFFWDANDIYRIFA를 포함하는 도 20에 제시된 강조된 에피토프, 여기서 각각의 에피토프는 임의의 순서 및/또는 임의의 조합으로 조합되어 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있고, 여기서 각각의 에피토프는 바람직하게는 링커, 예를 들어 GPGPG 또는 PMGLP에 의해 분리된다. 대표적인 구축물 삽입물이 SEQ ID NO:115 및 SEQ ID NO:116으로 제시된다.
117 및 118	gB	P06473	TTSAQTRSVYSQHVT 및/또는 QLIPDDYSNTHSTRYV 및/또는 VSVFETSGGLVVFWQ 및/또는 NSAYEYVDYLFKRMIDLS를 포함하는 도 20에 제시된 강조된 에피토프, 여기서 각각의 에피토프는 임의의 순서 및/또는 임의의 조합으로 조합되어 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있고, 여기서 각각의 에피토프는 바람직하게는 링커, 예를 들어 GPGPG 또는 PMGLP에 의해 분리된다. 대표적인 구축물 삽입물이 SEQ ID NO:119 및 SEQ ID NO:120으로 제시된다.
121	IE1	P13202	VLAELVKQIKVRVDMVRHRIKEHMLKKYTQ 및/또는 IVPEDKREMWMACIKELH 및/또는 KDELRRKMMYMCYRNIEFFTKNSAFPKTT 및/또는 SVMKRRIEEICMKVFAQYI 및/또는 AIAEESDEEEAIVAY 및/또는 VKSEPVSEIEEVAPEEEEDG를 포함하는 도 20에 제시된 강조된 에피토프, 여기서 각각의 에피토프는 임의의 순서 및/또는 임의의 조합으로 조합되어 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있고, 여기서 각각의 에피토프는 바람직하게는 링커, 예를 들어 GPGPG 또는 PMGLP에 의해 분리된다. 대표적인 구축물 삽입물이 SEQ ID NO:122 및 SEQ ID NO:123으로 제시된다.
124	형태학적 전환 영역 II ("MTRII")	AAA66543	SEQ ID NO:125
126	US28	AMJ53524	SEQ ID NO:127
128	IGFBP2	NP_000588	(a) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 39-328; (b) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 40-328; (c) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 43-135; (d) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 1-163; (e) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 2-163; (f) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 39-163; (g) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 40-163; (h) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 229-309; (i) SEQ ID NO:128의 대략적인 아미노산 2-328; 및/또는 (j) SEQ ID NO:128의

[0127]

			대략적인 아미노산 1-328
129	HCMVA 바이러스 인터류킨-10 (“IL10”)	P17150	SEQ ID NO:130
131	HCMVM 막 당단백질 UL144 (“UL144”)	F5HAM0	SEQ ID NO:132
133	HCMVM 단백질 UL141 (“UL141”)	Q6RJQ3	SEQ ID NO:134
135	HCMVA 특유한 짧은 US11 당단백질 (“US11”)	P09727	SEQ ID NO:136
137 및 138	HCMV 외피 당단백질 H OS (“HOS”)	A0A0G2TM81	TYNSSLRNSTVVRENAISFNFFQSYNQYYVFHMPR 및/또는 DLTETLERYQQRLNTYALVSKDLASYRSFS 및/또는 SHTTSGLHRPHFNQTCILFD 및/또는 QLNRHSYLKDPDFLDAALDF를 포함하는 도 20에 제시된 강조된 에피토프, 여기서 각각의 에피토프는 임의의 순서 및/또는 임의의 조합으로 조합되어 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있고, 여기서 각각의 에피토프는 바람직하게는 링커, 예를 들어 GPGPG 또는 PMGLP에 의해 분리된다. 대표적인 구축물 삽입물이 SEQ ID NO:139 및 SEQ ID NO:140으로 제시된다.
141	HCMVT 바이러스 전사 인자 IE2 (“IE2”)	Q6SWP7	RRGRVKIDEVSRMFR 및/또는 GIQIIYTRNHEVKSE 및/또는 LSTPFLMEHTMPVTHPPEVA를 포함하는 도 20에 제시된 강조된 에피토프. 여기서 각각의 에피토프는 임의의 순서 및/또는 임의의 조합으로 조합되어 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있고, 여기서 각각의 에피토프는 바람직하게는 링커, 예를 들어 GPGPG 또는 PMGLP에 의해 분리된다. 대표적인 구축물 삽입물이 SEQ ID NO:142 및 SEQ ID NO:143으로 제시된다.
144	TERT 이소형 1 (“TERT”)	NP_937983.2	SEQ ID NO:145 SEQ ID NO:146
147	서바이빈	NP_001125727	SEQ ID NO:147; 대표적인 구축물은 SEQ ID NO:193-197을 포함한다.

[0128]

148	테타누스	1AF9_A	PGINGKAIHLVNNESSE 및/또는 FNNFTVSFWLRVPKVSASHLEQYGT 및/또는 YVSIDKFRIFCKALNPKEIEKLYTSYLS 및/또는 ILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLK를 포함하는 도 20에 제시된 강조된 에피토프, 여기서 각각의 에피토프는 임의의 순서 및/또는 임의의 조합으로 조합되어 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있고, 여기서 각각의 에피토프는 바람직하게는 링커, 예를 들어 GPGPG 또는 PMGLP에 의해 분리된다. 대표적인 구축물 삽입물이 SEQ ID NO:149 및 SEQ ID NO:150으로 제시된다.
151	암 고환 항원 NY-ESO-1 ("NY-ESO-1")	NP-001318.1 (SEQ ID NO:151)	SEQ ID NO:151의 아미노산 1-155 SEQ ID NO:151의 아미노산 80-155
152	HER2	AAA75493.1 (SEQ ID NO:152)	SEQ ID NO:152의 아미노산 23-652 및/또는 690-1255 중 적어도 하나를 포함하는 구축물, 여기서 각각의 에피토프는 임의의 순서 및/또는 임의의 조합으로 조합되어 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있고, 여기서 각각의 에피토프는 바람직하게는 링커, 예를 들어 GPGPG 또는 PMGLP에 의해 분리된다. 대표적인 구축물 삽입물이 SEQ ID NO:153 및 SEQ ID NO:154로 제시된다.
155	HER3	NP_001973.2 (SEQ ID NO:155)	SEQ ID NO:155의 아미노산 20-643, 665-1201, 및/또는 1209-1342 중 적어도 하나를 포함하는 구축물, 여기서 각각의 에피토프는 임의의 순서 및/또는 임의의 조합으로 조합되어 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있고, 여기서 각각의 에피토프는 바람직하게는 링커, 예를 들어 GPGPG 또는 PMGLP에 의해 분리된다. 대표적인 구축물 삽입물이 SEQ ID NO:156 및 SEQ ID NO:157로 제시된다.
158	HVEM	NP_003811.2 (SEQ ID NO:158)	아미노산 39-202 (SEQ ID NO:159)
160-163	HPV 구축물		구축물을 생성시키는데 사용된 서열: (a) HPV 16 E6 (SEQ ID NO:160); (b) HPV 18 E6 (SEQ ID NO:161); (c) HPV 16 E7 (SEQ ID NO:162); (d) HPV 18 E7 (SEQ ID NO:163) 대표적인 구축물: SEQ ID NO:164 (대표적인 HPV 16 E6-E7 구축물) SEQ ID NO:165 (대표적인 HPV 18 E6-E7 구축물) SEQ ID NO:166 (HPV 16 E6 - 링커-HPV 18 E6-링커-HPV 16 E7-링커-HPV 18 E7)

[0129]

169-172	EBV 구축물		임의로 조합된 하기 서열 중 임의의 것이 구축물을 생성시키는데 사용될 수 있다: (a) EBV EBNA1 (SEQ ID NO:169); (b) EBV 말단절단 EBNA-1 (SEQ ID NO:170); (c) EBV gp350 (SEQ ID NO:171); (d) EBV LMP2 (SEQ ID NO:172). 예를 들어, 대표적인 구축물은 말단절단 EBNA-1 및 LMP2를 포함할 수 있다.
174-175	HBV 구축물		하기 서열 중 임의의 것이 (어느 한쪽 배향으로) 구축물을 생성시키는데 사용될 수 있다: HBV 중간 S 단백질 (SEQ ID NO:174) 및 HBV X 단백질 (SEQ ID NO:175). 예를 들어, 대표적인 구축물은 중간 S 단백질 - X 단백질을 포함할 수 있다.
176	TIGIT		SEQ ID NO:176
177	TEM8		SEQ ID NO:177
178	TEM1		SEQ ID NO:178
179	HER2 ECD+TM		SEQ ID NO:179
180	CEA		SEQ ID NO:180
181	TARP		SEQ ID NO:181
182	PROSTEIN		SEQ ID NO:182
183	PSMA		SEQ ID NO:183
184	BIRC4		SEQ ID NO:184
185	뮤신 -1		SEQ ID NO:185
186	뮤신 -1 이소형		SEQ ID NO:186
187	CD40 리간드		SEQ ID NO:187
188	WT-1		SEQ ID NO:188
189	WT-1 말단절단물		SEQ ID NO:189
190	PRAME		SEQ ID NO:190
191	LAGE-1		SEQ ID NO:191
192	MAGE A3		SEQ ID NO:192
198	1A01_HLA-A/m	유니프롯KB: P30443	SEQ ID NO:198
199	1A02	유니프롯KB: P01892	SEQ ID NO:199
200	5T4	유니프롯KB: Q13641	SEQ ID NO:200
201	ACRBP	유니프롯KB: Q8NEB7	SEQ ID NO:201
202	AFP	유니프롯KB: P02771	SEQ ID NO:202
203	AKAP4	유니프롯KB: Q5JQC9	SEQ ID NO:203
204	알파-액티닌- 4/m	유니프롯KB: B4DSX0	SEQ ID NO:204
205	알파-액티닌- 4/m	유니프롯KB: B4E337	SEQ ID NO:205
206	알파-액티닌- 4/m	유니프롯KB: O43707	SEQ ID NO:206
207	알파-메틸아실-조효소 _A_라세마제	유니프롯KB: A0A024RE16	SEQ ID NO:207

[0130]

208	알파-메틸아실-조효소 A_라세마제	유니프롯KB: A8KAC3	SEQ ID NO:208
209	ANDR	유니프롯KB: P10275	SEQ ID NO:209
210	ART-4	유니프롯KB: Q9ULX3	SEQ ID NO:210
211	ARTC1/m	유니프롯KB: P52961	SEQ ID NO:211
212	AURKB	유니프롯KB: Q96GD4	SEQ ID NO:212
213	B2MG	유니프롯KB: P61769	SEQ ID NO:213
214	B3GN5	유니프롯KB: Q9BYG0	SEQ ID NO:214
215	B4GN1	유니프롯KB: Q00973	SEQ ID NO:215
216	B7H4	유니프롯KB: Q7Z7D3	SEQ ID NO:216
217	BAGE-1	유니프롯KB: Q13072	SEQ ID NO:217
218	BASI	유니프롯KB: P35613	SEQ ID NO:218
219	BCL-2	유니프롯KB: A9QXG9	SEQ ID NO:219
220	bcr/abl	유니프롯KB: A9UEZ4	SEQ ID NO:220
221	bcr/abl	유니프롯KB: A9UEZ7	SEQ ID NO:221
222	bcr/abl	유니프롯KB: A9UEZ8	SEQ ID NO:222
223	bcr/abl	유니프롯KB: A9UEZ9	SEQ ID NO:223
224	bcr/abl	유니프롯KB: A9UF00	SEQ ID NO:224
225	bcr/abl	유니프롯KB: A9UF01	SEQ ID NO:225
226	bcr/abl	유니프롯KB: A9UF03	SEQ ID NO:226
227	bcr/abl	유니프롯KB: A9UF04	SEQ ID NO:227
228	bcr/abl	유니프롯KB: A9UF05	SEQ ID NO:228
229	bcr/abl	유니프롯KB: A9UF06	SEQ ID NO:229
230	bcr/abl	유니프롯KB: A9UF08	SEQ ID NO:230
231	베타-카테닌/m	유니프롯KB: P35222	SEQ ID NO:231
232	베타-카테닌/m	유니프롯KB: Q8WYA6	SEQ ID NO:232
233	BING-4	유니프롯KB: O15213	SEQ ID NO:233
234	BIRC7	유니프롯KB: Q96CA5	SEQ ID NO:234
235	BRCA1/m	유니프롯KB: A0A024R1V0	SEQ ID NO:235
236	BRCA1/m	유니프롯KB: A0A024R1V7	SEQ ID NO:236
237	BRCA1/m	유니프롯KB: A0A024R1Z8	SEQ ID NO:237
238	BRCA1/m	유니프롯KB: A0A068BFX7	SEQ ID NO:238
239	BRCA1/m	유니프롯KB: C6YB45	SEQ ID NO:239
240	BRCA1/m	유니프롯KB: C6YB47	SEQ ID NO:240

[0131]

241	BRCA1/m	유니프롯KB: G3XAC3	SEQ ID NO:241
242	BY55	유니프롯KB: O95971	SEQ ID NO:242
243	CAMEL	유니프롯KB: O95987	SEQ ID NO:243
244	CASPA	유니프롯KB: Q92851-4	SEQ ID NO:244
245	카텝신_B	유니프롯KB: A0A024R374	SEQ ID NO:245
246	카텝신_B	유니프롯KB: P07858	SEQ ID NO:246
247	카텝신_L	유니프롯KB: A0A024R276	SEQ ID NO:247
248	카텝신_L	유니프롯KB: P07711	SEQ ID NO:248
249	카텝신_L	유니프롯KB: Q9HBQ7	SEQ ID NO:249
250	CD1A	유니프롯KB: P06126	SEQ ID NO:250
251	CD1B	유니프롯KB: P29016	SEQ ID NO:251
252	CD1C	유니프롯KB: P29017	SEQ ID NO:252
253	CD1D	유니프롯KB: P15813	SEQ ID NO:253
254	CD1E	유니프롯KB: P15812	SEQ ID NO:254
255	CD20	유니프롯KB: P11836	SEQ ID NO:255
256	CD22	유니프롯KB: O60926	SEQ ID NO:256
257	CD22	유니프롯KB: P20273	SEQ ID NO:257
258	CD22	유니프롯KB: Q0EAF5	SEQ ID NO:258
259	CD276	유니프롯KB: Q5ZPR3	SEQ ID NO:259
260	CD33	유니프롯KB: B4DF51	SEQ ID NO:260
261	CD33	유니프롯KB: P20138	SEQ ID NO:261
262	CD33	유니프롯KB: Q546G0	SEQ ID NO:262
263	CD3E	유니프롯KB: P07766	SEQ ID NO:263
264	CD3Z	유니프롯KB: P20963	SEQ ID NO:264
265	CD44_이소형_1	유니프롯KB: P16070	SEQ ID NO:265
266	CD44_이소형_6	유니프롯KB: P16070-6	SEQ ID NO:266
267	CD4	유니프롯KB: P01730	SEQ ID NO:267
268	CD52	유니프롯KB: P31358	SEQ ID NO:268
269	CD52	유니프롯KB: Q6IBD0	SEQ ID NO:269
270	CD52	유니프롯KB: V9HWN9	SEQ ID NO:270
271	CD55	유니프롯KB: B1AP15	SEQ ID NO:271
272	CD55	유니프롯KB: D3DT85	SEQ ID NO:272
273	CD55	유니프롯KB: D3DT86	SEQ ID NO:273
274	CD55	유니프롯KB: P08174	SEQ ID NO:274
275	CD56	유니프롯KB: P13591	SEQ ID NO:275

[0132]

276	CD80	유니프롯KB: A0N0P2	SEQ ID NO:276
277	CD80	유니프롯KB: P33681	SEQ ID NO:277
278	CD86	유니프롯KB: P42081	SEQ ID NO:278
279	CD8A	유니프롯KB: P01732	SEQ ID NO:279
280	CDC27/m	유니프롯KB: G5EA36	SEQ ID NO:280
281	CDC27/m	유니프롯KB: P30260	SEQ ID NO:281
282	CDE30	유니프롯KB: P28908	SEQ ID NO:282
283	CDK4/m	유니프롯KB: A0A024RBB6	SEQ ID NO:283
284	CDK4/m	유니프롯KB: P11802	SEQ ID NO:284
285	CDK4/m	유니프롯KB: Q6LC83	SEQ ID NO:285
286	CDK4/m	유니프롯KB: Q96BE9	SEQ ID NO:286
287	CDKN2A/m	유니프롯KB: D1LYX3	SEQ ID NO:287
288	CDKN2A/m	유니프롯KB: G3XAG3	SEQ ID NO:288
289	CDKN2A/m	유니프롯KB: K7PML8	SEQ ID NO:289
290	CDKN2A/m	유니프롯KB: L8E941	SEQ ID NO:290
291	CDKN2A/m	유니프롯KB: Q8N726	SEQ ID NO:291
292	CEA	RefSeq: NP_004354	SEQ ID NO:292
293	CEAM6	유니프롯KB: P40199	SEQ ID NO:293
294	CH3L2	유니프롯KB: Q15782	SEQ ID NO:294
295	CLCA2	유니프롯KB: Q9UQC9	SEQ ID NO:295
296	CML28	유니프롯KB: Q9NQT4	SEQ ID NO:296
297	CML66	유니프롯KB: Q96RS6	SEQ ID NO:297
298	COA-1/m	유니프롯KB: Q5T124	SEQ ID NO:298
299	코악토신-유사 단백질	유니프롯KB: Q14019	SEQ ID NO:299
300	콜라겐 _XXIII	유니프롯KB: L8EAS4	SEQ ID NO:300
301	콜라겐 _XXIII	유니프롯KB: Q86Y22	SEQ ID NO:301
302	COX-2	유니프롯KB: Q6ZYK7	SEQ ID NO:302
303	CP1B1	유니프롯KB: Q16678	SEQ ID NO:303
304	CSAG2	유니프롯KB: Q9Y5P2-2	SEQ ID NO:304
305	CSAG2	유니프롯KB: Q9Y5P2	SEQ ID NO:305
306	CT45A1	유니프롯KB: Q5HYN5	SEQ ID NO:306
307	CT55	유니프롯KB: Q8WUE5	SEQ ID NO:307
308	CT- 9/BRD6	유니프롯KB: Q58F21	SEQ ID NO:308
309	CTAG2_이소형_LAGE-1A	유니프롯KB: O75638-2	SEQ ID NO:309
310	CTAG2_이소형_LAGE-1B	유니프롯KB: O75638	SEQ ID NO:310

[0133]

311	CTCFL	유니프롯KB: Q8NI51	SEQ ID NO:311
312	Cten	유니프롯KB: Q8IZW8	SEQ ID NO:312
313	시클린_B1	유니프롯KB: P14635	SEQ ID NO:313
314	시클린_D1	유니프롯KB: P24385	SEQ ID NO:314
315	cyp-B	유니프롯KB: P23284	SEQ ID NO:315
316	DAM-10	유니프롯KB: P43366	SEQ ID NO:316
317	DEP1A	유니프롯KB: Q5TB30	SEQ ID NO:317
318	E7	유니프롯KB: P03129	SEQ ID NO:318
319	E7	유니프롯KB: P06788	SEQ ID NO:319
320	E7	유니프롯KB: P17387	SEQ ID NO:320
321	E7	유니프롯KB: P06429	SEQ ID NO:321
322	E7	유니프롯KB: P27230	SEQ ID NO:322
323	E7	유니프롯KB: P24837	SEQ ID NO:323
324	E7	유니프롯KB: P21736	SEQ ID NO:324
325	E7	유니프롯KB: P26558	SEQ ID NO:325
326	E7	유니프롯KB: P36831	SEQ ID NO:326
327	E7	유니프롯KB: P36833	SEQ ID NO:327
328	E7	유니프롯KB: Q9QCZ1	SEQ ID NO:328
329	E7	유니프롯KB: Q81965	SEQ ID NO:329
330	E7	유니프롯KB: Q80956	SEQ ID NO:330
331	EF1A2	유니프롯KB: Q05639	SEQ ID NO:331
332	EFTUD2/m	유니프롯KB: Q15029	SEQ ID NO:332
333	EGFR	유니프롯KB: A0A0B4J1Y5	SEQ ID NO:333
334	EGFR	유니프롯KB: E7BSV0	SEQ ID NO:334
335	EGFR	유니프롯KB: L0R6G1	SEQ ID NO:335
336	EGFR	유니프롯KB: P00533-2	SEQ ID NO:336
337	EGFR	유니프롯KB: P00533	SEQ ID NO:337
338	EGFR	유니프롯KB: Q147T7	SEQ ID NO:338
339	EGFR	유니프롯KB: Q504U8	SEQ ID NO:339
340	EGFR	유니프롯KB: Q8NDU8	SEQ ID NO:340
341	EGLN3	유니프롯KB: Q9H6Z9	SEQ ID NO:341
342	ELF2/m	유니프롯KB: B7Z720	SEQ ID NO:342
343	EMMPRIN	유니프롯KB: Q54A51	SEQ ID NO:343
344	EpCam	유니프롯KB: P16422	SEQ ID NO:344
345	EphA2	유니프롯KB: P29317	SEQ ID NO:345

[0134]

346	EphA3	유니프롯KB: P29320	SEQ ID NO:346
347	EphA3	유니프롯KB: Q6P4R6	SEQ ID NO:347
348	ErbB3	유니프롯KB: B3KWG5	SEQ ID NO:348
349	ErbB3	유니프롯KB: B4DGQ7	SEQ ID NO:349
350	ERBB4	유니프롯KB: Q15303	SEQ ID NO:350
351	ERG	유니프롯KB: P11308	SEQ ID NO:351
352	ETV6	유니프롯KB: P41212	SEQ ID NO:352
353	EWS	유니프롯KB: Q01844	SEQ ID NO:353
354	EZH2	유니프롯KB: F2YMM1	SEQ ID NO:354
355	EZH2	유니프롯KB: G3XAL2	SEQ ID NO:355
356	EZH2	유니프롯KB: L0R855	SEQ ID NO:356
357	EZH2	유니프롯KB: Q15910	SEQ ID NO:357
358	EZH2	유니프롯KB: S4S3R8	SEQ ID NO:358
359	FABP7	유니프롯KB: O15540	SEQ ID NO:359
360	FCGR3A_버전_1	유니프롯KB: P08637	SEQ ID NO:360
361	FCGR3A_버전_2	CCDS: CCDS1232.1	SEQ ID NO:361
362	FGF5	유니프롯KB: P12034	SEQ ID NO:362
363	FGF5	유니프롯KB: Q60518	SEQ ID NO:363
364	FGFR2	유니프롯KB: P21802	SEQ ID NO:364
365	피브로넥틴	유니프롯KB: A0A024R5I6	SEQ ID NO:365
366	피브로넥틴	유니프롯KB: A0A024RB01	SEQ ID NO:366
367	피브로넥틴	유니프롯KB: A0A024RDT9	SEQ ID NO:367
368	피브로넥틴	유니프롯KB: A0A024RDV5	SEQ ID NO:368
369	피브로넥틴	유니프롯KB: A6NH44	SEQ ID NO:369
370	피브로넥틴	유니프롯KB: A8K6A5	SEQ ID NO:370
371	피브로넥틴	유니프롯KB: B2R627	SEQ ID NO:371
372	피브로넥틴	유니프롯KB: B3KXM5	SEQ ID NO:372
373	피브로넥틴	유니프롯KB: B4DIC5	SEQ ID NO:373
374	피브로넥틴	유니프롯KB: B4DN21	SEQ ID NO:374
375	피브로넥틴	유니프롯KB: B4DS98	SEQ ID NO:375
376	피브로넥틴	유니프롯KB: B4DTH2	SEQ ID NO:376
377	피브로넥틴	유니프롯KB: B4DTK1	SEQ ID NO:377
378	피브로넥틴	유니프롯KB: B4DU16	SEQ ID NO:378
379	피브로넥틴	유니프롯KB: B7Z3W5	SEQ ID NO:379
380	피브로넥틴	유니프롯KB: B7Z939	SEQ ID NO:380

[0135]

381	피브로 넥틴	유니프롯KB: G5E9X3	SEQ ID NO:381
382	피브로 넥틴	유니프롯KB: Q9H382	SEQ ID NO:382
383	FOS	유니프롯KB: P01100	SEQ ID NO:383
384	FOXP3	유니프롯KB: Q9BZS1	SEQ ID NO:384
385	FUT1	유니프롯KB: P19526	SEQ ID NO:385
386	G250	유니프롯KB: Q16790	SEQ ID NO:386
387	GAGE-1	진뱅크: AAA82744	SEQ ID NO:387
388	GAGE-2	유니프롯KB: Q6NT46	SEQ ID NO:388
389	GAGE-3	유니프롯KB: Q13067	SEQ ID NO:389
390	GAGE-4	유니프롯KB: Q13068	SEQ ID NO:390
391	GAGE-5	유니프롯KB: Q13069	SEQ ID NO:391
392	GAGE-6	유니프롯KB: Q13070	SEQ ID NO:392
393	GAGE7b	유니프롯KB: O76087	SEQ ID NO:393
394	GAGE-8_(GAGE-2D)	유니프롯KB: Q9UEU5	SEQ ID NO:394
395	GASR	유니프롯KB: P32239	SEQ ID NO:395
396	GnT-V	유니프롯KB: Q09328	SEQ ID NO:396
397	GPC3	유니프롯KB: I6QJG3	SEQ ID NO:397
398	GPC3	유니프롯KB: P51654	SEQ ID NO:398
399	GPC3	유니프롯KB: Q8IYG2	SEQ ID NO:399
400	GPNMB/m	유니프롯KB: A0A024RA55	SEQ ID NO:400
401	GPNMB/m	유니프롯KB: Q14956	SEQ ID NO:401
402	GPNMB/m	유니프롯KB: Q8IXJ5	SEQ ID NO:402
403	GPNMB/m	유니프롯KB: Q96F58	SEQ ID NO:403
404	GRM3	유니프롯KB: Q14832	SEQ ID NO:404
405	HAGE	유니프롯KB: Q9NXZ2	SEQ ID NO:405
406	헵신	유니프롯KB: B2ZDQ2	SEQ ID NO:406
407	헵신	유니프롯KB: P05981	SEQ ID NO:407
408	Her2/neu	유니프롯KB: B4DTR1	SEQ ID NO:408
409	Her2/neu	유니프롯KB: L8E8G2	SEQ ID NO:409
410	Her2/neu	유니프롯KB: P04626	SEQ ID NO:410
411	Her2/neu	유니프롯KB: Q9UK79	SEQ ID NO:411
412	HLA-A2/m	유니프롯KB: Q95387	SEQ ID NO:412
413	HLA-A2/m	유니프롯KB: Q9MYF8	SEQ ID NO:413
414	호메오박스_NKX3.1	유니프롯KB: Q99801	SEQ ID NO:414
415	HOM-TES-85	유니프롯KB: B2RBQ6	SEQ ID NO:415

[0136]

416	HOM-TES-85	유니프롯KB: Q9P127	SEQ ID NO:416
417	HPG1	폽메드: 12543784	SEQ ID NO:417
418	HS71A	유니프롯KB: P0DMV8	SEQ ID NO:418
419	HS71B	유니프롯KB: P0DMV9	SEQ ID NO:419
420	HST-2	유니프롯KB: P10767	SEQ ID NO:420
421	hTERT	유니프롯KB: O94807	SEQ ID NO:421
422	iCE	유니프롯KB: O00748	SEQ ID NO:422
423	IF2B3	유니프롯KB: O00425	SEQ ID NO:423
424	IL-13Ra2	유니프롯KB: Q14627	SEQ ID NO:424
425	IL2-RA	유니프롯KB: P01589	SEQ ID NO:425
426	IL2-RB	유니프롯KB: P14784	SEQ ID NO:426
427	IL2-RG	유니프롯KB: P31785	SEQ ID NO:427
428	IMP3	유니프롯KB: Q9NV31	SEQ ID NO:428
429	ITA5	유니프롯KB: P08648	SEQ ID NO:429
430	ITB1	유니프롯KB: P05556	SEQ ID NO:430
431	ITB6	유니프롯KB: P18564	SEQ ID NO:431
432	칼리크레인-2	유니프롯KB: A0A024R4J4	SEQ ID NO:432
433	칼리크레인-2	유니프롯KB: A0A024R4N3	SEQ ID NO:433
434	칼리크레인-2	유니프롯KB: B0AZU9	SEQ ID NO:434
435	칼리크레인-2	유니프롯KB: B4DU77	SEQ ID NO:435
436	칼리크레인-2	유니프롯KB: P20151	SEQ ID NO:436
437	칼리크레인-2	유니프롯KB: Q6T774	SEQ ID NO:437
438	칼리크레인-2	유니프롯KB: Q6T775	SEQ ID NO:438
439	칼리크레인-4	유니프롯KB: A0A0C4DFQ5	SEQ ID NO:439
440	칼리크레인-4	유니프롯KB: Q5BQA0	SEQ ID NO:440
441	칼리크레인-4	유니프롯KB: Q96PT0	SEQ ID NO:441
442	칼리크레인-4	유니프롯KB: Q96PT1	SEQ ID NO:442
443	칼리크레인-4	유니프롯KB: Q9Y5K2	SEQ ID NO:443
444	KI20A	유니프롯KB: O95235	SEQ ID NO:444
445	KIAA0205	유니프롯KB: Q92604	SEQ ID NO:445
446	KIF2C	유니프롯KB: Q99661	SEQ ID NO:446
447	KK-LC-1	유니프롯KB: Q5H943	SEQ ID NO:447
448	LDLR	유니프롯KB: P01130	SEQ ID NO:448
449	LGMN	유니프롯KB: Q99538	SEQ ID NO:449
450	LIRB2	유니프롯KB: Q8N423	SEQ ID NO:450

[0137]

451	LY6K	유니프롯KB: Q17RY6	SEQ ID NO:451
452	MAGA5	유니프롯KB: P43359	SEQ ID NO:452
453	MAGA8	유니프롯KB: P43361	SEQ ID NO:453
454	MAGAB	유니프롯KB: P43364	SEQ ID NO:454
455	MAGE-A10	유니프롯KB: A0A024RC14	SEQ ID NO:455
456	MAGE-A12	유니프롯KB: P43365	SEQ ID NO:456
457	MAGE-A1	유니프롯KB: P43355	SEQ ID NO:457
458	MAGE-A2	유니프롯KB: P43356	SEQ ID NO:458
459	MAGE-A3	유니프롯KB: P43357	SEQ ID NO:459
460	MAGE-A4	유니프롯KB: A0A024RC12	SEQ ID NO:460
461	MAGE-A4	유니프롯KB: P43358	SEQ ID NO:461
462	MAGE-A4	유니프롯KB: Q1RN33	SEQ ID NO:462
463	MAGE-A6	유니프롯KB: A8K072	SEQ ID NO:463
464	MAGE-A6	유니프롯KB: P43360	SEQ ID NO:464
465	MAGE-A6	유니프롯KB: Q6FHI5	SEQ ID NO:465
466	MAGE-A9	유니프롯KB: P43362	SEQ ID NO:466
467	MAGE-B10	유니프롯KB: Q96LZ2	SEQ ID NO:467
468	MAGE-B16	유니프롯KB: A2A368	SEQ ID NO:468
469	MAGE-B17	유니프롯KB: A8MXT2	SEQ ID NO:469
470	MAGE-_B1	유니프롯KB: Q96TG1	SEQ ID NO:470
471	MAGE-B2	유니프롯KB: O15479	SEQ ID NO:471
472	MAGE-B3	유니프롯KB: O15480	SEQ ID NO:472
473	MAGE-B4	유니프롯KB: O15481	SEQ ID NO:473
474	MAGE-B5	유니프롯KB: Q9BZ81	SEQ ID NO:474
475	MAGE-B6	유니프롯KB: Q8N7X4	SEQ ID NO:475
476	MAGE-C1	유니프롯KB: O60732	SEQ ID NO:476
477	MAGE-C2	유니프롯KB: Q9UBF1	SEQ ID NO:477
478	MAGE-C3	유니프롯KB: Q8TD91	SEQ ID NO:478
479	MAGE-D1	유니프롯KB: Q9Y5V3	SEQ ID NO:479
480	MAGE-D2	유니프롯KB: Q9UNF1	SEQ ID NO:480
481	MAGE-D4	유니프롯KB: Q96JG8	SEQ ID NO:481
482	MAGE-_E1	유니프롯KB: Q61AI7	SEQ ID NO:482
483	MAGE-E1_(MAGE1)	유니프롯KB: Q9HCI5	SEQ ID NO:483
484	MAGE-E2	유니프롯KB: Q8TD90	SEQ ID NO:484
485	MAGE-F1	유니프롯KB: Q9HAY2	SEQ ID NO:485

[0138]

486	MAGE-H1	유니프롯KB: Q9H213	SEQ ID NO:486
487	MAGEL2	유니프롯KB: Q9UJ55	SEQ ID NO:487
488	맘마글로빈_A	유니프롯KB: Q13296	SEQ ID NO:488
489	맘마글로빈_A	유니프롯KB: Q6NX70	SEQ ID NO:489
490	MART-1/멜란 -A	유니프롯KB: Q16655	SEQ ID NO:490
491	MART-2	유니프롯KB: Q5VTY9	SEQ ID NO:491
492	MC1_R	유니프롯KB: Q01726	SEQ ID NO:492
493	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUL4	SEQ ID NO:493
494	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUL6	SEQ ID NO:494
495	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUL8	SEQ ID NO:495
496	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUL9	SEQ ID NO:496
497	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUM0	SEQ ID NO:497
498	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUM2	SEQ ID NO:498
499	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUM3	SEQ ID NO:499
500	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUM4	SEQ ID NO:500
501	MC1_R	유니프롯KB: Q1JUM5	SEQ ID NO:501
502	MC1_R	유니프롯KB: Q6UR92	SEQ ID NO:502
503	MC1_R	유니프롯KB: Q6UR94	SEQ ID NO:503
504	MC1_R	유니프롯KB: Q6UR95	SEQ ID NO:504
505	MC1_R	유니프롯KB: Q6UR96	SEQ ID NO:505
506	MC1_R	유니프롯KB: Q6UR97	SEQ ID NO:506
507	MC1_R	유니프롯KB: Q6UR98	SEQ ID NO:507
508	MC1_R	유니프롯KB: Q6UR99	SEQ ID NO:508
509	MC1_R	유니프롯KB: Q6URA0	SEQ ID NO:509
510	MC1_R	유니프롯KB: Q86YW1	SEQ ID NO:510
511	MC1_R	유니프롯KB: V9Q5S2	SEQ ID NO:511
512	MC1_R	유니프롯KB: V9Q671	SEQ ID NO:512
513	MC1_R	유니프롯KB: V9Q783	SEQ ID NO:513
514	MC1_R	유니프롯KB: V9Q7F1	SEQ ID NO:514
515	MC1_R	유니프롯KB: V9Q8N1	SEQ ID NO:515
516	MC1_R	유니프롯KB: V9Q977	SEQ ID NO:516
517	MC1_R	유니프롯KB: V9Q9P5	SEQ ID NO:517
518	MC1_R	유니프롯KB: V9Q9R8	SEQ ID NO:518
519	MC1_R	유니프롯KB: V9QAE0	SEQ ID NO:519
520	MC1_R	유니프롯KB: V9QAR2	SEQ ID NO:520

[0139]

521	MC1_R	유니프롯KB: V9QAW3	SEQ ID NO:521
522	MC1_R	유니프롯KB: V9QB02	SEQ ID NO:522
523	MC1_R	유니프롯KB: V9QB58	SEQ ID NO:523
524	MC1_R	유니프롯KB: V9QBY6	SEQ ID NO:524
525	MC1_R	유니프롯KB: V9QC17	SEQ ID NO:525
526	MC1_R	유니프롯KB: V9QC66	SEQ ID NO:526
527	MC1_R	유니프롯KB: V9QCQ4	SEQ ID NO:527
528	MC1_R	유니프롯KB: V9QDF4	SEQ ID NO:528
529	MC1_R	유니프롯KB: V9QDN7	SEQ ID NO:529
530	MC1_R	유니프롯KB: V9QDQ6	SEQ ID NO:530
531	메소웰린	유니프롯KB: Q13421	SEQ ID NO:531
532	MITF	유니프롯KB: O75030-8	SEQ ID NO:532
533	MITF	유니프롯KB: O75030-9	SEQ ID NO:533
534	MITF	유니프롯KB: O75030	SEQ ID NO:534
535	MMP1_1	유니프롯KB: B3KQS8	SEQ ID NO:535
536	MMP7	유니프롯KB: P09237	SEQ ID NO:536
537	MUC-1	진뱅크: AAA60019	SEQ ID NO:537
538	MUM-1/m	RefSeq: NP_116242	SEQ ID NO:538
539	MUM-2/m	유니프롯KB: Q9Y5R8	SEQ ID NO:539
540	MYO1A	유니프롯KB: Q9UBC5	SEQ ID NO:540
541	MYO1B	유니프롯KB: O43795	SEQ ID NO:541
542	MYO1C	유니프롯KB: O00159	SEQ ID NO:542
543	MYO1D	유니프롯KB: O94832	SEQ ID NO:543
544	MYO1E	유니프롯KB: Q12965	SEQ ID NO:544
545	MYO1F	유니프롯KB: O00160	SEQ ID NO:545
546	MYO1G	유니프롯KB: B0I1T2	SEQ ID NO:546
547	MYO1H	RefSeq: NP_001094891	SEQ ID NO:547
548	NA17	유니프롯KB: Q3V5L5	SEQ ID NO:548
549	NA88-A	젠메드: 10790436	SEQ ID NO:549
550	네오-PAP	유니프롯KB: Q9BWT3	SEQ ID NO:550
551	NFYC/m	유니프롯KB: Q13952	SEQ ID NO:551
552	NGEP	유니프롯KB: Q6IWH7	SEQ ID NO:552
553	NPM	유니프롯KB: P06748	SEQ ID NO:553
554	NRCAM	유니프롯KB: Q92823	SEQ ID NO:554
555	NSE	유니프롯KB: P09104	SEQ ID NO:555

[0140]

556	NUF2	유니프롯KB: Q9BZD4	SEQ ID NO:556
557	NY-ESO-1	유니프롯KB: P78358	SEQ ID NO:557
558	OA1	유니프롯KB: P51810	SEQ ID NO:558
559	OGT	유니프롯KB: O15294	SEQ ID NO:559
560	OS-9	유니프롯KB: B4DH11	SEQ ID NO:560
561	OS-9	유니프롯KB: B4E321	SEQ ID NO:561
562	OS-9	유니프롯KB: B7Z8E7	SEQ ID NO:562
563	OS-9	유니프롯KB: Q13438	SEQ ID NO:563
564	오스테오칼신	유니프롯KB: P02818	SEQ ID NO:564
565	오스테오폰틴	유니프롯KB: A0A024RDE2	SEQ ID NO:565
566	오스테오폰틴	유니프롯KB: A0A024RDE6	SEQ ID NO:566
567	오스테오폰틴	유니프롯KB: A0A024RDJ0	SEQ ID NO:567
568	오스테오폰틴	유니프롯KB: B7Z351	SEQ ID NO:568
569	오스테오폰틴	유니프롯KB: F2YQ21	SEQ ID NO:569
570	오스테오폰틴	유니프롯KB: P10451	SEQ ID NO:570
571	p53	유니프롯KB: P04637	SEQ ID NO:571
572	PAGE-4	유니프롯KB: O60829	SEQ ID NO:572
573	PAI-1	유니프롯KB: P05121	SEQ ID NO:573
574	PAI-2	유니프롯KB: P05120	SEQ ID NO:574
575	PAP	유니프롯KB: Q06141	SEQ ID NO:575
576	PAP	유니프롯KB: Q53S56	SEQ ID NO:576
577	PATE	유니프롯KB: Q8WXA2	SEQ ID NO:577
578	PAX3	유니프롯KB: P23760	SEQ ID NO:578
579	PAX5	유니프롯KB: Q02548	SEQ ID NO:579
580	PD1L1	유니프롯KB: Q9NZQ7	SEQ ID NO:580
581	PDCD1	유니프롯KB: Q15116	SEQ ID NO:581
582	PDEF	유니프롯KB: O95238	SEQ ID NO:582
583	PECA1	유니프롯KB: P16284	SEQ ID NO:583
584	PGCB	유니프롯KB: Q96GW7	SEQ ID NO:584
585	PGFRB	유니프롯KB: P09619	SEQ ID NO:585
586	Pim-1_-키나제	유니프롯KB: A0A024RD25	SEQ ID NO:586
587	Pin-1	유니프롯KB: O15428	SEQ ID NO:587
588	Pin-1	유니프롯KB: Q13526	SEQ ID NO:588
589	Pin-1	유니프롯KB: Q49AR7	SEQ ID NO:589
590	PLAC1	유니프롯KB: Q9HBJ0	SEQ ID NO:590

[0141]

591	PMEL	유니프롯KB: P40967	SEQ ID NO:591
592	PML	유니프롯KB: P29590	SEQ ID NO:592
593	POTEF	유니프롯KB: A5A3E0	SEQ ID NO:593
594	POTE	유니프롯KB: Q86YR6	SEQ ID NO:594
595	PRAME	유니프롯KB: A0A024R1E6	SEQ ID NO:595
596	PRAME	유니프롯KB: P78395	SEQ ID NO:596
597	PRDX5/m	유니프롯KB: P30044	SEQ ID NO:597
598	PRM2	유니프롯KB: P04554	SEQ ID NO:598
599	프로스테인	유니프롯KB: Q96JT2	SEQ ID NO:599
600	프로테이나제-3	유니프롯KB: D6CHE9	SEQ ID NO:600
601	프로테이나제-3	유니프롯KB: P24158	SEQ ID NO:601
602	PSA	유니프롯KB: P55786	SEQ ID NO:602
603	PSB9	유니프롯KB: P28065	SEQ ID NO:603
604	PSCA	유니프롯KB: D3DWI6	SEQ ID NO:604
605	PSCA	유니프롯KB: O43653	SEQ ID NO:605
606	PSGR	유니프롯KB: Q9H255	SEQ ID NO:606
607	PSM	유니프롯KB: Q04609	SEQ ID NO:607
608	PTPRC	RefSeq: NP_002829	SEQ ID NO:608
609	RAB8A	유니프롯KB: P61006	SEQ ID NO:609
610	RAGE-1	유니프롯KB: Q9UQ07	SEQ ID NO:610
611	RARA	유니프롯KB: P10276	SEQ ID NO:611
612	RASH	유니프롯KB: P01112	SEQ ID NO:612
613	RASK	유니프롯KB: P01116	SEQ ID NO:613
614	RASN	유니프롯KB: P01111	SEQ ID NO:614
615	RGS5	유니프롯KB: O15539	SEQ ID NO:615
616	RHAMM/CD168	유니프롯KB: O75330	SEQ ID NO:616
617	RHOC	유니프롯KB: P08134	SEQ ID NO:617
618	RSSA	유니프롯KB: P08865	SEQ ID NO:618
619	RU1	유니프롯KB: Q9UHJ3	SEQ ID NO:619
620	RU2	유니프롯KB: Q9UHG0	SEQ ID NO:620
621	RUNX1	유니프롯KB: Q01196	SEQ ID NO:621
622	S-100	유니프롯KB: V9HW39	SEQ ID NO:622
623	SAGE	유니프롯KB: Q9NXZ1	SEQ ID NO:623
624	SART- 1	유니프롯KB: O43290	SEQ ID NO:624
625	SART-2	유니프롯KB: Q9UL01	SEQ ID NO:625

[0142]

626	SART-3	유니프롯KB: Q15020	SEQ ID NO:626
627	SEPR	유니프롯KB: Q12884	SEQ ID NO:627
628	SIA7F	유니프롯KB: Q969X2	SEQ ID NO:628
629	SIA8A	유니프롯KB: Q92185	SEQ ID NO:629
630	SIAT9	유니프롯KB: Q9UNP4	SEQ ID NO:630
631	SIRT2/m	유니프롯KB: A0A024R0G8	SEQ ID NO:631
632	SIRT2/m	유니프롯KB: Q8IXJ6	SEQ ID NO:632
633	SOX10	유니프롯KB: P56693	SEQ ID NO:633
634	SP17	유니프롯KB: Q15506	SEQ ID NO:634
635	SPNXA	유니프롯KB: Q9NS26	SEQ ID NO:635
636	SPXN3	유니프롯KB: Q5MJ09	SEQ ID NO:636
637	SSX-1	유니프롯KB: Q16384	SEQ ID NO:637
638	SSX-2	유니프롯KB: Q16385	SEQ ID NO:638
639	SSX3	유니프롯KB: Q99909	SEQ ID NO:639
640	SSX-4	유니프롯KB: Q60224	SEQ ID NO:640
641	ST1A1	유니프롯KB: P50225	SEQ ID NO:641
642	STAG2	유니프롯KB: Q8N3U4-2	SEQ ID NO:642
643	STAMP-1	유니프롯KB: Q8NFT2	SEQ ID NO:643
644	STEAP-1	유니프롯KB: A0A024RA63	SEQ ID NO:644
645	STEAP-1	유니프롯KB: Q9UHE8	SEQ ID NO:645
646	시바이빈 -2B	유니프롯KB: O15392-2	SEQ ID NO:646
647	시바이빈	유니프롯KB: O15392	SEQ ID NO:647
648	SYCP1	유니프롯KB: A0A024R0I2	SEQ ID NO:648
649	SYCP1	유니프롯KB: B7ZLS9	SEQ ID NO:649
650	SYCP1	유니프롯KB: Q15431	SEQ ID NO:650
651	SYCP1	유니프롯KB: Q3MHC4	SEQ ID NO:651
652	SYT-SSX-1	유니프롯KB: A4PIV7	SEQ ID NO:652
653	SYT-SSX-1	유니프롯KB: A4PIV8	SEQ ID NO:653
654	SYT-SSX-2	유니프롯KB: A4PIV9	SEQ ID NO:654
655	SYT-SSX-2	유니프롯KB: A4PIW0	SEQ ID NO:655
656	TARP	유니프롯KB: Q0VGM3	SEQ ID NO:656
657	TCRg	유니프롯KB: A2JGV3	SEQ ID NO:657
658	TF2AA	유니프롯KB: P52655	SEQ ID NO:658
659	TGFR2	유니프롯KB: P37173	SEQ ID NO:659
660	TGM-4	유니프롯KB: B2R7D1	SEQ ID NO:660

[0143]

661	TIE2	유니프롯KB: Q02763	SEQ ID NO:661
662	TKTL1	유니프롯KB: P51854	SEQ ID NO:662
663	TPI/m	유니프롯KB: P60174	SEQ ID NO:663
664	TRGV11	유니프롯KB: Q99601	SEQ ID NO:664
665	TRGV9	유니프롯KB: A4D1X2	SEQ ID NO:665
666	TRGV9	유니프롯KB: Q99603	SEQ ID NO:666
667	TRGV9	유니프롯KB: Q99604	SEQ ID NO:667
668	TRPC1	유니프롯KB: P48995	SEQ ID NO:668
669	TRP-p8	유니프롯KB: Q7Z2W7	SEQ ID NO:669
670	TSG10	유니프롯KB: Q9BZW7	SEQ ID NO:670
671	TSPY1	유니프롯KB: Q01534	SEQ ID NO:671
672	TVC_(TRGV3)	진뱅크: M13231.1	SEQ ID NO:672
673	TX101	유니프롯KB: Q9BY14-2	SEQ ID NO:673
674	터로시나제	유니프롯KB: A0A024DBG7	SEQ ID NO:674
675	터로시나제	유니프롯KB: L8B082	SEQ ID NO:675
676	터로시나제	유니프롯KB: L8B086	SEQ ID NO:676
677	터로시나제	유니프롯KB: L8B0B9	SEQ ID NO:677
678	터로시나제	유니프롯KB: O75767	SEQ ID NO:678
679	터로시나제	유니프롯KB: P14679	SEQ ID NO:679
680	터로시나제	유니프롯KB: U3M8N0	SEQ ID NO:680
681	터로시나제	유니프롯KB: U3M9D5	SEQ ID NO:681
682	터로시나제	유니프롯KB: U3M9J2	SEQ ID NO:682
683	TYRP1	유니프롯KB: P17643	SEQ ID NO:683
684	TYRP2	유니프롯KB: P40126	SEQ ID NO:684
685	UPA	유니프롯KB: Q96NZ9	SEQ ID NO:685
686	VEGFR1	유니프롯KB: B5A924	SEQ ID NO:686
687	WT1	유니프롯KB: A0A0H5AUY0	SEQ ID NO:687
688	WT1	유니프롯KB: P19544	SEQ ID NO:688
689	WT1	유니프롯KB: Q06250	SEQ ID NO:689
690	XAGE1	유니프롯KB: Q9HD64	SEQ ID NO:690
691	IL-10	유니프롯KB: P22301	SEQ ID NO:691
692	IL-5	유니프롯KB: P05113	SEQ ID NO:692
693	M-CSF	유니프롯KB: P09603	SEQ ID NO:693
694	TGF베타1	유니프롯KB: P01137	SEQ ID NO:694
695	카스파제_8	유니프롯KB: Q14790	SEQ ID NO:695

[0144]

696	SERPINB5	유니프롯KB:P36952	SEQ ID NO:696
697	칼레티쿨린	유니프롯KB:B4DHR1	SEQ ID NO:697
698	칼레티쿨린	유니프롯KB:B4E2Y9	SEQ ID NO:698
699	칼레티쿨린	유니프롯KB:P27797	SEQ ID NO:699
700	칼레티쿨린	유니프롯KB:Q96L12	SEQ ID NO:700
701	N-myc	유니프롯KB:P04198	SEQ ID NO:701

[0145]

[0146] 추가적으로, 표 1에 기술된 항원 (4열에 제시된 서열/단편/에피토프를 포함함)은 본원에 기술된 LAMP 구축물 내로 개별적으로 또는 서로 조합되어 클로닝될 수 있다. 예를 들어, pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1, 및/또는 MAGE A3이라는 명칭은 표 1에 기술된 단백질을 지칭하고, 표 1의 1열에 제시된 전장 서열 뿐만 아니라, 바람직하게는, 도 19 및 20 및 표 1의 4열에 기술된 바와 같은 서열/단편/에피토프를 또한 총칭적으로 지칭하도록 명백하게 의도된다. 따라서, 표 1의 4열에 기술된 에피토프/단편을 포함하여 표 1의 1열에 제시된 서열 각각이 LAMP 구축물을 생성시키는데 사용될 수 있다. 상이한 가능한 조합들을 예시하기 위해, 그러나 본 개시내용을 결코 제한하지 않으면서, 하기와 같이 항원 (표 1의 1열에 제시된 서열 및/또는 표 1의 4열에 기술된 서열/단편/에피토프를 포함함)의 조합물이 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있다: (a) pp65, 및 gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간

S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (b) gB, 및 pp65, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (c) IE1, 및 pp65, gB, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1, 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (d) MTRII, 및 pp65, gB, IE1, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (e) US28, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (f) IGFBP2, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (g) IL10, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (h) UL144, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (i) UL141, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (j) US11, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (k) IE2, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (l) TERT, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (m) 서바이빈, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (n) 테타누스, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM,

HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (o) NY-ESO-1, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (p) HER2, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (q) HER3, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (r) HVEM, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (s) HOS, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (t) HPV16E6, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (u) HPV18E6, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (v) HPV16E7, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (w) HPV18E7, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (x) EBNA1, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (y) EBNA1 말단절단물, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (z) gp350, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (aa) LMP2, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10,

UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ab) GCP3, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ac) 중간 S, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ad) X 단백질, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ae) TIGIT, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (af) TEM8, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ag) TEM1, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ah) HER2 ECD+TM, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ai) CEA, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (aj) TARP, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ak) PROSTEIN, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (al) PSMA, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (am) BIRC4, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또

는 MAGE A3 중 적어도 하나; (an) MUCIN-1, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ao) MUCIN-1 이소형, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ap) CD40-L, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (aq) WT-1, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1 말단절단물, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (ar) WT-1 말단절단물, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, PRAME, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (as) PRAME, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, LAGE-1 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; (at) LAGE-1, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME 및/또는 MAGE A3 중 적어도 하나; 및/또는 (au) MAGE A3, 및 pp65, gB, IE1, MTRII, US28, IGFBP2, IL10, UL144, UL141, US11, HOS, IE2, TERT, 서바이빈, 테타누스, NY-ESO-1, HER2, HER3, HVEM, HPV16E6, HPV18E6, HPV16E7, HPV18E7, EBNA1, EBNA 말단절단물, gp350, LMP2, GCP3, 중간 S, X 단백질, TIGIT, TEM8, TEM1, HER2 ECD+TM, CEA, TARP, PROSTEIN, PSMA, BIRC4, MUCIN-1, MUCIN-1 이소형, CD40-L, WT-1, WT-1 말단절단물, PRAME 및/또는 LAGE-1 중 적어도 하나. 이러한 목록이 LAMP 구축물이 무엇을 포함하는지를 기술하고 특정 구축물 내의 항원의 배열을 필수적으로 기술하지는 않는 바와 같이, 특정 LAMP 구축물 내의 상기 기술된 바와 같은 항원들의 조합 순서는 다양할 수 있다. 또한, 이러한 항원들이 단일 LAMP 구축물 내에서 조합될 수 있거나 또는 다중 LAMP 구축물을 포함하는 조성물에서 전달될 수 있는 것으로 구체적으로 생각된다.

[0147] **개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 서열의 어셈블리**

[0148] 관심 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 구축하기 위한 절차가 관련 기술분야에 널리 공지되어 있다 (예를 들어, 문헌 [Williams, et al., J. Cell Biol. 111: 955, 1990] 참조). 원하는 절편을 코딩하는 DNA 서열을 쉽게 입수가능한 재조합 DNA 물질 예컨대 아메리칸 타입 컬처 컬렉션(American Type Culture Collection) (미국 20852 메릴랜드주 록빌 파크론 드라이브 12301)으로부터 입수가능한 것으로부터 또는 원하는 DNA를 함유하는 DNA 라이브러리로부터 수득할 수 있다.

[0149] 예를 들어, 원하는 도메인 서열에 상응하는 DNA 절편을 재조합 DNA 방법의 일상적인 절차를 사용하여 적합한 제어 및 신호 서열과 어셈블리할 수 있다. 예를 들어, 미국 특허 번호 4,593,002, 및 문헌 [Langford, et al., Molec. Cell. Biol. 6: 3191, 1986]에 기술된 것을 참조한다.

[0150] 단백질 또는 폴리펩티드를 코딩하는 DNA 서열을 화학적으로 합성할 수 있거나, 또는 여러 접근법 중 하나에 의해 단리할 수 있다. 합성될 DNA 서열은 원하는 아미노산 서열에 대한 적합한 코돈으로 디자인될 수 있다. 일반적으로, 서열이 발현에 사용될 의도되는 숙주에 대한 선호되는 코돈이 선택될 것이다. 표준 방법에 의해 제조된 중첩 올리고뉴클레오티드들로부터 완전한 서열이 어셈블리될 수 있고, 완전한 코딩 서열로 어셈블리될 수

있다. 예를 들어, 문헌 [Edge, Nature 292: 756, 1981]; [Nambair, et al. Science 223: 1299, 1984]; [Jay, et al., J. Biol. Chem. 259: 6311, 1984]을 참조한다.

[0151] 한 측면에서, 개선된 LAMP 구축물의 도메인 서열을 코딩하는 핵산 중 하나 이상이 중합효소 연쇄 반응을 사용하여 개별적으로 단리된다 (M. A. Innis, et al., PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press, 1990). 바람직하게는 도메인은 이를 함유하는 것으로 공지된 공개적으로 입수가능한 클론으로부터 단리되지만, 게놈 DNA 또는 cDNA 라이브러리로부터 단리될 수도 있다. 바람직하게는, 단리된 단편은 암 항원 서열을 코딩하는 개선된 LAMP 구축물이 구축되게 허용하는 상용성 제한 엔도뉴클레아제 부위가 경계를 이룬다. 이러한 기술은 관련 기술분야의 기술자에게 널리 공지되어 있다. 도메인 서열은 (예를 들어, 개재 서열 없이) 서로 직접적으로 융합될 수 있거나, 또는 서로 내로 삽입될 수 있거나 (예를 들어, 도메인 서열이 불연속적인 경우), 또는 개재 서열 (예를 들어, 링커 서열)에 의해 분리될 수 있다.

[0152] 올리고뉴클레오티드 프라이머, 프로브 및 DNA 라이브러리를 제조하기 위한 기본 전략, 뿐만 아니라 핵산 혼성화에 의한 이의 스크리닝이 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 널리 공지되어 있다. 예를 들어, 상기 문헌 [Sambrook, et al., 1989]; 상기 문헌 [Perbal, 1984]을 참조한다. 적합한 DNA 또는 cDNA 라이브러리의 구축은 관련 기술분야의 기술 내에 속한다. 예를 들어, 상기 문헌 [Perbal, 1984]을 참조한다. 대안적으로, 적절한 DNA 라이브러리 또는 공개적으로 입수가능한 클론이 생물학적 연구 재료의 공급업체, 예컨대 클론테크 (Clonetech) 및 스트라타진(Stratagene)으로부터, 뿐만 아니라 공공 기탁소 예컨대 아메리칸 타입 컬처 컬렉션으로부터 입수가능하다.

[0153] DNA의 발현 라이브러리로부터 서열을 발현하고, 발현된 펩티드를 면역학적으로 검출함으로써, 선택을 달성할 수 있다. MHC II 분자 및 원하는 항체/T 세포 수용체에 결합하는 펩티드를 발현하는 클론이 선택된다. 이러한 선택 절차는 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 널리 공지되어 있다 (예를 들어, 상기 문헌 [Sambrook, et al., 1989] 참조).

[0154] 원하는 폴리펩티드 서열에 대한 코딩 서열을 함유하는 클론이 제조 또는 단리되었으면, 이러한 서열을 임의의 적절한 벡터 내로 클로닝할 수 있고, 이는 바람직하게는 숙주 세포에서 서열을 유지시키기 위한 복제 기원을 포함한다.

[0155] **핵산 전달 비히클**

[0156] 한 측면에서, 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 백신 조성물이 세포 내로 도입된다. 세포는 핵산을 복제하기 위한 또는 개선된 LAMP 구축물을 발현하기 위한 숙주 세포일 수 있다. 바람직하게는, 개선된 LAMP 구축물을 발현하기 위한 숙주 세포는 항원 제시 세포 (하기에서 추가로 기술됨)이다.

[0157] 바람직한 실시양태에서, 개선된 LAMP 구축물은 표적 세포 내로의 삽입을 위한 폴리뉴클레오티드 서열 및 여기에 작동가능하게 연결되어 세포 내에서 폴리뉴클레오티드 서열의 발현 (예를 들어, 전사 및/또는 번역)을 제어하는 발현 제어 서열을 추가로 포함한다. 예는 플라스미드, 파지, 자가 복제 서열 (ARS), 동원체, 및 시험관 내에서 또는 숙주 세포 (예를 들어, 박테리아, 효모 또는 곤충 세포) 및/또는 표적 세포 (예를 들어, 포유동물 세포, 바람직하게는 항원 제시 세포)에서 복제하거나 또는 복제될 수 있고/있거나 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 서열을 표적 세포 내의 원하는 위치로 운반할 수 있는 기타 서열을 포함한다.

[0158] 재조합 발현 벡터는 인간, 말, 소, 돼지, 라마, 기린, 개, 고양이 또는 닭을 포함하는 동물을 쉽게 감염시키는 미생물로부터 유래될 수 있다. 바람직한 벡터는 생백신으로서 이미 사용된 것, 예컨대 우두를 포함한다. 이러한 재조합체는 숙주 내로 직접적으로 접종되어, 미생물 벡터에 대한 면역을 부여할 뿐만 아니라, 외래 항원을 발현할 수 있다. 재조합 생백신으로서 본원에서 구상되는 바람직한 벡터는, 예를 들어, 문헌 [Flexner, Adv. Pharmacol. 21: 51, 1990]에 교시된 바와 같이, RNA 바이러스, 아데노바이러스, 헤르페스바이러스, 폴리오바이러스, 및 우두 및 기타 폭스 바이러스를 포함한다.

[0159] 발현 제어 서열은 RNA 중합효소에 결합하는 프로모터 서열, 각각 전사 활성화제 및 억제인자에 결합하는 인핸서 서열 또는 음성 조절 요소, 및/또는 리보솜 결합을 위한 번역 개시 서열을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 예를 들어, 박테리아 발현 벡터는 프로모터 예컨대 lac 프로모터 및 전사 개시용의 샤인-달가노 서열 및 시작 코돈 AUG를 포함할 수 있다 (상기 문헌 [Sambrook, et al., 1989]). 유사하게, 진핵생물 발현 벡터는 바람직하게는 RNA 중합효소 II에 대한 이종성, 상동성 또는 키메라 프로모터, 하류의 폴리아데닐화 신호, 시작 코돈 AUG, 및 리보솜 분리를 위한 종결 코돈을 포함한다.

[0160] 발현 제어 서열은 천연 발생 유전자로부터 수득될 수 있거나, 또는 디자인될 수 있다. 디자인된 발현 제어 서

열은 돌연변이되고/되거나 키메라인 발현 제어 서열, 또는 합성이거나 클로닝된 컨센서스 서열을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 프로모터 및 폴리뉴클레오티드가 작동적으로 연결될 수 있는 클로닝 부위 둘 다를 함유하는 벡터가 관련 기술분야에 널리 공지되어 있다. 이같은 벡터는 시험관 내에서 또는 생체 내에서 RNA를 전사시킬 수 있고, 스트라타진 (캘리포니아주 라호야) 및 프로메가 바이오테크(Promega Biotech) (위스콘신주 매디슨)와 같은 공급원으로부터 시판된다.

[0161] 발현 및/또는 전사를 최적화하기 위해, 벡터의 5' 및/또는 3' 비번역 부분을 제거하거나, 부가하거나 또는 변경시켜, 여분이거나 대안적인 번역 개시 코돈 또는 전사 또는 번역 수준에서 발현을 방해하거나 또는 감소시킬 수 있는 기타 서열을 제거하는 것이 필요할 수 있다. 대안적으로, 컨센서스 리보솜 결합 부위가 시작 코돈의 바로 5'에 삽입되어 발현을 강화할 수 있다. 광범위한 발현 제어 서열 - 자신에게 작동적으로 연결된 DNA 서열의 발현을 제어하는 서열 -이 이러한 벡터에서 사용되어 본 발명의 DNA 서열을 발현할 수 있다. 이같은 유용한 발현 제어 서열은, 예를 들어, SV40, CMV, 우두, 폴리오마, 아데노바이러스, 헤르페스 바이러스의 초기 또는 후기 프로모터, 및 포유동물 세포의 유전자의 발현을 제어하는 것으로 공지된 기타 서열, 및 이들의 다양한 조합을 포함한다.

[0162] 한 측면에서, 개선된 LAMP 구축물은 벡터를 복제시키기 위한 복제 기원을 포함한다. 바람직하게는, 이러한 기원은 표적 세포로의 전달에서 사용하기 위한 서열의 충분한 개수의 카피를 생성시키도록 사용될 수 있는 적어도 하나의 유형의 숙주 세포에서 기능하다. 따라서, 적절한 기원은 박테리아 세포 (예를 들어, 에스케리키아(Escherichia) 종, 살모넬라(Salmonella) 종, 프로테우스(Proteus) 종, 클로스트리디움(Clostridium) 종, 클레브시엘라(Klebsiella) 종, 바실루스(Bacillus) 종, 스트렙토마이세스(Streptomyces) 종, 및 슈도모나스(Pseudomonas) 종), 효모 (예를 들어, 사카로마이세스(Saccharamyces) 종 또는 피키아(Pichia) 종), 곤충 세포, 및 포유동물 세포에서 기능하는 것을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 한 바람직한 측면에서, 핵산 전달 비히클이 도입되는 표적 세포 (예를 들어, 포유동물 세포, 예컨대 인간 세포)에서 기능하는 복제 기원이 제공된다. 또 다른 측면에서, 하나는 숙주 세포에서 기능하고 하나는 표적 세포에서 기능하는 적어도 2개의 복제 기원이 제공된다.

[0163] 개선된 LAMP 구축물은, 대안적으로 또는 추가적으로, 핵산 전달 벡터의 적어도 일부분이 표적 세포 염색체 내로 통합되는 것을 용이하게 하는 서열을 포함할 수 있다. 예를 들어, 개선된 LAMP 구축물은 표적 세포 염색체 DNA에 대한 상동성이 있는 영역을 포함할 수 있다. 한 측면에서, 전달 벡터는 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 핵산 서열에 플랭킹된 2개 이상의 재조합 부위를 포함한다.

[0164] 벡터는 벡터가 표적 세포에 성공적으로 도입되었고/되었거나 표적 세포에 의해 발현될 수 있다는 것을 검증하는 검출가능하고/하거나 선택가능한 마커를 추가적으로 포함할 수 있다. 이러한 마커는 RNA, 펩티드, 또는 단백질의 생산과 같은, 그러나 이에 제한되지는 않는 활성을 코딩할 수 있거나, 또는 RNA, 펩티드, 단백질, 무기 및 유기 화합물 또는 조성물 등에 대한 결합 부위를 제공할 수 있다.

[0165] 검출가능한/선택가능한 마커 유전자의 예는 하기를 포함하나 이에 제한되지는 않는다: 그렇지 않으면 독성인 화합물 (예를 들어, 항생제)에 대한 저항성을 제공하는 생성물을 코딩하는 DNA 절편; 그렇지 않으면 수용자 세포에서 결여되는 생성 (예를 들어, tRNA 유전자, 영양요구성 마커)을 코딩하는 DNA 절편; 유전자 생성물의 활성을 억제하는 생성물을 코딩하는 DNA 절편; 쉽게 확인될 수 있는 생성물(예를 들어, 표현형 마커 예컨대 베타-갈락토시다제, 형광 단백질 (GFP, CFP, YFG, BFP, RFP, EGFP, EYFP, EBFP, dsRed, 이들의 돌연변이, 변형 또는 강화 형태 등), 및 세포 표면 단백질)을 코딩하는 DNA 절편; 그렇지 않으면 세포 생존 및/또는 기능에 해로운 생성물에 결합하는 DNA 절편; 그렇지 않으면 다른 핵산 절편 (예를 들어, 안티센스 올리고뉴클레오티드)의 활성을 억제하는 DNA 절편; 기질을 변형시키는 생성물 (예를 들어, 제한 엔도뉴클레아제)에 결합하는 DNA 절편; 원하는 분자를 단리 또는 확인하는데 사용될 수 있는 DNA 절편 (예를 들어, 특이적 단백질 결합 부위를 코딩하는 절편); 프라이머 서열; 부재 시에, 특정 화합물에 대한 저항성 또는 감수성을 직접적으로 또는 간접적으로 부여하는 DNA 절편; 및/또는 수용자 세포에서 독성인 생성물을 코딩하는 DNA 절편.

[0166] 마커 유전자는 성공적인 유전자 전달의 확인을 위한 마커로서 및/또는 전달된 유전자를 발현하는 세포를 단리하고/하거나 전달된 유전자를 세포로부터 회수하는데 사용될 수 있다. 예를 들어, 한 측면에서, 마커 유전자는 개선된 LAMP 구축물을 발현하는 항원 제시 세포를 단리 및 정제하는데 사용된다.

[0167] 실질적으로 유사한 유전자, 예를 들어, 공지된 유전자에 대한 동일성이 약 50% 초과, 약 70% 초과, 80% 초과, 약 90% 초과, 바람직하게는 약 95% 초과인 유전자가 제공될 수 있다. 실질적으로 유사한 도메인 서열은 엄격한 혼성화 조건 하에 관심 도메인 서열에 특이적으로 혼성화하는 서열을 선택하는 것에 의해 최초로 확인될 수 있

다. 상동성, 변이체 또는 변형 도메인 서열의 적절성을 결정하기 위해 검정법을 수행하는 것은 적합한 활성을 발현하는 서열에 대한 스크리닝의 문제일 뿐이다. 이같은 스크리닝은 관련 기술분야에서 일상적이다.

[0168] 개선된 LAMP 구축물은 네이키드 핵산으로서 또는 핵산이 세포 내로 진입하는 것을 용이하게 하기 위한 하나 이상의 분자와 회합된 전달 비히클에서 제공될 수 있다. 적절한 전달 비히클은 리포솜 제형, 폴리펩티드, 다당류, 지질다당류, 바이러스 제형 (예를 들어, 바이러스, 바이러스 입자, 인공 바이러스 외피 등을 포함함), 세포 전달 비히클 등을 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0169] **지질-기반 제형**

[0170] 개선된 LAMP 구축물의 세포내 전달을 용이하게 하기 위해 디자인된 전달 비히클은 (예를 들어, 형질막, 조직액, 세포 내의 구획 등 내 또는 상의) 비-극성 및 극성 환경 둘 다와 상호작용하여야 한다. 따라서, 바람직하게는, 전달 비히클은 개선된 LAMP 구축물을 세포 내로 전위시키기 위한 전위 서열 또는 극성 및 비-극성 도메인 둘 다를 함유하도록 디자인된다.

[0171] 극성 및 비-극성 도메인이 있는 화합물은 양친매체로 명명된다. 양이온성 양친매체는 음으로 하전된 폴리뉴클레오티드 예컨대 DNA와 상호작용하기 위해 생리학적 pH에서 또는 생리학적 pH 부근에서 양으로 하전될 수 있는 극성 기가 있다.

[0172] 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물은 세포막을 가로질러 벡터를 전달하는 것을 용이하게 하기 위해 지질 단층 또는 이중층을 포함하는 제형에서 제공될 수 있다. 리포솜 또는 임의 형태의 지질막, 예컨대 평면 지질막 또는 무손상 세포, 예를 들어, 적혈구의 세포막이 사용될 수 있다. 리포솜 제형은 정맥내 또는 구강 투여를 포함하는 임의의 수단에 의해 투여될 수 있다.

[0173] 리포솜 및 리포솜 제형은 표준 방법에 따라 제조될 수 있고, 관련 기술분야에 널리 공지되어 있으며, 예를 들어, 문헌 [Remington's]; [Akimaru, 1995, Cytokines Mol. Ther. 1: 197-210]; [Alving, 1995, Immunol. Rev. 145: 5-31]; [Szoka, 1980, Ann. Rev. Biophys. Bioeng. 9: 467]; 미국 특허 번호 4,235,871; 미국 특허 번호 4,501,728; 및 미국 특허 번호 4,837,028을 참조한다. 한 측면에서, 리포솜은 리포솜:개선된 LAMP 구축물 복합체를 특정 세포 유형으로 표적화하기 위한 표적화 분자를 포함한다. 특히 바람직한 측면에서, 표적화 분자는 혈관 또는 표적 조직에서 발견되는 세포의 표면 상의 생체분자 (예를 들어, 수용체 또는 리간드)에 대한 결합 파트너 (예를 들어, 리간드 또는 수용체)를 포함한다.

[0174] 리포솜 전하는 혈액으로부터의 리포솜 소거에서의 중요한 결정인자이고, 이때 음으로 하전된 리포솜이 망상내피계에 의해 더욱 신속하게 흡수되고 (Juliano, 1975, Biochem. Biophys. Res. Commun. 63: 651), 따라서 혈류 내에서의 반감기가 더 짧다. 포스파티딜에탄올아민 유도체를 혼입하는 것은 리포솜 응집을 방지함으로써 순환 시간을 강화한다. 예를 들어, L-알파-디스테아로일포스파티딜콜린의 대형 단층 소포 내로 N-(오메가-카르복시)아실아미노포스파티딜에탄올아민을 혼입하는 것은 생체내 리포솜 순환 수명을 극적으로 증가시킨다 (예를 들어, 문헌 [Ahl, 1997, Biochim. Biophys. Acta 1329: 370-382] 참조). 순환 반감기가 연장된 리포솜은 전형적으로 치료 및 진단 용도에 바람직하다. 약동학의 일반적인 논의에 대해, 예를 들어, 문헌 [Remington's, Chapters 37-39], [Lee, et al., Pharmacokinetic Analysis: A Practical Approach (Technomic Publishing AG, Basel, Switzerland 1996)]을 참조한다.

[0175] 전형적으로, 리포솜은 약 5 내지 15 몰 퍼센트의 음으로 하전된 인지질, 예컨대 포스파티딜글리세롤, 포스파티딜세린 또는 포스파티딜-이노시톨로 제조된다. 첨가된 음으로 하전된 인지질, 예컨대 포스파티딜글리세롤은 자발적인 리포솜 응집을 방지하는 역할도 하고, 따라서 소형화된 리포솜 응집체 형성의 위험을 최소화한다. 적어도 약 50 몰 퍼센트의 농도의 막-강직화제, 예컨대 스핑고미엘린 또는 포화 중성 인지질, 및 5 내지 15 몰 퍼센트의 모노시알릴강글리오시드 또한 바람직하게는 리포솜 성질, 예컨대 강직성을 부여할 수 있다 (예를 들어, 미국 특허 번호 4,837,028 참조).

[0176] 추가적으로, 리포솜 현탁액은 저장 시 자유 라디칼 및 지질-과산화 손상에 대해 지질을 보호하는 지질-보호제를 포함할 수 있다. 친지성 자유 라디칼 켄처, 예컨대 알파-토코페롤 및 수용성 철-특이적 킬레이터, 예컨대 페리옥시아닌이 바람직하다.

[0177] 본 발명의 개선된 LAMP 구축물은 비균질한 크기의 다층 소포를 포함할 수 있다. 예를 들어, 소포-형성 지질이 적절한 유기 용매 또는 용매 시스템에 용해되고, 진공 또는 불활성 기체 하에 건조되어, 얇은 지질 필름을 형성할 수 있다. 원한다면, 필름을 적절한 용매, 예컨대 3급 부탄올에 재용해시킨 후, 동결건조시켜, 더욱 쉽게 수화되는 분말형 형태인 더욱 균질한 지질 혼합물을 형성시킬 수 있다. 이러한 필름을 펩티드 또는 폴리펩티드

복합체의 수용액으로 덮고, 전형적으로 15 내지 60분 기간에 걸쳐, 교반하면서 수화시킨다. 생성된 다층 소포의 크기 분포는 지질을 더욱 격렬한 진탕 조건 하에 수화시키는 것에 의해 또는 가용화 세제 예컨대 데옥시콜레이트를 첨가하는 것에 의해 더 작은 크기를 향해 이동될 수 있다. 바람직하게는 수화 매질은 최종 리포솜 현탁액 내의 리포솜의 내부 부피에서 원하는 농도의 핵산을 포함한다.

[0178] 리포솜 제조 후, 원하는 크기 범위 및 비교적 좁은 리포솜 크기 분포를 달성하기 위해 리포솜을 사이징할 수 있다. 한 바람직한 크기 범위는 약 0.2 내지 0.4 마이크로미터이고, 이는 리포솜 현탁액이 통상적인 필터, 전형적으로는 0.22 마이크로미터 필터를 통한 여과에 의해 살균되도록 허용한다. 리포솜이 약 0.2 내지 0.4 마이크로미터로 낮게 사이징되면, 필터 살균이 고처리량 기반으로 수행될 수 있다. 리포솜을 원하는 크기로 사이징하기 위해 여러 기술이 이용가능하다 (예를 들어, 미국 특허 번호 4,737,323 참조).

[0179] 적절한 지질은 DOTMA (Felgner, et al., 1987, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84: 7413-7417), DOGS 또는 트랜스펙타인(Transfectain)™ (Behr, et al., 1989, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86: 6982-6986), DNERIE 또는 DORIE (Felgner, et al., Methods 5: 67-75), DC-CHOL (Gao and Huang, 1991, BBRC 179: 280-285), DOTAP™ (McLachlan, et al., 1995, Gene Therapy 2: 674-622), 리포펙타민(Lipofectamine)™. 및 글리세롤지질 화합물 (예를 들어, EP901463 및 WO98/37916 참조)을 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0180] 개선된 LAMP 구축물과 복합체를 형성하는데 적절한 다른 분자는 양이온성 분자, 예컨대 폴리아미도아민 (Haensler and Szoka, 1993, Bioconjugate Chem. 4: 372-379), 수지상 폴리신 (WO 95/24221), 폴리에틸렌이민 또는 폴리프로필렌이민 (WO 96/02655), 폴리라이신 (미국 특허 번호 5,595,897; FR 2 719 316), 키토산 (미국 특허 번호 5,744,166), DNA-젤라틴 코아세르베이트 (예를 들어, 미국 특허 번호 6,207,195; 미국 특허 번호 6,025,337; 미국 특허 번호 5,972,707 참조) 또는 DEAE 덱스트란 (Lopata, et al., 1984, Nucleic Acid Res. 12: 5707-5717)을 포함한다.

[0181] **바이러스-기반 유전자 전달 비히클**

[0182] 한 측면에서, 개선된 LAMP 구축물 전달 비히클은 바이러스 또는 바이러스 입자를 포함한다. 이러한 측면에서, 바람직하게는, 개선된 LAMP 구축물은 바이러스 벡터를 포함한다. 바이러스 벡터, 예컨대 레트로바이러스, 아데노바이러스, 아데노-연관 바이러스 및 헤르페스 바이러스는 종종 2개의 성분인 변형된 바이러스 게놈 및 이를 둘러싸는 코트 구조로 구성되지만 (예를 들어, 문헌 [Smith et al., 1995, Ann. Rev. Microbiol. 49: 807-838] 참조), 때때로 바이러스 벡터는 네이키드 형태로 도입되거나 또는 바이러스 단백질 이외의 단백질로 코팅된다. 대부분의 현재의 벡터는 야생형 바이러스와 유사한 코트 구조를 갖는다. 이러한 구조는 바이러스 핵산을 패키징 및 보호하고, 표적 세포에 결합하여 진입하는 수단을 제공한다.

[0183] 바람직하게는, 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 바이러스 벡터는 야생형 바이러스 게놈으로부터 변형되어 표적 세포 내에서 바이러스가 성장할 수 없도록 하는 한편 감염성 입자를 제조하는데 사용된 숙주 세포 (예를 들어, 패키징 또는 헬퍼 세포)에서는 바이러스가 성장할 수 있게 한다. 일반적으로 벡터 핵산은 헬퍼 세포주에서의 복제 및 패키징을 위한 필수적인 시스-작용 바이러스 핵산 및 표적 세포로 전달되는 폴리뉴클레오티드의 발현을 조절하기 위한 발현 제어 서열을 포함한다. 관련 기술분야에 공지된 바와 같이 다른 바이러스 기능은 특정 패키징 또는 헬퍼 세포주에서 트랜스로 발현된다.

[0184] 바람직한 개선된 LAMP 구축물은 헤르페스 바이러스, 사이토메갈로바이러스, 포말 바이러스, 렌티바이러스, 셈리키 포레스트 바이러스, AAV (아데노-연관 바이러스), 폭스바이러스, 아데노바이러스 및 레트로바이러스로 이루어진 군으로부터 선택된 바이러스로부터 유래되는 바이러스 벡터이다. 이같은 바이러스 벡터는 관련 기술분야에 널리 공지되어 있다.

[0185] 한 바람직한 측면에서, 사용된 바이러스 벡터는 아데노바이러스 벡터이다. 아데노바이러스 게놈은 바이러스 복제 주기를 완료하는데 필요한 약 30개 초과의 유전자를 보유하는 약 36 kb의 선형 이중-가닥 DNA 분자로 이루어진다. 초기 유전자는 항-바이러스 숙주 면역 반응을 조정하는 것으로 여겨지는 E3 영역을 제외하고는 바이러스 복제에 필수적인 4개의 영역 (E1 내지 E4)으로 나뉜다. E1 영역 (EIA 및 EIB)은 바이러스 게놈의 전사의 조절을 담당하는 단백질을 코딩한다. E2 영역 유전자 (E2A 및 E2B)의 발현은 바이러스 복제에 필요한 폴리펩티드의 합성에 이른다. E3 영역이 코딩하는 단백질은 세포독성 T 세포 및 종양 괴사 인자에 의한 세포용해를 방지한다 (Wold and Gooding, 1991, Virology 184: 1-8). E4 영역이 코딩하는 단백질은 DNA 복제, 후기 유전자 발현 및 스플라이싱 및 숙주 세포 차단에서 수반된다 (Halbert, et al., 1985, J. Virol. 56: 250-257). 일반적으로 후기 유전자는 바이러스 캡시드에 기여하는 구조 단백질을 코딩한다. 추가적으로, 아데노바이러스 게놈은 DNA

복제에 필수적인 시스-작용 5' 및 3' ITR (역전 말단 반복물) 및 패키징 서열을 보유한다. ITR은 DNA 복제 기원의 거처가 되는 한편, 캡시드화 영역은 아데노바이러스 DNA를 감염성 입자 내로 패키징하는데 요구된다.

[0186] 아데노바이러스 벡터는 문헌 [Heise and Kim, 2000, J. Clin. Invest. 105: 847-851]에 기술된 바와 같이 특정 세포 (예를 들어, 증식성 세포)에서 선택적으로 복제하기 위하여 조건부로 복제성이도록 조작될 수 있다 (CRAd 벡터). 또 따른 측면에서, 아데노바이러스 벡터는 (예를 들어, E1의 총체적 또는 부분적 결실 또는 돌연변이유발에 의해) E1 기능에 대해 복제-결손이다. 벡터의 아데노바이러스 백본은 추가적인 변형 (하나 이상의 바이러스 유전자에서의 결실, 삽입 또는 돌연변이)을 포함할 수 있다. E2 변형의 예는 DBP (DNA 결합 단백질) 코딩 유전자 상에 위치하는 열감수성 돌연변이에 의해 예시된다 (Ensinger et al., 1972, J. Virol. 10: 328-339). E4 영역 전체 또는 일부분에서 아데노바이러스 서열이 결실될 수도 있다 (예를 들어, EP 974 668; 문헌 [Christ, et al., 2000, Human Gene Ther. 11: 415-427]; [Lusky, et al., 1999, J. Virol. 73: 8308-8319] 참조). 비-필수 E3 영역 내에서의 추가적인 결실은 전달되는 폴리뉴클레오티드의 크기가 증가되는 것을 허용할 수 있다 (Yeh, et al., 1997, FASEB Journal 11: 615 623). 그러나, 바이러스가 면역계 (Gooding, et al., 1990, Critical Review of Immunology 10: 53-71) 또는 염증 반응 (EP 00440267.3)을 탈출하게 허용하는 폴리펩티드 (예를 들어, gp19k)를 코딩하는 E3 서열 전체 또는 이의 일부분을 유지하는 것이 유리할 수 있다.

[0187] ITR 및 패키징 서열을 유지하고 나머지 바이러스 항원 합성을 폐지하는 실질적인 유전자 변형을 포함하는 2세대 벡터가 형질도입된 세포에서의 발현된 유전자의 장기 발현을 개선하기 위해 또한 사용될 수 있다 (예를 들어, WO 94/28152; 문헌 [Lusky, et al., 1998, J. Virol 72: 2022-2032] 참조).

[0188] 세포 내로 도입되는 개선된 LAMP 구축물은 시스-작용 서열을 제외하고 바이러스 게놈의 임의의 위치에서 삽입될 수 있다. 바람직하게는, 이는 결실된 영역 (E1, E3 및/또는 E4)을 교체하여, 바람직하게는 결실된 E1 영역 내에 삽입된다.

[0189] 아데노바이러스는 임의의 인간 또는 동물 공급원, 특히 갯과동물 (예를 들어 CAV-1 또는 CAV-2 (각각 진뱅크 (Genbank) 참조번호 CAVIGENOM 및 CAV77082), 조류 (진뱅크 참조번호 AAVEDSDNA), 소 (예컨대 BAV3; 문헌 [Reddy, et al., 1998, J. Virol. 72: 1394 1402]), 뮤린 (진뱅크 참조번호 ADRMUSMAVI), 양, 고양잇과동물, 돼지 또는 시미안 공급원으로부터 유래될 수 있거나, 또는 대안적으로 하이브리드 바이러스일 수 있다. 임의의 혈청형이 사용될 수 있다. 그러나, C 서브그룹의 인간 아데노바이러스, 특히 아데노바이러스 2 (Ad2) 및 5 (Ad5)가 바람직하다. 예를 들어, ATCC로부터, 이같은 바이러스가 입수가능하다.

[0190] 아데노바이러스 입자 또는 빈 아데노바이러스 캡시드 또한 미국 특허 번호 5,928,944에 기술된 바와 같이 바이러스-매개 공동내재화 프로세스에 의해 개선된 LAMP 구축물을 전달하는데 사용될 수 있다. 이러한 프로세스는 양이온성 작용제(들) 예컨대 폴리카르벤 또는 하나 이상의 지질 층을 포함하는 지질 소포의 존재 하에 달성될 수 있다.

[0191] 아데노바이러스 입자는 바이러스 복제에 필요한 결여 바이러스 유전자를 트랜스로 공급하는 보완 세포주 또는 헬퍼 바이러스를 사용하여 관련 기술분야의 임의의 통상적인 기술 (예를 들어, WO 96/17070)에 따라 제조 및 증식될 수 있다. 세포주 293 (Graham et al., 1977, J. Gen. Virol. 36: 59-72) 및 PERC6 (Fallaux et al., 1998, Human Gene Therapy 9: 1909-1917)이 E1 결실을 보완하는데 통상적으로 사용된다. 기타 세포주들이 결손 벡터를 보완하도록 조작되었다 (Yeh, et al., 1996, J. Virol. 70: 559-565; Kroughak and Graham, 1995, Human Gene Ther. 6: 1575-1586; Wang, et al., 1995, Gene Ther. 2: 775-783; Lusky, et al., 1998, J. Virol. 72: 2022-203; EP 919627 및 WO 97/04119). 아데노바이러스 입자는 배양 상청액으로부터 회수될 수 있지만, 용해 후의 세포로부터 또한 회수될 수 있고, 임의적으로, 표준 기술 (예를 들어, WO 96/27677, WO 98/00524 WO 98/26048 및 WO 00/50573에 기술된 바와 같이, 크로마토그래피, 초원심분리)에 따라 추가로 정제될 수 있다.

[0192] 바이러스 표면 단백질의 변형에 의해 숙주 범위가 광범위한 아데노바이러스로부터 유래된 벡터로 세포-유형 특이적 표적화가 달성될 수 있다. 예를 들어, 허용 세포의 표면에 존재하는 세포 수용체에 부착하는 것에 의해 아데노바이러스 감염의 특이성이 결정된다. 이와 관련하여, 아데노바이러스 캡시드의 표면에 존재하는 섬유 및 펜톤이 세포 부착에서 결정적인 역할을 한다 (Defer, et al., 1990, J. Virol. 64: 3661-3673). 따라서, 특유한 세포 표면 수용체와 특이적으로 상호작용할 수 있는 변형된 섬유 및/또는 펜톤을 생성시키기 위한 섬유 및/또는 펜톤을 코딩하는 바이러스 유전자의 유전 변형에 의해 아데노바이러스의 세포 표적화가 수행될 수 있다. 이같은 변형의 예가 문헌 [Wickarn, et al., 1997, J. Virol. 71: 8221-8229]; [Arriberg, et al., 1997, Virol. Chem 268: 6866-6869]; [Roux, et al., 1989, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86: 9079-9083]; [Miller

and Vile, 1995, FASEB J. 9: 190-199; WO 93/09221], 및 WO 95/28494에서 기술된다.

[0193] 특히 바람직한 측면에서, 아데노-연관 바이러스 서열이 벡터로서 사용된다. 인간 파르보바이러스 AAV-2 (2형 아데노-연관 바이러스)로부터 유래된 벡터는 현재 개발 중인 가장 유망한 유전자 전달 비히클 중 하나이다. 단일-가닥 DNA를 패키징하기 위한 이러한 시스템의 몇가지 특색이 이를 전달하기 위한 네이키드 DNA에 대한 가능한 대안으로서 제안한다. 다른 바이러스 벡터 예컨대 우두 또는 아데노바이러스에 대비된 주요한 매력적인 특색은 AAV 벡터는 어떠한 바이러스 유전자도 발현하지 않는다는 것이다. 백신 구축물 내에 포함된 유일한 바이러스 DNA 서열은 145 bp 역전 말단 반복물 (ITR)이다. 따라서, 네이키드 DNA로의 면역화에서와 같이, 발현되는 유일한 유전자는 항원 또는 항원 키메라의 것이다. 추가적으로, AAV 벡터는, 트랜스진이 지속적으로 발현되고 점막 면역의 생성을 위한 경구 및 비강내 전달의 가능성이 있으면서, 분열 세포 및 비-분열 세포, 예컨대 인간 말초혈 단핵구-유래 수지상 세포 둘 다에 형질도입되는 것으로 공지되어 있다. 또한, 50 ug 또는 약 10^{15}개의 카피의 네이키드 DNA 용량에 대조적으로 10^{10} 내지 10^{11}개의 입자 또는 DNA 카피의 용량에서의 최대 반응으로, 요구되는 DNA의 양이 수십배만큼 훨씬 더 적은 것으로 보인다.

[0194] 한 측면에서, AAV 벡터는 AAV ITR 키메라 단백질 코딩 구축물 내에 함유된 DNA 및 ITR 없이 AAV 코딩 영역 (AAV rep 및 cap 유전자)을 함유하는 AAV 헬퍼 플라스미드 ACG2로의 적절한 세포주 (예를 들어, 인간 293 세포)의 공동-형질감염에 의해 패키징된다. 이어서 세포가 아데노바이러스 Ad5로 감염된다. 관련 기술분야에 공지된 방법 (예를 들어, 염화세슘 밀도 구배 초원심분리)을 사용하여 세포 용해물로부터 벡터를 정제할 수 있고, (예를 들어, 세포병변 효과 바이오어세이에 의해) 검출가능한 복제-수용성 AAV 또는 아데노바이러스가 없다는 것을 확실히 하도록 확인한다. 프로테이나제 K 소화 후 제조된 바이러스 DNA 샘플로 정량적 PCR에 의해 AAV 역가를 결정할 수 있다. 바람직하게는, 이같은 방법에 의해 생산된 벡터 역가는 약 $5x10^{12}$ 내지 $1x10^{13}$개의 DNase 저항성 입자/ml이다.

[0195] 다른 측면에서, 레트로바이러스 벡터가 사용된다. 레트로바이러스는 바이러스 RNA 게놈을 감염된 세포 (예를 들어, 표적 세포)의 염색체 DNA 내로 통합되는 이중 가닥 DNA로 복제하도록 바이러스-코딩 역전사효소를 사용하여 복제되는 일군의 통합성 바이러스이다. 이같은 벡터는 뮤린 백혈병 바이러스, 특히 몰로니(Moloney) (Gilboa, et al., 1988, Adv. Exp. Med. Biol. 241: 29) 또는 프렌드(Friend) FB29 계통 (WO 95/01447)으로부터 유래된 것을 포함한다. 일반적으로, 레트로바이러스 벡터는 바이러스 유전자 gag, pol 및 env 전체 또는 이의 일부분이 결실되고, 5' 및 3' LTR 및 캡시드화 서열을 유지한다. 이러한 요소들은 레트로바이러스 벡터의 발현 수준 또는 안정성을 증가시키도록 변형될 수 있다. 이같은 변형은 레트로바이러스 캡시드화 서열이 레트로트랜스포손 예컨대 VL30 중 하나로 교체되는 것을 포함한다 (예를 들어, 미국 특허 번호 5,747,323 참조). 바람직하게는, 개선된 LAMP 구축물은, 바람직하게는 레트로바이러스 게놈에 대해 반대 방향으로, 캡시드화 서열의 하류에 삽입된다. 관련 기술분야에 공지된 바와 같이 레트로바이러스 외피 단백질에 항체 또는 항체 단편을 접합시키는 것에 의해 세포 특이적 표적화가 달성될 수 있다.

[0196] 레트로바이러스 입자는 헬퍼 바이러스의 존재 하에 또는 자신의 게놈 내에 통합된 레트로바이러스 벡터에 결손된 레트로바이러스 유전자 (예를 들어 gag/pol 및 env)를 함유하는 적합한 보완 (패키징) 세포주에서 제조된다. 이같은 세포주가 선행 기술에 기술되어 있다 (Miller and Rosman, 1989, BioTechniques 7: 980; Danos and Mulligan, 1988, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85: 6460; Markowitz, et al., 1988, Virol. 167: 400). env 유전자의 생성물은 바이러스 입자가 표적 세포의 표면 상에 존재하는 바이러스 수용체에 결합하는 것을 담당하고, 따라서 레트로바이러스 입자의 숙주 범위를 결정한다. 본 발명의 맥락에서, 인간 및 다른 종의 표적 세포의 감염을 허용하도록, 양쪽성 외피 단백질을 함유하는 PA317 세포 (ATCC CRL 9078) 또는 293EI6 (WO97/35996)과 같은 패키징 세포주를 사용하는 것이 유리하다. 바람직하게는 레트로바이러스 입자는 배양 상청액으로부터 회수되고, 임의적으로 표준 기술 (예를 들어 크로마토그래피, 초원심분리)에 따라 추가로 정제될수 있다.

[0197] 다른 적절한 바이러스는 폭스바이러스를 포함한다. 폭스바이러스과의 여러 구성원의 게놈이 맵핑 및 시퀀싱되어 있다. 폭스바이러스 벡터는 폭스바이러스과의 임의의 구성원, 특히 카나리폭스, 조류폭스 및 우두 바이러스로부터 수득될 수 있다. 적절한 우두 바이러스는 코페하겐 계통 (Goebel, et al., 1990, Virol. 179: 247-266; Johnson, et al., 1993, Virol. 196: 381-401), 와이어스 계통 및 변형 앙카라 (MVA) 계통 (Antoine, et al., 1998, Virol. 244: 365-396)을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 우두 바이러스 벡터를 구축하기 위한 일반적인 조건이 관련 기술분야에 공지되어 있다 (예를 들어, EP 83 286 및 EP 206 920; 문헌 [Mayr et al., 1975, Infection 3: 6-14]; [Sutter and Moss, 1992, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89: 10847-10851] 참조). 바람직하게는, 관심 폴리뉴클레오티드는 비-필수 유전자좌 예컨대 비-코딩 유전자간 영역 또는 불활성화 또는

결실이 바이러스 성장 및 복제를 유의하게 손상시키지 않는 임의의 유전자 내에 삽입된다.

[0198] 문헌에 기술된 바와 같이 폭스바이러스 입자가 제조된다 (문헌 [Piccini, et al., 1987, Methods of Enzymology 153: 545-563]; 미국 특허 번호 4,769,330; 미국 특허 번호 4,772,848; 미국 특허 번호 4,603,112; 미국 특허 번호 5,100,587 및 미국 특허 번호 5,179,993). 일반적으로, 공여자 플라스미드를 구축하고, 이. 콜라이(E. coli)에서의 성장에 의해 증폭시키고, 통상적인 절차에 의해 단리한다. 그 후, 이를 폭스바이러스 게놈과 함께 적절한 세포 배양물 (예를 들어, 닭 배아 섬유모세포) 내로 도입하여, 상동 재조합에 의해 폭스바이러스 입자가 생산된다. 이를 배양 상청액으로부터 또는 배양된 세포로부터 용해 단계 (예를 들어, 화학적 용해, 냉동/해동, 삼투압 쇼크, 초음파처리 등) 후에 회수할 수 있다. 연속적인 플라크 정제 라운드를 사용하여 오염성 야생형 바이러스를 제거할 수 있다. 그 후, 바이러스 입자를 관련 기술분야에 공지된 기술 (예를 들어, 염화세슘 또는 수크로스 구배 상에서의 초원심분리 또는 크로마토그래피 방법)을 사용하여 정제할 수 있다.

[0199] 천연두를 근절시키기 위한 세계적 캠페인에서 우두를 생 바이러스 백신으로서 사용하는 것으로 우두가 생 재조합 백신 벡터로서의 개발을 위한 명백한 선택이 되었다. 100개에 가까운 상이한 외래 단백질을 발현하는 생 재조합 우두 바이러스가 보고되었고, 이들 중 다수는 효과적인 실험 백신이다 (문헌 [Moss and Flexner, 1987]에서 리뷰됨). 우두는 이의 대형 게놈 크기, 적어도 25,000개의 염기쌍의 외래 DNA를 수용하는 용량, 및 곤충 세포를 포함하여 대부분의 진핵생물 세포 유형을 감염시키는 이의 능력으로 인해, 발현 벡터로서 특히 다재다능하다 (상기 문헌). 다른 DNA 바이러스와 달리, 폭스바이러스는 감염된 세포의 세포질에서 배타적으로 복제되어, 재조합 바이러스 DNA와 숙주 염색체의 유전자 교환의 가능성을 감소시킨다. 재조합 우두 벡터는 인간, 다른 포유동물, 기생충, RNA 및 DNA 바이러스, 박테리아 및 박테리오파지를 포함하는 다양한 공급원으로부터의 단백질을 올바르게 프로세싱 및 발현하는 것으로 나타났다.

[0200] 외래 단백질을 코딩하는 DNA의 발현은 상류 프로모터 서열을 포함하는 숙주 바이러스 조절 요소, 및 필요한 경우 RNA 프로세싱 신호에 의해 제어된다. 외래 DNA가 우두 바이러스 게놈의 비필수 영역 내로 삽입되는 것은 상동 재조합에 의해 수행되었다 (Panicali, et al., Proc. Nat'l. Acad. Sci, USA, 79: 4927, 1982; Mackett, et al., Proc. Nat'l. Acad. Sci. USA, 79: 7415, 1982).

[0201] 삽입 부위의 또는 삽입 부위 근처의 전사 조절 요소로 인해 또는 더욱 정확한 유전 공학에 의해, 개선된 LAMP 구축물에 의한 암 항원의 발현이 달성될 수 있다. 외래 유전자의 삽입 및 발현을 크게 촉진하는 플라스미드 벡터가 구축되었다 (Mackett, et al., J. Virol, 49: 857, 1982). 이러한 벡터는 우두 전사 프로모터 및 우두 게놈의 비필수 영역으로부터의 DNA가 플랭킹된 외래 코딩 서열의 삽입을 위한 하나 이상의 특유한 제한 엔도뉴클레아제 부위로 구성된 발현 부위를 함유한다. 프로모터의 선택이 발현의 시간 (예를 들어, 초기 또는 후기) 및 수준 둘 다를 결정하는 한편, 플랭킹 DNA 서열은 상동 재조합의 부위를 결정한다.

[0202] 이러한 절차에 의해 생산된 1000개의 바이러스 입자 중 약 1개만이 재조합체이다. DNA 혼성화에 의해 재조합 바이러스 플라크가 확인될 수 있지만, 효율적인 선택 절차가 개발되었다. 비필수적인 우두 바이러스 티미딘 키나제 (TK) 유전자의 절편을 플랭킹 서열로서 사용함으로써, 외래 유전자가 TK 유전자좌 내로 재조합되고, 삽입에 의해 TK 유전자를 불활성화시킨다. 5-브로모데옥시우리딘의 존재 하에 TK 세포에서 바이러스 플라크 검정법을 수행함으로써 TK 바이러스의 선택이 달성된다. 뉴클레오시드 유사체의 인산화 및 결과적인 바이러스 DNA 내로의 치사성 혼입이 TK+ 모체 바이러스로 감염된 세포에서만 발생한다. 형질감염 및 재조합의 효율에 따라, 최대 80의 플라크가 원하는 재조합체이고, 나머지는 자발적인 TK 돌연변이체이다.

[0203] 이. 콜라이 베타-갈락토시다제 유전자, 뿐만 아니라 제2 유전자에 대한 발현 부위를 함유하는 플라스미드 벡터는 재조합체를 모체 바이러스로부터 구별하는 대안적인 방법을 허용한다 (Chakrabarti, et al., Mol. Cell. Biol., 5: 3403, 1985). 이같은 재조합체에 의해 형성된 플라크는 적합한 지표물의 첨가 시에 형성되는 청색에 의해 양성으로 확인될 수 있다. TK 선택 및 베타-갈락토시다제 발현 양쪽을 조합함으로써, 재조합 바이러스가 쉽게, 그리고 신속하게 단리된다. 그 후, 재조합체를 적절한 세포주에서의 증식에 의해 증폭시키고, 삽입된 유전자의 발현을 적합한 효소학적, 면역학적 또는 물리적 절차에 의해 점검한다.

[0204] 우두 바이러스 게놈에 부가될 수 있는 유전 정보의 양의 상한은 아직 미지이다. 그러나, 거의 25,000개의 염기쌍의 외래 DNA의 부가가 바이러스 수율에 대한 명백한 해로운 효과가 없었다 (Smith, et al., Gene, 25:21, 1983). 필요하다면, 추가적인 용량을 제공하도록 우두 바이러스 게놈의 대형 절편이 결실될 수 있었다 (Moss, et al., J. Virol. 40: 387, 1981).

[0205] 바이러스 캡시드 분자가 표적화 및/또는 세포 내로의 진입을 촉진하기 위한 표적화 모이어티를 포함할 수 있다.

적절한 표적화 분자는 화학적 접합체, 지질, 당지질, 호르몬, 당, 중합체 (예를 들어 PEG, 폴리라이신, PEI 등), 펩티드, 폴리펩티드 (예를 들어, WO 94/40958 참조), 비타민, 항원, 렉틴, 항체 및 이의 단편을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 바람직하게는, 이같은 표적화 분자는 세포-특이적 마커, 조직-특이적 마커, 세포 수용체, 바이러스 항원, 항원성 에피토프 또는 종양-연관 마커를 인식하고 이에 결합한다.

[0206] 바이러스 입자를 기초로 하는 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 조성물은 10 내지 10^{14} i.u. (감염 단위), 바람직하게는 10 내지 10^{11} i.u.의 용량의 형태로 제형될 수 있다. 통상적인 기술에 의해 역가를 결정할 수 있다. LAMP 구축물의 용량은 바람직하게는 0.01 내지 10 mg/kg, 더욱 특히 0.1 내지 2 mg/kg으로 포함된다.

[0207] **자가-복제 RNA**

[0208] 본원에 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물을 사용하여 자가-복제 RNA 바이러스 벡터가 또한 구축될 수 있다. 예를 들어, 알파바이러스, 플라비바이러스, 홍역 바이러스 및 랍도바이러스가 자가-복제 RNA 바이러스 백신을 생성시키는데 사용될 수 있다. 자가-복제 RNA 바이러스의 바람직한 계통은 광견병 바이러스 (RABV), 소수포 구내염 바이러스 (VSV), 웨스트 나일 바이러스, 쿤진 바이러스, 셈리키 포레스트 바이러스 (SFV), 신드비스 바이러스 (SIN) 및/또는 베네수엘라 말 뇌염 바이러스 (VEE)를 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0209] 자가-복제 RNA 바이러스는 조직 내로의 전달 시 본래의 항원을 발현하고, 따라서 병원성으로 복귀하는 위험이 없으면서 생 약독화 백신을 모방한다. 이는 또한 선천 면역계를 자극하고, 따라서 반응을 강화시킨다. 예를 들어, 문헌 [Ljungberg, K. "Self-replicating alphavirus RNA vaccines," Expert Rev Vaccines (2):177-94 (2015)]; [Lundstrom, K., "Oncolytic Alphaviruses in Cancer Immunotherapy", Vaccines 5:9 (2017)]; [Lundstrom, K. "Replicon RNA Viral Vectors as Vaccines," Vaccines 4:39 (2016)]을 참조한다 (이에 의해 전문이 참조로 포함됨). 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 자가-복제 백신의 사용은 프라이밍-부스팅 프로토콜에서 또한 사용될 수 있다.

[0210] 또한, 전달 및 표적화를 개선하기 위해, 자가-복제 RNA 바이러스는, 본원에 기술된 바와 같이, 리포솜에 의해 캡슐화될 수도 있다. 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 자가-복제 RNA 바이러스로의 면역화는 더 높은 일시적인 발현 수준의 항원을 제공하여, 중화 항체 반응의 생성 및 안전한 조건 하에서의 치사성 챌린지에 대한 보호를 초래할 수 있다.

[0211] **세포-기반 전달 비히클**

[0212] 본 발명에 따른 개선된 LAMP 구축물은 구축물을 포함하는 다른 세포 ("전달 세포)에 의해 표적 세포로 전달될 수 있다. 세포 내로 구축물을 도입하는 방법이 관련 기술분야에 공지되어 있고, 세포의 핵 내로의 DNA의 미세주입 (Capechi, et al., 1980, Cell 22: 479-488); $CaPO_4$로의 형질감염 (Chen and Okayama, 1987, Mol. Cell Biol. 7: 2745 2752), 전기천공 (Chu, et al., 1987, 핵산 Res. 15: 1311-1326); 리포펙션/리포솜 융합 (Feigner, et al., 1987, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84: 7413-7417) 및 입자 포격 (Yang, et al., 1990, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87: 9568-9572)을 포함한다. 적절한 세포는 자가 및 비-자가 세포를 포함하고, 이계 세포를 포함할 수 있다. 전달 세포는 이의 사망을 유도함으로써 (예를 들어, 유도성 자살 유전자를 이러한 세포에 제공함으로써) 이의 내용물을 표적 세포로 전달하도록 유도될 수 있다.

[0213] **보조 분자**

[0214] 본 발명에 따른 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 조성물은 세포 내로의 개선된 LAMP 구축물의 도입을 용이하게 하기 위해 및/또는 특정한 치료 효과를 강화하고/하거나 항체 생산을 강화하기 위해 하나 이상의 보조 분자를 포함할 수 있다.

[0215] 추가적으로, 본 발명에 따른 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 조성물은 동물/인간 신체 내에서의 분해를 억제하고/하거나 표적 세포 내로의 벡터의 형질감염/감염을 개선하기 위해 하나 이상의 안정화 물질(들), 예컨대 지질, 뉴클레아제 억제제, 히드로겔, 히알루로니다제 (WO 98/53853), 콜라게나제, 중합체, 킬레이팅제 (EP 890362)를 포함할 수 있다. 이같은 물질들은 단독으로 또는 조합되어 (예를 들어, 양이온성 및 중성 지질) 사용될 수 있다.

[0216] 아데노바이러스 단백질이 엔도솜을 불안정화시킬 수 있고 세포 내로의 DNA의 흡수를 강화할 수 있는 것으로 또한 나타났다. 지질과 복합체를 형성한 DNA 벡터를 함유하는 용액에 아데노바이러스를 혼합하는 것 또는 단백질 가교제를 사용하여 아데노바이러스에 공유결합으로 부착된 폴리라이신에 DNA를 결합시키는 것이 개선된 LAMP 구

축물의 흡수 및 발현을 실질적으로 개선시킬 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Curiel, et al., 1992, Am. I. Respir. Cell. Mol. Biol. 6: 247-252] 참조).

[0217] **숙주 세포**

[0218] 본 발명에 따른 개선된 LAMP 구축물은 원핵생물 세포 (예를 들어, 이. 콜라이, 스타필로코쿠스(Staphylococcus) 종, 바실루스 종); 효모 세포 (예를 들어, 사카로마이세스 종); 곤충 세포; 선충류 세포; 식물 세포; 양서류 세포 (예를 들어, 제노푸스(Xenopus)); 조류 세포; 및 포유동물 세포 (예를 들어, 인간 세포, 마우스 세포, 포유동물 세포주, 1차 배양 포유동물 세포, 예컨대 절개 조직으로부터의 것)를 포함하나 이에 제한되지는 않는 다양한 숙주 세포에서 발현될 수 있다.

[0219] 분자는 생물로부터 단리된 숙주 세포, 생물의 일부분인 숙주 세포, 또는 생물 내로 도입되는 숙주 세포에서 발현될 수 있다. 한 측면에서, 개선된 LAMP 구축물은 시험관 내의, 예를 들어, 배양 중인 숙주 세포에서 발현된다. 또 따른 측면에서, 개선된 LAMP 구축물은 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 핵산을 포함하는 체세포 및/또는 생식계열 세포를 포함하는 트랜스제닉 생물 (예를 들어, 트랜스제닉 마우스, 래트, 토끼, 돼지, 영장류 등)에서 발현된다. 트랜스제닉 동물을 구축하는 방법이 관련 기술분야에 널리 공지되어 있고, 일상적이다.

[0220] 또한 개선된 LAMP 구축물이 시험관 내에서 세포 내로 도입될 수 있고, 세포 (예를 들어, 줄기 세포, 조혈 세포, 림프구 등)가 숙주 생물 내로 도입될 수 있다. 세포는 숙주 생물과 관련하여 이종성 또는 자가성일 수 있다. 예를 들어, 숙주 생물로부터 세포를 수득하고, 개선된 LAMP 구축물을 시험관 내에서 세포 내로 도입한 후, 숙주 생물 내로 세포를 재도입할 수 있다.

[0221] **항원 제시 세포**

[0222] 본 발명의 바람직한 측면에서, 본원에 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물은 천연 항원 제시 세포 또는 조작된 항원 제시 세포 내로 도입된다.

[0223] 본원에서 사용된 바와 같은 용어 "항원 제시 세포" (APC)는 주요 조직적합성 복합체 분자, 바람직하게는 클래스 II 분자, 또는 이의 일부분과 회합된 항원을 자신의 표면 상에 제시하는 임의의 세포를 의미한다. 적절한 APC의 예가 하기에서 상세하게 논의되고, 전체 세포 예컨대 대식세포, 수지상 세포, B 세포, 하이브리드 APC, 및 양자 항원 제시 세포를 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 하이브리드 APC를 제조하는 방법이 관련 기술분야에 기술 및 공지되어 있다.

[0224] 수지상 세포 (DC)는 강력한 항원-제시 세포이다. DC는 T 세포 활성화 및 증식에 필요한 모든 신호를 제공하는 것으로 나타났다. 이러한 신호는 2가지 유형으로 분류될 수 있다. 면역 반응에 특이성을 제공하는 제1 유형은 T-세포 수용체/CD3 ("TCR/CD3") 복합체와 APC의 표면 상의 주요 조직적합성 복합체 (상기 정의된 "MHC") 클래스 I 또는 II 단백질에 의해 제시되는 항원성 펩티드 사이의 상호작용을 통해 매개된다. 이러한 상호작용은 T 세포 활성화가 일어나는데 필수적이지만, 충분하지는 않다. 실제로, 제2 유형의 신호가 없으면, 제1 유형의 신호는 T 세포 아네르기를 초래할 수 있다. 공동-자극 신호로 칭해지는 제2 유형의 신호는 항원-특이적이거나 MHC-제한적이지 않고, 제1 유형의 신호의 존재 하에 T 세포의 완전한 증식 반응 및 T 세포 이펙터 기능의 유도에 이를 수 있다.

[0225] 여러 분자가 공동-자극 활성을 강화하는 것으로 나타났다. 이는 열 안정적 항원 (HSA), 콘드로이틴 술페이트-변형 MHC 불변 사슬 (Ii-CS), 세포내 부착 분자 I (ICAM-1), 및 APC의 표면 상의 B7 공동-자극 분자 및 T 세포 상의 이의 카운터-수용체 CD28 또는 CTLA-4를 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0226] 다른 중요한 공동-자극 분자는 CD40, CD54, CD80, CD86이다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "공동-자극 분자"는 T 세포의 표면 상의 TCR에 의해 결합된 펩티드/MHC 복합체와 함께 작용할 때 펩티드에 결합하는 T 세포의 활성화를 달성하는 공동-자극 효과를 제공하는 임의의 단일 분자 또는 분자 조합물을 포함한다. 따라서, 이러한 용어는 T 세포의 표면 상의 TCR이 펩티드에 특이적으로 결합할 때, 펩티드/MHC 복합체와 함께, 동족 리간드에 결합하여 T 세포의 활성화를 초래하는 B7, 또는 APC 상의 다른 공동-자극 분자(들), 이의 단편 (단독이거나, 또 다른 분자(들)과 복합체를 이루거나, 또는 융합 단백질의 일부분으로서임)을 포함한다. 예를 들어, 베크만 쿨터(Beckman Coulter)를 포함하여, 다양한 공급원으로부터 공동-자극 분자가 시판된다.

[0227] 본 발명의 한 측면에서, 문헌 [Romani et al., J. Immunol. Methods 196: 135-151, 1996], 및 [Bender et al., J. Immunol. Methods 196: 121-135, 1996]에 기술된 방법이 포유동물, 예컨대 뮤린, 시미안 또는 인간의 말초혈 단핵 세포 (PBMC)로부터 미성숙 및 성숙 수지상 세포 둘 다를 생성시키는데 사용된다. 간략하게, 단리된

PBMC를 면역자기 기술에 의해 T- 및 B-세포를 고갈시키도록 예비-처리한다. 그 후, 림프구-고갈 PBMC를 인간 혈장 (바람직하게는 자가 혈장) 및 GM-CSF/IL-4가 보충된 RPMI 배지에서 (예를 들어, 약 7일 동안) 배양하여 수지상 세포를 생성시킨다. 수지상 세포는 이의 단핵구 전구체에 비교했을 때 비-부착성이다. 따라서, 대략 제7일에, 비-부착성 세포를 추가 프로세싱을 위해 수확한다.

[0228] GM-CSF 및 IL-4의 존재 하에 PBMC로부터 유래된 수지상 세포는 비-부착성 성질을 상실할 수 있고 시토카인 자극이 배양물로부터 제거되면 대식세포로 되돌아갈 수 있다는 점에서 미성숙이다. 미성숙 상태의 수지상 세포는 천연 단백질 항원을 MHC 클래스 II 제한 경로용으로 프로세싱하는데 매우 효과적이다 (Romani, et al., J. Exp. Med. 169:1169, 1989). 필요한 성숙 인자를 함유하는 대식세포-컨디셔닝 배지 (CM)에서 3일 동안 배양함으로써, 배양된 수지상 세포의 추가 성숙이 달성된다. 성숙된 수지상 세포는 제시용으로 새로운 단백질을 포획하는 능력이 떨어지지만, 휴지 중인 T 세포 (CD4 및 CD8 둘 다)를 자극하여 성장 및 분화시키는 것에서 훨씬 더 양호하다.

[0229] 성숙한 수지상 세포는 형태의 변화, 예컨대 더욱 운동성인 세포질 프로세스에 의해; 이의 비-부착성에 의해; CD83, CD68, HLA-DR 또는 CD86 마커 중 적어도 하나의 발현에 의해; 또는 Fc 수용체 예컨대 CD 115의 상실에 의해 확인될 수 있다 (문헌 [Steinman, Annu. Rev. Immunol. 9: 271, 1991]에서 리뷰됨). 전형적인 세포형광 사진법 및 세포 분류 기술 및 장치, 예컨대 FACScan 및 FACStar를 사용하여 성숙한 수지상 세포를 수집 및 분석할 수 있다. 유동 세포측정법에 사용되는 1차 항체는 성숙한 수지상 세포의 세포 표면 항원에 대해 특이적인 것이고, 시판된다. 2차 항체는 비오틴화 Ig에 이어지는 FITC- 또는 PE-접합 스트렙타비딘일 수 있다.

[0230] 대안적으로, 수지상 세포를 상향조절 (활성화)시키고 단핵구를 활성화된 수지상 세포 포현형으로 전환시키는 방법이 보고되었다. 이러한 방법은 배양 배지로의 칼슘 이온운반체 첨가가 단핵구를 활성화된 수지상 세포로 전환시키는 것을 수반한다. 예를 들어, 24-48시간 배양 기간의 초기에, 칼슘 21 이온운반체 A23187을 첨가하는 것이 풀링된 "단핵구 플러스 DC" 분획의 균일한 활성화 및 수지상 세포 표현형 전환을 초래하였다: 특징적으로, 활성화된 집단이 균일하게 CD 14 (Leu M3) 음성이 되고, HLA-DR, HLA-DQ, ICAM-1,137.1, 및 137.2를 상향조절한다. 또한, 이러한 활성화된 벌크 집단이 추가 정제물로서 소수 기반으로도 기능한다. 시토카인의 특정한 조합물(들)이 칼슘 이온운반체로 달성된 활성화/전환을 증폭시키는데 (또는 부분적으로 이를 대체하는데) 성공적으로 사용되었다: 이러한 시토카인은 G-CSF, GM-CSF, IL-2, 및 IL-4를 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 단독으로 제공되었을 때의 각각의 시토카인은 최적의 상향조절에 부적합하다.

[0231] APC를 단리하기 위한 두번째 접근법은 혈액에서 이미 순환 중인 비교적 많은 수의 예비수임 APC를 수집하는 것이다. 인간 말초혈로부터 수임 APC를 단리하기 위한 이전 기술은 물리적 절차 예컨대 메트리즈아미드 구배 및 부착/비-부착 단계 (Freudenthal et al. PNAS 87: 7698-7702, 1990); 퍼콜(Percoll) 구배 분리 (Mehta-Damani, et al., J. Immunol. 153: 996-1003, 1994); 및 형광 활성화 세포 분류 기술 (Thomas et al., J. Immunol. 151: 6840-52, 1993)의 조합을 수반하였다.

[0232] 전문 항원 제시 세포 (또는 이의 전구체)를 단리하기 위한 다수의 다른 방법이 관련 기술분야에서 일상적이고, 이같은 방법 및 개발될 수 있는 다른 방법은 비제한적이고, 본 발명의 범주 내에 포함된다.

[0233] 한 실시양태에서, APC, 및 따라서 하나 이상의 항원을 제시하는 세포는 자가성이다. 또 다른 실시양태에서, 항원을 제시하는 APC는 동종이계이고, 즉, 상이한 대상체로부터 유래된다.

[0234] 본원에서 논의된 바와 같이, 개선된 LAMP 구축물은 상기 기술된 방법, 또는 형질감염, 전기천공, 융합, 미세주입, 바이러스-기반 전달 또는 세포 기반 전달을 포함하나 이에 제한되지는 않는 관련 기술분야에 공지된 다른 방법을 사용하여 APC 내로 도입될 수 있다. 문헌 [Arthur et al., Cancer Gene Therapy 4(1): 17-25, 1997]은 인간 수지상 세포에서의 유전자 전달 방법의 비교를 보고한다.

[0235] 공지된 부분적 추정 인간 백혈구 항원 (HLA), 인간 MHC에 대한 유전자 명칭, 아미노산 및 뉴클레오티드 서열 (컨센서스 서열 포함)이 공개되어 있고 (예를 들어, 문헌 [Zemmour and Parham, Immunogenetics 33: 310-320, 1991] 참조), HLA 변이체를 발현하는 세포주가 또한 공지되어 있고, 일반적으로 입수가능하며, 아메리칸 타입 컬처 컬렉션 ("ATCC")로부터 다수가 입수가능하다. 따라서, PCR을 사용하여, MHC 클래스 II-코딩 뉴클레오티드 서열이 쉽게 본 발명의 발현 벡터에 작동가능하게 연결되고, 그 후 이를 세포 내에서의 발현에 적합한 세포를 형질전환시키는데 사용한다.

[0236] 전문 APC, 예컨대 대식세포, B 세포, 단핵구, 수지상 세포, 및 랑게르한스 세포를 사용할 수 있다. 이들은 표준 절차 (Coligan, et al., Current Protocols in Immunology, sections 3 and 14, 1994)를 사용하여 1) 자가

공여자; 2) 치료될 숙주와 상이한 HLA 특이성을 갖는 이종성 공여자; 또는 3) 상이한 종의 이계 공여자의 혈액 또는 조직으로부터 수집된다. 세포는 정상 숙주 또는 감염성 질환, 암, 자가면역 질환 또는 알레르기 환자로부터 단리될 수 있다.

[0237] 백혈구성분채집술 및 "FICOLL/HYPAQUE" 밀도 구배 원심분리 (피콜 및 불연속 퍼콜 밀도 구배를 통해 단계적 원심분리)를 사용하여 말초혈로부터 전문 APC를 수득할 수 있다. APC에 의해 내재화되어 관심 항원에 대해 특이적이지 않은 T 세포의 활성화에 이를 수 있는 항원에 대한 APC의 노출을 피하는 절차가 사용된다.

[0238] 천연적으로 항원을 제시하지 않는 세포가 적합한 분자를 코딩하는 서열을 도입하는 것에 의해 항원 제시이도록 조작될 수 있다. 예를 들어, MHC 클래스 II 분자, 보조 분자, 공동-자극 분자 및 항원 프로세싱 보조 분자를 코딩하는 핵산 서열이 직접적인 합성, 클로닝, 이같은 유전자를 세포로부터의 DNA의 정제 등 후에 도입될 수 있다. 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물 및 방법에서 사용되는 분자를 코딩하기 위한 유전자를 수득하는 한 편리한 수단은 선택된 올리고뉴클레오티드 프라이머 쌍으로의 선택된 핵산 주형 상에서의 중합효소 연쇄 반응 (PCR) 증폭에 의한 것이다. 예를 들어, 상피 세포, 내피 세포, 종양 세포, 섬유모세포, 활성화된 T 세포, 호산구, 각질세포, 성상세포, 미세아교 세포, 흉선 피질 상피 세포, 슈반 세포, 망막 색소 상피 세포, 근육모세포, 혈관 평활근 세포, 연골 세포, 장세포 , 갑상선 세포 및 신장 세관 세포가 사용될 수 있다. 이들은 최근에 숙주로부터 외식되고 확립된 세포주를 형성하도록 세포 배양에서 광범위하게 계대되지 않은 1차 세포, 또는 비교적 균질하고 다수의 세대 동안 또는 무한적으로 증식될 수 있는 확립된 세포주일 수 있다.

[0239] 전문 APC가 아닌 세포가 다양한 분리 기술을 사용하여 이들이 거주하는 자가 공여자; 이종 공여자 또는 이계 공여자의 임의의 조직으로부터 단리된다 (Darling, Animal Cells: Culture and Media. J. Wiley, New York, 1994; Freshney, Culture of Animal Cells. Alan R. Liss, Inc., New York, 1987). 비-자가 세포, 예를 들어, 이종 또는 이계 세포가 공지된 인간 HLA 특이성에 매칭되는 HLA 클래스 I 및 클래스 II 분자를 발현하도록 생체 외에서 조작될 수 있다. 그 후, 이러한 세포가 조작된 세포의 HLA 특이성과 매칭되는 인간 대상체 내로 도입될 수 있다. 세포는 하나 이상의 본 발명에 따른 LAMP 구축물을 발현하도록 생체 외에서 추가로 조작된다.

[0240] 조작된 세포는 표준 세포 배양 방법에 의해 세포 배양물에서 유지된다 (Darling, Animal Cells: Culture and Media". J. Wiley, New York, 1994; Freshney, Culture of Animal Cells". Alan R. Liss, Inc., New York, 1987). 본 발명에서 사용하기 위한 세포주는 다양한 공급원으로부터 수득되거나 (예를 들어, 문헌 [ATCC Catalogue of Cell Lines & Hybidomas, American Type Culture Collection, 8th edition, 1995]), 또는 표준 방법을 사용하여 생산된다 (Freshney, Culture of Immortalized Cells, Wiley-Liss, New York, 1996). 형질전환되지 않은 세포주가 인간 대상체에서 사용하기에 바람직하다.

[0241] 한 측면에서, GM-CSF의 영향 하에 수지상 세포로 분화 중인 CD34+ 전구체가 대상체의 신체로부터 수득되고, 본 발명에 따른 LAMP 구축물을 코딩하는 핵산이 세포 내로 도입된 후, 세포가 대상체 내로 주사된다. 본원에 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물을 이용하는 것은 특정 항원으로부터 유래된 펩티드와 형질도입된 항원 제시 세포 상의 MHC 클래스 II 분자의 회합을 강화하여, 유의하게 더 강력한 전신 T 세포 의존적 면역 반응 및/또는 항체 생산을 초래할 것이다. 이러한 전략에서 형질감염된 항원 제시 세포는 바람직하게는 자가 세포이지만, 숙주에서 효과적으로 항원을 제시하는 임의의 MHC 클래스 II 세포가 상기 기술된 바와 같이 사용될 수 있다.

[0242] **펩티드 백신**

[0243] 개선된 LAMP 구축물에 의해 코딩되는 펩티드 백신 또한 본 발명의 범주 내이다. 바람직하게는, 면역 반응을 조정할 수 있는 MHC 클래스 II 분자에 결합된 에피토프가 생성되도록 구획/소기관 (또는 전달되는 후속 구획/소기관) 내에서 항원이 프로세싱된다.

[0244] 개선된 LAMP 구축물에 의해 코딩되는 펩티드 백신은 생물의 신체로 투여되는 것을 용이하게 하기 위해 막 구조 내에 결합될 수도 있다. 예를 들어, 미국 특허 번호 4,448,765에 기술된 바와 같이, 개선된 LAMP 구축물에 의해 코딩되는 펩티드 백신은 리포솜 내로 혼입될 수 있다.

[0245] 단백질 또는 폴리펩티드가 면역원으로서 사용될 경우, 이는 재조합 세포 내에서 임의의 하나 이상의 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물의 발현에 의해 생산될 수 있거나, 또는 화학적 합성에 의해 제조될 수 있다. 예를 들어, 메리필드(Merrifield) 기술 (Journal of American Chemical Society, vol. 85, pp. 2149-2154, 1968)을 사용할 수 있다.

[0246] **LAMP 구축물을 사용하여 항체를 생산하는 방법**

[0247] 폴리뉴클레오티드로서의 개선된 LAMP 구축물, 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 단백질, 및/또는 세포 (예컨대 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 발현하는 항원 제시 세포)가 통상의 기술자에게 널리 공지된 방법, 예를 들어, 관련 기술 분야에 기술된 방법에 의해 항체를 생성시키는데 사용될 수 있다. 예를 들어, 상기 문헌 [Sutcliffe et al.]; 상기 문헌 [Wilson et al.]; 문헌 [Chow et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82:910-914 (1985)]; 및 [Bittle et al., J. Gen. Virol. 66:2347-2354 (1985)]을 참조한다. 생체내 면역화가 사용되는 경우, 개선된 LAMP 구축물에 의해 코딩되는 단백질 및/또는 본원에 기술된 바와 같은 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 폴리뉴클레오티드로 동물이 면역화될 수 있다. 폴리뉴클레오티드로서의 개선된 LAMP 구축물, 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 단백질, 및/또는 세포 (예컨대 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 발현하는 항원 제시 세포)로 프라이밍한 후 항원으로 부스팅하는 것이 본 발명의 바람직한 실시양태이다. 추가의 바람직한 실시양태에서, 본원에 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물로 프라이밍한 후 항원으로 부스팅하는 것이 특히 구상되고, 특히 항체 레퍼토리의 관점 다양성 및 역가 면에서, 더욱 강건한 면역 반응을 생성시키는데 사용될 수 있다.

[0248] 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물이 항체를 생성시키도록 비-인간 척추동물 내로 주사될 수 있다. LAMP 구축물의 제조 및 비-인간 척추동물 내로의 주사는 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 공지되어 있는 동물 면역화의 원리에 따라 달성될 수 있다.

[0249] 개선된 LAMP 구축물을 사용하여 효과적으로 항원을 제시하는 것은, 한 측면에서, 세포내이입 및 엔도솜과 리소솜의 융합 후 항원이 항원 제시 세포에서 LAMP에 의해 프로세싱되는 것을 수반한다. 그 후, 엔도솜이 클래스 II MHC 분자를 함유하는 골지체로부터의 세포외배출 소포와 병합되고, 상기 분자에 생성된 펩티드가 결합한다. 그 후, MHC-펩티드 복합체가 항원이 CD4+ T 세포를 디스플레이하도록 이용가능한 형질 막으로 트래피킹된다.

[0250] 동물 예컨대 토끼, 래트, 마우스, 라마, 낙타 및/또는 소를 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물 및/또는 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드로 면역화시킬 수 있다. 면역화에 적절한 추가적인 동물은 비-인간 포유동물, 예컨대 설치류 (예를 들어, 기니피그, 햄스터, 래트, 마우스), 뮤린 (예를 들어, 마우스), 갯과동물 (예를 들어, 개), 고양잇과동물 (예를 들어, 고양이), 말과동물 (예를 들어, 말), 영장류, 시미안 (예를 들어, 원숭이 또는 유인원), 원숭이 (예를 들어 명주원숭이, 개코원숭이, 붉은털원숭이), 유인원 (예를 들어 고릴라, 침팬지, 오랑우탄, 긴팔원숭이)을 포함한다.

[0251] 예를 들어, 약 100 마이크로그램의 항원 또는 담체 단백질을 포함하는 개선된 LAMP 구축물 및 프로인트 아주반트 또는 면역 반응을 자극하는 것으로 공지된 임의의 기타 아주반트를 함유하는 에멀션의 복막내 및/또는 피내 주사를 사용할 수 있다. 유용한 역가의 항-항원 항체를 제공하도록, 예를 들어, 약 2주의 간격으로, 수회의 부스터 주사 (예컨대 재조합 항원 단백질로의 주사)가 필요할 수 있고, 상기 역가는, 예를 들어, 고체 표면에서 직접적으로 또는 간접적으로 (예를 들어, 비오틴화 AviTag를 통해) 흡착된 유리 항원을 사용하는 ELISA 검정법에 의해 검출될 수 있다. 항-항체의 선택에 의해, 예를 들어, 관련 기술분야에 널리 공지되어 있는 방법에 따라 항원을 고체 지지체 상에 흡착시키고 선택된 항체를 용출시키는 것에 의해, 면역화된 동물로부터의 혈청 내의 항-항원 항체의 역가가 증가될 수 있다.

[0252] 대안적으로, 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드가 동물 내로 직접적으로 도입될 수도 있다. 예를 들어, 미국 특허 번호 5,676,954; 6,875,748; 5,661,133; 문헌 [Sahin et al., Nat Rev Drug Discov, 2014 Oct;13(10):759-80]; [Kariko et al., Mol Ther, 2008 Nov;16(11):1833-40]; [Kariko et al., Nucleic Acid Res, 2011, Nov;39(21):e142]; 미국 특허 번호 6,511,832를 참조한다. 한 예에서, 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물이 비-인간 척추동물 내로 직접적으로 주사된다. 동물 내로의 주사는 근육내, 피내, 비강내, 피하, 정맥내, 기관내, 및 경막내 전달을 통해 일어날 수 있다. 재조합 항원으로의 후속 부스팅이 항체 생성에 또한 포함될 수 있다.

[0253] 추가적으로, 개시된 방법에 의해 생성된 항체가 디스플레이 기술, 예를 들어, 파지 디스플레이, 효모 디스플레이 또는 리보솜 디스플레이를 사용하여 친화력 성숙될 수 있다. 한 예에서, 파지 입자의 표면 상에 디스플레이된 단일쇄 항체 분자 ("scFv")를 스크리닝하여 항원 및/또는 출발 단백질에 면역특이적으로 결합하는 scFv를 확인한다. 본 발명은 항원 및/또는 출발 단백질에 면역특이적으로 결합하는 것으로 확인된 scFv 및 이의 일부분들 다를 포함한다. 예를 들어, scFv의 VH 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 불변 도메인 서열을 함유하고 이뮤노글로불린 분자의 발현을 지시하도록 조작된 발현 벡터 내로 삽입함으로써 이같은 scFv가

일상적으로 이뮤노글로불린 분자로 "전환"될 수 있다.

[0254] 본 발명의 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물 및/또는 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 사용하는 생성된 항체 (항체 단편 또는 이의 변이체 (예를 들어, 본 발명의 항체 또는 이의 일부분 또는 본 발명의 단일쇄 항체의 중쇄 또는 경쇄)를 포함하거나 또는 대안적으로 이로 이루어지는 scFv 및 다른 분자를 포함함)의 재조합 발현은 항체 또는 단편 또는 이의 변이체를 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 함유하는 발현 벡터(들)의 구축을 필요로 한다. 본 발명의 항체 분자 (예를 들어, 전체 항체, 항체의 중쇄 또는 경쇄, 또는 이의 변이체 또는 일부분 (바람직하게는 중쇄 또는 경쇄 가변 도메인을 함유하지만 필수적이지는 않음))를 코딩하는 폴리뉴클레오티드가 수득되었으면, 항체 분자의 생산을 위한 벡터(들)가 관련 기술분야에 널리 공지된 기술을 사용하여 재조합 DNA 기술에 의해 생산될 수 있다. 따라서, 항체 코딩 뉴클레오티드 서열을 함유하는 폴리뉴클레오티드의 발현에 의해 항체를 제조하는 방법이 본원에서 기술된다. 관련 기술분야의 기술자에게 널리 공지되어 있는 방법을 사용하여, 항체 코딩 서열 및 적합한 전사 및 번역 제어 신호를 함유하는 발현 벡터를 구축할 수 있다. 이러한 방법은, 예를 들어, 시험관내 재조합 DNA 기술, 합성 기술, 및 생체내 유전자 재조합을 포함하고, 본원에서 기술된다. 따라서, 본 발명은 프로모터에 작동가능하게 연결된, 본원에 기술된 바와 같이 수득 및 단리된 항-항원 항체 (예를 들어, 전체 항체, 항체의 중쇄 또는 경쇄, 항체 또는 이의 일부분의 중쇄 또는 경쇄 가변 도메인, 또는 중쇄 또는 경쇄 CDR, 단일쇄 Fv, 또는 이의 단편 또는 변이체)를 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 복제가능한 벡터를 제공한다. 이같은 벡터는 항체 분자의 불변 영역을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함할 수 있고 (예를 들어, PCT 공개 WO 86/05807; PCT 공개 WO 89/01036; 및 미국 특허 번호 5,122,464 참조), 전체 중쇄, 전체 경쇄, 또는 전체 중쇄 및 경쇄 둘 다의 발현을 위해 항체의 가변 도메인이 이같은 벡터 내로 클로닝될 수 있다.

[0255] 발현 벡터(들)가 통상적인 기술에 의해 숙주 세포로 전달될 수 있고, 그 후 형질감염된 세포가 통상적인 기술에 의해 배양되어 항-항원 항체가 생산된다. 따라서, 본 발명은 이종성 프로모터에 작동가능하게 연결된, 항-항원 항체 (예를 들어, 전체 항체, 이의 중쇄 또는 경쇄, 또는 이의 일부분, 또는 본 발명의 단일쇄 항체, 또는 이의 단편 또는 변이체)를 코딩하는 폴리뉴클레오티드(들)를 함유하는 숙주 세포를 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 전체 항체 분자의 발현을 위해, 하기에 상술된 바와 같이, 중쇄 및 경쇄 둘 다를 코딩하는 벡터들이 전체 이뮤노글로불린 분자의 발현을 위해 숙주 세포에서 공동-발현될 수 있다.

[0256] 다양한 숙주-발현 벡터 시스템이 항-항원 항체를 발현하는데 사용될 수 있다. 이같은 숙주-발현 시스템은 관심 코딩 서열이 생산되고 이어서 정제될 수 있는 비히클을 나타내지만, 적합한 뉴클레오티드 코딩 서열로 형질전환 또는 형질감염되었을 때 항-항원 항체를 발현할 수 있는 세포를 또한 나타낸다. 이는 서열을 함유하는 재조합 박테리오파지 DNA, 플라스미드 DNA 또는 코스미드 DNA 발현 벡터로 형질전환된 미생물 예컨대 박테리아 (예를 들어, 이. 콜라이, 비. 서브틸리스(B. subtilis)); 코딩 서열을 함유하는 재조합 효모 발현 벡터로 형질전환된 효모 (예를 들어, 사카로마이세스, 피키아); 코딩 서열을 함유하는 재조합 바이러스 발현 벡터 (예를 들어, 바큘로바이러스)로 감염된 곤충 세포 시스템; 코딩 서열을 함유하는 재조합 플라스미드 발현 벡터 (예를 들어, Ti 플라스미드)로 형질전환되거나 또는 재조합 바이러스 발현 벡터 (예를 들어, 컬리플라워 모자이크 바이러스, CaMV; 담배 모자이크 바이러스, TMV)로 감염된 식물 세포 시스템; 또는 포유동물 세포의 게놈으로부터 유래된 프로모터 (예를 들어, 메탈로티오네인 프로모터) 또는 포유동물 바이러스로부터 유래된 프로모터 (예를 들어, 아데노바이러스 후기 프로모터; 우두 바이러스 7.5K 프로모터)를 함유하는 재조합 발현 구축물을 보유하는 포유동물 세포 시스템 (예를 들어, COS, CHO, BHK, 293, 3T3 세포)을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 바람직하게는, 박테리아 세포 예컨대 에스케리키아 콜라이(Escherichia coli), 더욱 바람직하게는, 진핵생물 세포가 항-항원 항체의 발현에 사용된다. 예를 들어, 인간 사이토메갈로바이러스로부터의 주요 중초기 유전자 프로모터 요소와 같은 벡터와 연계된 포유동물 세포 예컨대 차이니즈 햄스터 난소 세포 (CHO)가 효과적인 발현 시스템이다 (Foecking et al., Gene 45:101 (1986); Cockett et al., Bio/Technology 8:2 (1990)).

[0257] 박테리아 시스템에서, 의도되는 용도에 따라 다수의 발현 벡터가 유리하게 선택될 수 있다. 예를 들어, (항체 생산 또는 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드를 위해) 다량의 단백질이 생산되어야 하는 경우, 쉽게 정제되는 융합 단백질 생성물이 높은 수준으로 발현되게 지시하는 벡터가 바람직할 수 있다. 이같은 벡터는 코딩 서열이 융합 단백질이 생산되도록 lac Z 코딩 영역과 인-프레임으로 벡터 내로 개별적으로 결찰될 수 있는 이. 콜라이 발현 벡터 pUR278 (Ruther et al., EMBO 1. 2:1791 (1983)); pIN 벡터 (Inouye & Inouye, Nucleic Acids Res. 13:3101-3109 (1985); Van Heeke & Schuster, J. Biol. Chem. 24:5503-5509 (1989))등을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. pGEX 벡터 또한 글루타티온 5-트랜스퍼라제 (GST)와의 융합 단백질로서 외래 폴리펩티드를 발현하는데 사용될 수 있다. 일반적으로, 이같은 융합 단백질은 가용성이고, 흡착 및 매트릭스 글루타

티온-아가로스 비드에 결합하는 것에 이어지는 유리 글루타티온의 존재 하에서의 용출에 의해, 용해된 세포로부터 쉽게 정제될 수 있다. pGEX 벡터는 클로닝된 표적 유전자 생성물이 GST 모이어티로부터 방출될 수 있도록 트롬빈 또는 Xa 인자 프로테아제 절단 부위를 포함하도록 디자인된다.

[0258] 곤충 시스템에서, 오토그라파 캘리포니아(Autographa californica) 핵 다면체형성 바이러스 (AcNPV)가 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체를 발현하도록 벡터로서 사용된다. 이러한 바이러스는 스포돕테라 프루기페르다(Spodoptera frugiperda) 세포에서 성장한다. 코딩 서열이 바이러스의 비-필수 영역 (예를 들어, 폴리헤드린 유전자) 내로 개별적으로 클로닝될 수 있고, AcNPV 프로모터 (예를 들어, 폴리헤드린 프로모터)의 제어 하에 놓일 수 있다.

[0259] 포유동물 숙주 세포에서, 다수의 바이러스-기반 발현 시스템이 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체를 발현하도록 사용될 수 있다. 아데노바이러스가 발현 벡터로서 사용되는 경우, 관심 코딩 서열이 아데노바이러스 전사/번역 제어 복합체, 예를 들어, 후기 프로모터 및 3부 리더 서열에 결찰될 수 있다. 그 후, 이러한 키메라 유전자가 시험관내 또는 생체내 재조합에 의해 아데노바이러스 게놈에 삽입될 수 있다.

[0260] 바이러스 게놈의 비-필수 영역 (예를 들어, 영역 E1 또는 E3) 내의 삽입은 생육성이고, 감염된 숙주에서 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체를 발현할 수 있는 재조합 바이러스를 초래할 것이다 (예를 들어, 문헌 [Logan & Shenk, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 8 1:355-359 (1984)] 참조).

[0261] 삽입된 코딩 서열의 효율적인 번역을 위해 특이적인 개시 신호가 또한 필요할 수 있다. 이러한 신호는 ATG 개시 코돈 및 인접한 서열을 포함한다. 또한, 이러한 개시 코돈은 전체 삽입물의 번역을 확실히 하기 위해 원하는 코딩 서열의 리딩 프레임과 동위 상에 있어야 한다. 이러한 외인성 번역 제어 신호 및 개시 코돈은 천연 및 합성 둘 다로 기원이 다양할 수 있다. 적합한 전사 인핸서 요소, 전사 종결인자 등의 포함에 의해 발현 효율이 강화될 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Bittner et al., Methods in Enzymol. 153:51-544 (1987)] 참조).

[0262] 추가적으로, 삽입된 서열의 발현을 조정하거나 또는 원하는 특정 방식으로 유전자 생성물을 변형시키고 프로세싱하는 숙주 세포 균주가 선택될 수 있다. 단백질 생성물의 이같은 변형 (예를 들어, 글리코실화) 및 프로세싱 (예를 들어, 절단)이 단백질의 기능에 중요할 수 있다. 상이한 숙주 세포들이 단백질 및 유전자 생성물의 번역후 프로세싱 및 변형을 위한 특징적이고 특이적인 메커니즘을 갖는다. 발현되는 외래 단백질의 정확한 변형 및 프로세싱을 확실히 하도록 적합한 세포주 또는 숙주 시스템이 선택될 수 있고, 이를 위해, 유전자 생성물의 1차 전사체의 올바른 프로세싱, 글리코실화, 및 인산화를 위한 세포 기구를 보유하는 진핵생물 숙주 세포가 사용될 수 있다. 이같은 포유동물 숙주 세포는 CHO, VERY, BHK, Hela, COS, NSO, MDCK, 293, 3T3, W138, 특히 유방암 세포주, 예를 들어, BT483, Hs578T, HTB2, BT20 및 T47D, 및 정상적인 유선 세포주, 예를 들어, CRL7030 및 HsS78Bst를 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0263] 재조합 단백질의 장기적인 고수율 생산을 위해, 안정적인 발현이 바람직하다. 예를 들어, 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체를 안정적으로 발현하는 세포주가 조작될 수 있다. 바이러스성 복제 기원을 함유하는 발현 벡터를 사용하기보다는, 숙주 세포가 적합한 발현 제어 요소 (예를 들어, 프로모터, 인핸서, 서열, 전사 종결인자, 폴리아데닐화 부위 등)에 의해 제어되는 폴리뉴클레오티드 및 선택가능한 마커로 형질전환될 수 있다. 외래 폴리뉴클레오티드의 도입 후, 조작된 세포를 1-2일 동안 강화 배지에서 성장하게 허용할 수 있고, 그 후 선택 매질로 전환한다. 재조합 플라스미드 내의 선택가능한 마커는 선택에 대한 저항성을 부여하고, 세포가 플라스미드를 자신의 염색체 내로 안정적으로 통합하여 포커스를 형성하도록 성장하게 허용하며, 차례로 이러한 포커스가 클로닝되어 세포주로 확장될 수 있다. 이러한 방법은 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체를 발현하는 세포주를 조작하는데 유리하게 사용될 수 있다.

[0264] 각각 tk-, hgprt- 또는 aprt- 세포에서 사용될 수 있는 헤르페스 심플렉스 바이러스 티미딘 키나제 (Wigler et al., Cell 11:223 (1977)), 하이포크산틴구아닌 포스포리보실트랜스퍼라제 (Szybalska & Szybalski, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 48:202 (1992)), 및 아데닌 포스포리보실트랜스퍼라제 (Lowy et al., Cell 22:8 17 (1980)) 유전자를 포함하나 이에 제한되지는 않는 다수의 선택 시스템이 사용될 수 있다. 또한, 항대사물질 저항성이 하기 유전자에 대한 선택의 기초로서 사용될 수 있다: 메토트렉세이트에 대한 저항성을 부여하는 dhfr (Wigler et al., Natl. Acad. Sci. USA 77:357 (1980); O'Hare et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 78:1527 (1981)); 미코페놀산에 대한 저항성을 부여하는 gpt (Mulligan & Berg, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 78:2072 (1981)); 아미노글리코시드 G-418에 대한 저항성을 부여하는 neo (문헌 [Goldspiel et al., Clinical Pharmacy, 12: 488-505 (1993)]; [Wu and Wu, Biotherapy 3:87-95 (1991)]; [Tolstoshev, Ann. Rev. Pharmacol. Toxicol. 32:573-596 (1993)]; [Mulligan, Science 260:926-932 (1993)]; 및 [Morgan and

Anderson, Ann. Rev. Biochem. 62: 191-217 (1993)]; [TIB TECH 11(5):155-2 15 (May; 1993)]); 및 히그로마이신에 대한 저항성을 부여하는 hygro (Santerre et al., Gene 30:147 (1984)). 재조합 DNA 기술 분야에 통상적으로 공지되어 있는 방법이 원하는 재조합 클론을 선택하는데 일상적으로 적용될 수 있고, 예를 들어, 이같은 방법이 문헌 [Ausubel et al. (eds.), Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, NY (1993)]; [Kriegler, Gene Transfer and Expression, A Laboratory Manual, Stockton Press, NY (1990)]; 및 [Chapters 12 and 13, Dracopoli et al. (eds), Current Protocols in Human Genetics, John Wiley & Sons, NY (1994)]; [Colberre-Garapin et al., J. Mol. Biol. 150:1 (1981)]에 기술되어 있다.

[0265] 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체의 발현 수준이 벡터 증폭에 의해 증가될 수 있다 (리뷰를 위해, 문헌 [Bebbington and Hentschel, *The Use Of Vectors Based On Gene Amplification For The Expression Of Cloned Genes In Mammalian Cells In DNA Cloning*, Vol.3. (Academic Press, New York, 1987)] 참조). 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체를 발현하는 벡터 시스템 내의 마커가 증폭 가능한 경우, 숙주 세포 배양물 내에 존재하는 억제제 수준의 증가가 마커 유전자의 카피수를 증가시킬 것이다. 증폭된 영역이 코딩 서열과 연관되기 때문에, 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체 발현물의 생산 또한 증가될 것이다 (Crouse et al., Mol. Cell. Biol. 3:257 (1983)).

[0266] 벡터 서열 내에 포함될 수 있는 다른 요소는 이종성 신호 펩티드 (분비 신호), 막 고정 서열, 인트론, 대안적인 스플라이스 부위, 번역 시작 및 정지 신호, 인테인, 비오틴화 부위 및 번역 후 변형을 촉진하는 기타 부위, 정제 태그, 다른 단백질 또는 펩티드에 대한 융합물을 코딩하는 서열, 내부 리보솜 진입 부위에 의해 분리된 별개의 코딩 영역, "마커" 단백질 (예를 들어, 선택가능성 (예를 들어, 항생제 저항성) 또는 분류가능성 (예를 들어, 형광)을 부여함)을 코딩하는 서열, 변형된 뉴클레오티드, 및 다른 공지된 폴리뉴클레오티드 시스-작용 특색물을 포함하지만, 이러한 예에 제한되지 않는다.

[0267] 숙주 세포는 2개의 본 발명의 발현 벡터, 예를 들어, 중쇄 유래 폴리펩티드를 코딩하는 제1 벡터 및 경쇄 유래 폴리펩티드를 코딩하는 제2 벡터로 공동-형질감염될 수 있다. 2개의 벡터는 중쇄 및 경쇄 폴리펩티드의 동일한 발현을 가능하게 하는 동일한 선택가능성 마커를 함유할 수 있다. 대안적으로, 중쇄 및 경쇄 폴리펩티드 둘 다를 코딩하고 발현할 수 있는 단일 벡터가 사용될 수 있다. 이같은 상황에서, 과량의 독성인 유리 중쇄를 피하도록 바람직하게는 경쇄가 중쇄 앞에 놓인다 (Proudfoot, Nature 322:52 (1986); Kohler, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77:2 197 (1980)). 중쇄 및 경쇄에 대한 코딩 서열은 cDNA 또는 게놈 DNA 또는 합성 DNA 서열을 포함할 수 있다.

[0268] 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체가 재조합 발현에 의해 생산되었으면, 단백질 정제용으로 관련 기술분야에 공지된 임의의 방법, 예를 들어, 크로마토그래피 (예를 들어, 이온 교환, 친화력 (특히, 단백질 A 친화력 및 특정 항원에 대한 면역친화력에 의한 것), 및 사이징 칼럼 크로마토그래피), 원심분리, 차등 용해도, 또는 단백질 정제를 위한 임의의 다른 표준 기술에 의해 이를 정제할 수 있다. 추가로, 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체는 정제를 용이하게 하기 위해 본원에 기술되거나 또는 다르게는 관련 기술분야에 공지된 이종 폴리펩티드 서열에 융합될 수 있다.

[0269] 한 예에서, 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체는 이뮤노글로불린의 불변 도메인 (IgA, IgE, IgG, IgM), 또는 이의 일부분 (CH1, CH2, CH3, 또는 이들 및 이의 일부분의 임의의 조합), 또는 알부민 (재조합 인간 알부빈 또는 이의 단편 또는 변이체를 포함하나 이에 제한되지는 않음 (예를 들어, 미국 특허 번호 5,876,969 (1999년 3월 2일에 허여됨), EP 특허 0 413 622, 및 미국 특허 번호 5,766,883 (1998년 6월 16일에 허여됨) 참조)에 융합되어, 키메라 폴리펩티드를 초래할 수 있다. 이같은 융합 단백질은 정제를 용이하게 할 수 있고, 생체 내에서 반감기를 증가시킬 수 있다. 이는 인간 CD4-폴리펩티드의 처음 2개의 도메인 및 포유동물 이뮤노글로불린의 중쇄 또는 경쇄의 불변 영역의 다양한 도메인으로 이루어지는 키메라 단백질에 대해 나타났다. 예를 들어, EP 394,827; 문헌 [Traunecker et al., Nature, 331:84-86 (1988)]을 참조한다. 면역계에 대한 상피 장벽을 가로지는 항원의 전달 강화가 FcRn 결합 파트너 예컨대 IgG 또는 Fe 단편에 접합된 항원 (예를 들어, 인슐린)에 대해 입증되었다 (예를 들어, PCT 공개 WO 96/22024 및 WO 99/04813 참조). IgG 부분 디술피드 결합으로 인해 디술피드-연결 이량체 구조를 갖는 IgG 융합 단백질 또한 단량체성 폴리펩티드 또는 이의 단편 단독보다 다른 분자에 결합하여 이를 중화시키는 것에서 더욱 효율적인 것으로 발견되었다. 예를 들어, 문헌 [Fountoulakis et al., J. Biochem., 270:3958-3964 (1995)]을 참조한다. 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드 또는 항-항원 항체를 코딩하는 핵산은 또한 에피토프 태그 (예를 들어, 헤마글루티닌 ("HA") 태그 또는 플래그 태그)로서의 관심 유전자와 재조합되어 발현된 폴리펩티드의 검출 및 정제를 보조할 수 있다. 예를 들어, 문헌 [Janknecht et al.]에 기술된 시스템은 인간 세포주에서 발현된 비-변성 유

합 단백질의 즉각적인 정제를 허용한다 (Janknecht et al., 1991, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:8972- 897). 이러한 시스템에서, 관심 유전자는 유전자의 오픈 리딩 프레임이 6개의 히스티딘 잔기로 이루어지는 아미노-말단 태그에 번역적으로 융합되도록 우두 재조합 플라스미드 내로 서브클로닝된다. 이러한 태그는 융합 단백질에 대한 매트릭스-결합 도메인으로서의 역할을 한다. 재조합 우두 바이러스로 감염된 세포로부터의 추출물이 Ni2+ 니트릴로아세트산-아가로스 칼럼 상에 로딩되고, 히스티딘 태그가 부착된 단백질이 이미다졸-함유 완충제로 선택적으로 용출될 수 있다.

[0270] **투여**

[0271] 본 발명에 따른 백신 물질은 본원에 기술된 면역 자극성의 개선된 LAMP 구축물을 함유할 수 있거나, 또는 면역 자극성의 개선된 LAMP 구축물을 발현하는 재조합 미생물 또는 항원 제시 세포일 수 있다. 개선된 LAMP 구축물을 함유하는 본 발명에 따른 백신 물질의 제조, 및 개체의 면역화를 위한 이같은 개선된 LAMP 구축물의 투여는 관련 기술분야의 기술자에게 널리 공지되어 있는 면역화의 원리에 따라 달성된다.

[0272] 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 발현하는 레플리콘을 함유하는 재조합 또는 형질전환 세포를 배양함으로써 다량의 이러한 물질을 수득할 수 있다. 배양 방법은 관련 기술분야의 기술자에게 널리 공지되어 있고, 상기 인용된 문서 중 하나 이상에 교시되어 있다. 예를 들어, 본원에 참조로 포함된 미국 특허 번호 4,446,128에 기술된 바와 같이, 개선된 LAMP 구축물 백신은 일반적으로 재조합 또는 형질전환 세포의 배양에 의해 생산되고, 약리학상 허용되는 용액 또는 현탁액 (일반적으로 생리학상 상용성인 수성 용액임) 내에, 또는 코팅 정제, 정제, 캡슐, 좌약, 또는 앰풀 내에 제형된다. 투여는 경구, 직장, 비강내 또는 주사를 포함하는 임의의 적절한 경로일 수 있고, 주사는, 예를 들어, 경피, 피하, 근육내 또는 정맥내일 수 있다.

[0273] 개선된 LAMP 구축물은 포유동물에서 면역 반응을 유도하는데 충분한 양으로 포유동물에게 투여된다. 투여하기 위한 최소의 바람직한 양은 투여 전에 존재한 것의 적어도 4배인 농도로 항체 형성을 유발하는데 요구되는 양이다. 전형적인 초기 투여 용량은 정맥내, 근육내 또는 피하 투여되는 경우의 10-5000 마이크로그램, 또는 10^5 내지 10^{11} 플라크 형성 단위의 재조합 벡터일 것이지만, 이러한 양은 백신 및 면역 반응을 유도하는 기타 작용제의 투여에서 통상적으로 발생하는 바와 같이 투여를 수행하는 임상의에 의해 조정될 수 있다. 단일 투여가 일반적으로 면역을 유도하는데 충분할 수 있지만, 반응을 보장하거나 또는 부스팅하기 위해 다중 투여가 수행될 수 있다.

[0274] 개선된 LAMP 구축물 백신을 먼저 비-인간 포유동물 (예를 들어, 마우스 또는 영장류)에서 테스트할 수 있다. 예를 들어, 접종된 마우스의 면역 반응의 검정법을 사용하여, 야생형 항원에 대한 것보다 개선된 LAMP 구축물에 대해 더 큰 항체, T 세포 증식 및 세포독성 T 세포 반응을 입증할 수 있다. 마우스에서 고도로 효과적인 백신 제형이 적합한 원숭이 면역 반응을 또한 유발할 것인지를 결정하기 위해 개선된 LAMP 구축물을 붉은털원숭이에서 평가할 수 있다. 한 측면에서, 각각의 원숭이에게 면역화당 총 5 mg의 DNA를 제공하고, 이는 IM 전달되고, 2개의 부위로 나뉘며, 제0일, 제4주, 제8주 및 제20주에 면역화되고, 추가 용량은 임의적이다. 항체 반응, ADCC, CD4+ 및 CD8+ T-세포 시토카인 생산, CD4+ 및 CD8+ T-세포 항원-특이적 시토카인 염색을 측정하여 백신에 대한 면역 반응을 모니터링할 수 있다.

[0275] 본 발명에 따른 적절한 제형 및 투여 방법에 대한 추가 기술을 미국 특허 번호 4,454,116 (구축물), 미국 특허 번호 4,681,762 (재조합 박테리아), 및 미국 특허 4,592,002 및 4,920,209 (재조합 바이러스)에서 확인할 수 있다.

[0276] **암 면역요법: 예방 및 치료를 위한 후보**

[0277] 표 1에 기술된 적어도 1개의 암 항원을 포함하는 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물은 암 및/또는 과다증식성 장애에 걸린 환자를 치료하는데 사용될 수 있다. 예는 문서화된 엡스타인-바 바이러스 연관 림프종 환자, HPV 연관 자궁경부암종 환자, 만성 HCV 환자, 또는 종양유전자 또는 종양 억제 유전자에 규정된 재배열 또는 돌연변이가 있는 환자를 포함한다. 추가의 바람직한 실시양태는 CMV 감염으로부터 초래되는, 암을 포함하는 과다증식성 장애에 걸린 환자를 포함한다.

[0278] 바람직한 실시양태에서, 본원에 기술된 개선된 LAMP 구축물을 사용하여 치료될 수 있는 암은 선암종, 육종, 피부암, 흑색종, 방광암, 뇌암 (다형성 교모세포종을 포함함), 유방암, 자궁암, 난소암, 전립선암, 폐암 (NSCLC, SCLC, 편평세포암을 포함하나 이에 제한되지는 않음), 결장직장암, 항문암, 직장암, 자궁경부암, 간암, 두경부암, 구강암, 타액선암, 식도암, 췌장암, 췌장관 선암종 (PDA), 신암, 위암, 신장암, 다발성 골수종 또는 대뇌암

의 모든 진행 단계 (과다형성을 포함함)를 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0279] 개체의 암이 확인되면, 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 백신 조성물의 경우에서와 같은 개선된 LAMP 구축물로의 요법이 개체의 암의 과정 동안 임의의 기간에 사용될 수 있는 것으로 생각된다. 고위험 환자에서, 암의 후속 출현을 예방하기 위해 백신 접종이 가능할 수도 있다. 단백질 기반 LAMP 구축물 백신, 뿐만 아니라 세포 요법 (예를 들어, LAMP 구축물을 포함하는 수지상 세포 요법)이 또한 구상된다.

[0280] **요법을 위한 절차**

[0281] 한 실시양태에서, 개선된 LAMP 구축물은 환자의 악성 종양의 과정 동안 임의의 적절한 시간에 환자에게 주사될 수 있다. 예를 들어, 표 1에 기술된 적어도 1개의 암 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물은 종양 부하가 낮은 단계에 주사될 것이다. 개선된 LAMP 구축물이 개체의 항원 제시 세포 (예를 들어, 수지상 세포) 내로 도입되는 대안적인 실시양태에서, 항원 제시 세포의 전구체 또는 성숙한 항원 제시 세포를 정맥 천자에 의해 개체의 골수 또는 말초혈로부터 뽑는다. 이러한 세포가 배양에서 확립된 후, 개선된 LAMP 구축물을 형질도입한다. 형질도입이 일어났으면, 이러한 항원 제시 세포를 다시 환자 내로 주사한다.

[0282] 특히 바람직한 실시양태에서, 본 발명은 종양 부하가 낮은 암 환자, 예컨대 질환 초기, 신생물 종양의 절제 후, 또는 종양 세포의 부하가 다른 방식으로 감소되었을 때의 환자를 치료하는 방법을 제공한다. 이러한 방법에서, MHC 클래스 II 분자를 발현할 항원 제시 세포로 분화될 수 있는 자가 줄기 세포를 함유하는 세포 집단이 환자로부터 수득된다. 이러한 세포를 배양하고, 개선된 LAMP 구축물을 도입함으로써 형질전환시켜, 구획/소기관 또는 항원이 전달되는 또 다른 구획/소기관 내에서 MHC 클래스 II 분자와 회합될 암 항원을 전달한다.

[0283] 그 후, 형질감염된 줄기 세포 집단을 환자 내로 재도입하고, 여기에서 줄기 세포가 항원으로부터의 T_h 에피토프와 복합체를 형성한 MHC 클래스 II 분자를 발현하는 항원 제시 세포로 분화된다. 헬퍼 T 세포 집단의 강화된 자극에 의해 항원에 대한 면역 반응이 강화될 것이다.

[0284] 더욱 일반적으로, 한 실시양태에서, 본 발명은 포유동물에서 항원에 대한 면역 반응을 조정하기 위한 (즉, 이같은 반응을 자극하거나, 강화하거나 또는 감소시키기 위한) 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 백신 조성물을 제공한다.

[0285] **키트**

[0286] 본 발명은 본원에 기술된 방법을 수행하는 것을 용이하게 하는 키트를 추가로 포함한다. 한 측면에서, 키트는 본원에 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물 및 개선된 LAMP 구축물을 수용하기 위한 세포를 포함한다. 키트는 세포를 전문 APC로 조작하기 위한 하나 이상의 핵산을 추가적으로 포함할 수 있다. 그러나, 한 측면에서, 세포는 전문 APC이다. 세포는 공동-자극 분자를 발현할 수 있거나 또는 발현하지 않을 수 있다. 바람직한 측면에서, 세포가 공동-자극 분자를 발현하지 않을 때, 개선된 LAMP 구축물이 코딩하는 항원은 자가항원이다. 또 따른 측면에서, 상이한 MHC 분자들 (예를 들어, 인간에서 발현되는 것으로 공지됨)을 발현하는 세포 패널이 제공된다. 추가 측면에서, 키트는 개선된 LAMP 구축물의 세포 내로의 진입을 용이하게 하는 시약 (예를 들어, 지질-기반 제형, 바이러스 패키징 물질, 세포 등)을 포함한다. 추가 측면에서, 개선된 LAMP 구축물이 면역 반응을 유발, 조정 또는 강화하는 능력을 검증하기 위해, 개선된 LAMP 구축물이 코딩하는 항원에 대해 특이적인 하나 이상의 T 세포주가 제공된다.

[0287] **실시예**

[0288] 이제 본 발명이 하기 실시예를 참조로 추가로 예시될 것이다. 하기의 것은 예로서만 제공되고, 여전히 본 발명의 범주 내에 속하면서 상세사항에 대한 변형이 이루어질 수 있다는 것이 이해될 것이다.

[0289] **실시예 1 - LAMP 구축물의 구축**

[0290] 도 1에 도해된 개선된 LAMP 구축물을 숙련된 기술자에게 널리 공지되어 있는 표준 분자생물학 기술을 사용하여 구축할 수 있다. 예를 들어, 도 1에 제시된 여러 구축물 ILC-1 내지 ILC-6이 생성되도록 폴리뉴클레오티드를 포함하는 플라스미드를 디자인할 수 있다. 도 1에 도해된 LAMP 도메인은 도 3-10에 제시된 아미노산 서열로부터 유래될 수 있다. 바람직하게는, LAMP 도메인은 도 3-10에 제시된 인간 LAMP 단백질로부터 유래된다. 각각의 도메인의 경계는 도 2a 및 도 2b에서 유래될 수 있다. 인간 서열에 비교했을 때 등가의 도메인을 확인함으로써 오르토로그 서열로부터 상응하는 도메인이 클로닝될 수도 있는 것으로 생각된다. 표 1에 기술된 바와 같이 암 항원이 개별적으로 또는 조합되어 기술된 LAMP 구축물 내로 클로닝될 수 있다.

[0291] **실시예 2 - LAMP 구축물에 대한 마우스의 면역 반응 평가**

[0292] 실시예 1에서 기술된 바와 같은 개선된 LAMP 구축물의 능력을 면역 반응을 조정하는 이의 능력에 대해 테스트할 수 있다. 예를 들어, 암컷 BALB/c 마우스를 제0일, 제14일 및 제28일에 나노패스를 사용하여 100 ul PBS 내의 50 ug의 개선된 LAMP 구축물 및 5 ug의 GMCSF로 i.d 면역화시킬 수 있다. 이어서 실험은 최종 용량 후 4주째에 종료될 것이다.

[0293] 비장세포 ($3x10^5$개/웰)를 T 세포 배지 (RPMI + 10% 열 불활성화 FBS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 및 1X 2-ME) 내의 항원성 단백질 (10 ug/ml)로 자극하고, 72시간 후에 상청액을 수집한다. 상청액을 희석하고 (400 ul 상청액 + 200 ul T 세포 배지), 시토카인을 ELISA에 의해 평가한다. IL-10 또는 IL-4 생산을 ELISPOT 검정법을 통해 측정할 수 있다.

[0294] **실시예 3 - LAMP 구축물을 사용한 개선된 항원 제시**

[0295] 서바이빈은 아팝토시스 억제 및 세포 주기 조절에서 수반되는, 아팝토시스 억제제 (IAP) 패밀리 단백질의 가장 작은 구성원이다. 이러한 기능적 속성은 서바이빈을 분기성 기능을 나타내는, 즉 세포 증식 및 세포 사망을 조절하는 특유한 단백질로 만든다. 종양에서의 서바이빈 발현은 아팝토시스의 억제 및 세포 사망률 감소 뿐만 아니라 화학요법에 대한 저항성 및 종양의 공격성과 또한 상호관련된다 [1-6]. 따라서, 서바이빈은 암 백신 및 치료제의 중요한 표적이다 [7-9]. 서바이빈은 또한 인간 및 배아 줄기 세포 및 다수의 체세포 줄기 세포 유형 둘 다에서 우세하게 발현되는 것으로 발견되었고, 이는 줄기 세포 생성 및 유지에서의 아직 탐구되지 않은 서바이빈의 역할을 지시한다.

[0296] 암은 다른 신체 부분을 침범하는 잠재력이 있는 비정상적인 세포 성장이 정상적인 항상성을 제어하고, 적시에 올바르게 치료되지 않으면 치명적이게 되는 이종성 질환 그룹이다. 면역요법은 종양 세포를 특이적으로 표적화하고, 이에 의해 비-종양 세포에 대한 부수적인 손상을 피하고 항-종양 반응을 유도한다. 이러한 항-종양 반응은 수술에 의한 절제로는 가능하지 않을 수 있는 신체의 원격 부위에서 종양을 근절하는 잠재력도 있다. 종양 세포는 다중 회피 전략을 사용하고, 면역 세포에 의해 검출 또는 제거되는 것을 피하기 때문에 항-종양 면역 반응의 유도 또는 강화는 암에서 엄청난 난제이다.

[0297] 이러한 프로젝트의 목표는 BALB/c 마우스에서 I.D.에 의해 주사된 모든 새로운 세대의 LAMP 구축물의 생체내 면역 반응을 평가하는 것이다. 구체적으로, 마우스에 피내 주사에 의해 도 1의 범례에서 정의된 테스트 구축물 50 μg을 면역화시켰다. 이러한 실험에서 아주반트가 첨가되지 않았다. 그룹당 6마리 마우스에 1개월에 총 3회의 용량으로 7일마다 백신을 투여하였다. 최종 면역화 14일 후에 면역 반응을 모니터링하였다.

[0298] 테스트된 LAMP 구축물은 본원에 기술된 바와 같이 생성되었고, 각각의 테스트된 구축물의 서열이 **도 19**에서 제시된다. 서바이빈 단백질은 마이바이오소스(MyBiosource) (캘리포니아주 샌디에고)에서 구입하였다. 서바이빈 펩티드는 진스크립트(GenScript) (뉴저지주 피츠카타웨이)로부터의 것이었다. 항-서바이빈 및 m-IgGk-BP-HRP는 산타 크루즈 바이오테크놀러지(Santa Cruz Biotechnology) (텍사스주 달라스)에서 가져왔고, 마우스 모노클로날 항-LAMP-1/CD107a는 오리진 테크놀러지즈(OriGene Technologies) (메릴랜드주 록빌)로부터의 것이었다. IFNɣ에 대한 ELISPOT 항체 쌍은 바이오레전드(Biolegend)로부터의 것이었다. 형광 커플링 CD3, CD4, CD8, CD44, CD62L, IFNɣ, TNFα, 그랜자임 B, CD69 모노클로날 항체 및 좀비 아쿠아(Zombie aqua) 고정성 생육력 키트는 바이오레전드 (캘리포니아주 샌디에고)에서 구입하였다. 염소 항-마우스 IgG2a-HRP 및 염소 항-마우스 IgG-HRP는 서던 바이오테크놀러지즈(Southern Biotechnologies) (앨라배마주 버밍엄)에서 구입하였다. 스트렙타비딘-HRP는 써모 피셔(Thermo Fisher) (매사추세츠주 월섬)에서 구입하였다. 슈어블루(SureBlue) TMB 마이크로웰 퍼옥시다제 기질 및 TMB 정지 용액은 KPL (메릴랜드주 게이더스버그)에서 구입하였다.

[0299] 50 μg의 각각의 구축물이 파마젯(Pharmajet)용으로 용량당 100 ul/마우스의 총 부피로 사용되었다. 제0일, 제7일 및 제14일에 i.d. 전달에 의해 마우스를 백신으로 면역화시켰다. 혈청 수집을 위해 제28일에 마우스에서 채혈하였다. 혈청을 수집하고, -30℃에서 보관하였다. 실험을 종료할 때 제28일에 비장을 수집하고, 서바이빈 특이적 T 세포 반응을 평가하기 위해 ELISPOT 및 FACS용으로 프로세싱하였다.

[0300] **ELISA에 의한 혈장 서바이빈-특이적 총 IgG의 측정.** 서바이빈에 대한 뮤린 항체 반응을 간접 ELISA에 의해 평가하였다. 카르보네이트-비카르보네이트 완충제 내의 2 μg/ml 서바이빈 (1-142) 단백질로 ELISA 플레이트 (맥시소프(MaxiSorp))를 철야로 코팅한 후, PBS 내의 2% BSA로 차단하였다. 혈장 샘플을 차단 완충제에서 1:100 희석하였다. 염소 항-마우스 IgG-HRP (서던 바이오테크, 앨라배마주 버밍엄)로 샘플을 검출하였다. KPL (메릴랜드주 게이더스버그)로부터의 슈어블루 TMB 기질로 반응을 발색시키고, TMB 정지 용액으로 정지시켰다. 에포

크(Epoch) ELISA 판독기 (바이오텍(BioTek), 버몬트주 위누스키)를 사용함으로써 플레이트를 판독하였다 (OD450).

[0301] **항원-특이적 T 세포 반응의 평가.** 백신접종 마우스에서 항원-특이적 T 세포 반응을 평가하기 위해, 백신접종 마우스로부터의 비장세포를 효소-결합 이뮤노스팟 (ELISPOT)에 의해 항원-특이적 IFNɣ 생산에 대해 평가하였다. ELISPOT 검정법을 위해, 96-웰 니트로셀룰로스 플레이트 (밀리포어(Millipore))를 철야로 4℃에서 100 μl/웰의 PBS 내의 포획 모노클로날 항체로 코팅하였다. 플레이트를 200 μl/웰 PBS로 3회 세정하고, 적어도 2시간 동안 실온에서 200 μl/웰 T 세포 배지로 차단하였다. 비장세포를 $3x10^5$개의 세포/웰로 플레이팅하고, $3x10^5$개의 세포/웰로 48시간 동안 37℃, 5% CO_2에서 200 μl/웰 T 세포 배지 (RPMI-1640 + L-글루타민 및 HEPES (ATCC), 1% 페니실린, 1% 스트렙토마이신, 및 $5x10^{-5}$M β-ME)의 총 부피로 2 μg/ml의 서바이빈의 풀링된 펩티드 (표 2) 또는 콘카나발린 A (0.125 μg/ml) 또는 배지 단독과 함께 공동-배양하였다. 플레이트를 200 μl/웰 PBS로 2회, 200 μl/웰 PBS-T (0.05% 트윈/PBS)로 2회 세정하였다. 희석된 검출 항체 (PBS-T/0.5% BSA 내의 50 μl/웰)를 첨가하고, 플레이트를 2시간 동안 진탕하면서 실온에서 인큐베이션하였다. 플레이트를 PBS로 4회 세정하였다. PBS에 희석된 스트렙타비딘-알칼리성 포스파타제 (50 μl/웰)를 첨가하고, 2시간 동안 인큐베이션하였다. 플레이트를 PBS로 4회 세정하고, 50 μl/웰의 3-아미노-9-에틸카르바졸 (AEC, BD 바이오사이언스(BD Bioscience)) 기질로 10분 동안 발색시켰다. 흐르는 수돗물로 세정하여 발색을 정지시켰다. 암실에서 72시간 동안 실온으로 건조시킨 후, 발색 스팟을 AID ELISPOT 고해상도 판독기 시스템 및 AID ELISPOT 소프트웨어 버전 3.5 (오토이뮨 디아그노스티카 게엠베하(Autoimmun Diagnostika GmbH))를 사용하여 계수하였다.

[0302] 표 2. 진스크립트로부터의 풀링된 펩티드

[0303]

풀링된 P1	Sur1-15, Sur11-25, Sur 21-35, Sur31-45, sur 41-55
풀링된 P2	Sur51-65, sur61-75, sur71-85, sur81-95
풀링된 P3	Sur91-105, sur 101-115, sur111-125, sur121-135, sur131-142
풀링된 P4	Sur31-45, sur41-55 및 sur51-65

[0304] **웨스턴 블롯.** 293T 세포를 리포펙타민 2000 시약 (인비트로젠(Invitrogen))을 사용하여 테스트 구축물로 형질감염시켰다. 형질감염된 세포를 PBS로 세정하고, 200 μl의 RIPA 용해 완충제 + 홀트 프로테이나제 억제제 (써모 사이언티픽(Thermo Scientific), 매사추체스추 월섬)에 현탁시켰다. 용해물을 원심분리한 후 (4℃에서 15분 동안 700 g), 정화된 상청액 내의 단백질 농도를 피어스(Pierce) BCA 단백질 검정법 키트 (써모피셔 사이언티픽(ThermoFisher Scientific), 매사추체스추 월섬)를 사용하여 측정하였다. 10 μg의 단백질을 미리 성형된 (4-20%) SDS-PAGE 겔 (바이오라드(BioRad), 캘리포니아주 에르쿨레스)에서 전기영동하고, 니트로셀룰로스 막 (바이오라드) 상으로 옮기고, hLAMP에 대한 mAb로 면역블롯팅하였다. 막을 디텍션(Detection)™ 차단 완충제 (KPL)로 차단하고, 토끼 항-인간 LAMP (시노 바이올로지컬 인크(Sino Biological Inc.), 중국 북경) 또는 항-서바이빈 항체 및 염소 항-토끼-HRP 항체를 프로빙시킨 후, TMB (KPL)로 발색시켰다.

[0305] **유동 세포측정법.** 먼저 세포를 PBS 내의 좀비 아쿠아 고정성 생육력 염료 (1:500 희석)에 이어서 염색 완충제 (PBS 내의 4% FBS, 2% 래트 혈청, 2% 마우스 혈청) 내의 표면 항체 (1:100 희석)로 표지하였다. 세포내 염색을 위해, 세포를 좀비 아쿠아로 염색한 후, 표면 염색, 4% 파라포름알데히드로의 고정 및 투과 완충제 (PBS + 1% FCS 0.1% 사포닌) 내의 세포내 항체로의 염색이 이어졌다. 샘플을 사이토플렉스(CytoFlex) 유동 세포측정기 (베크만 쿨터) 상에서 분석하였고, 칼루자(Kaluza) 소프트웨어 (베크만 쿨터)를 사용하여 분석하였다.

[0306] **통계.** 통계 유의성을 평가하기 위해 2원 ANOVA 검정을 그래프패드 프리즘(GraphPad Prism) 6.0 소프트웨어 또는 R 파일을 사용하여 수행하였다. 각각의 마우스의 RPMI 결과가 항원 활성화의 결과로부터 차감되었다.

[0307] **백신, 및 면역화.** 대조군, 서바이빈+완전한 LAMP, 서바이빈-ILC-1 구축물, 서바이빈-ILC-2, 서바이빈-ILC-3, 및 서바이빈-ILC-4 구축물 백신이 용량당 25 μl/마우스의 총 부피로 사용되었다. 제0일, 제7일 및 제14일에 ID 전달에 의해 마우스를 백신으로 면역화시켰다. 혈청 수집을 위해 제-13일 및 제28일에 마우스에서 채혈하였다. 혈청을 수집하고, -30℃에서 보관하였다. 제28일에 비장을 수집하고, ELISPOT/ELISA 검정법용으로 프로세싱하였다.

[0308] **도 14: 플라스미드 검증:** 293T 세포를 3일 동안 플라스미드로 형질감염시켰다. 형질감염된 세포를 용해시킨 후, 미리 성형된 SDS-PAGE 겔에서 전기영동시켰다. 단백질을 니트로셀룰로스 막으로 옮기고, 인간 LAMP (오리

진(OriGene), #TA337108) 또는 서바이빈 (산타 크루즈(Santa Cruz) #17779)에 대한 mAb로 면역블롯팅하였다. 분자량: LAMP = 100KD, 서바이빈 = 16KD. 도 13은 모든 테스트 LAMP 구축물이 적합한 크기의 단백질을 생산하였음을 나타낸다.

[0309] **도 15 및 16: 테스트 LAMP 구축물이 IFNɣ를 생산하는 Th1 이펙터 T 세포를 유도한다.** 암컷 BALB/c 마우스를 제0일, 제7일 및 제14일에 파마젯 장치를 통해 100 μl PBS 내의 50 μg의 지시된 구축물로 i.d 면역화시켰다. 최종 용량 14일 후에 실험을 종결시켰다. 비장세포 ($3x10^5$개/웰)를 T 세포 배지 (RPMI + 10% 열 불활성화 FBS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 및 1X β-ME) 내의 서바이빈 풀링된 펩티드 (4 μg/ml)로 48시간 동안 자극하였다. A. 스팟에 의한 IFNɣ 생산. B. 모든 풀링된 펩티드에 의해 유도된 IFNɣ 생산 (A로부터의 막대 도면). n = 6/그룹. 2원 ANOVA (R 파일)를 통계 분석에 사용하였다. 도 14는 모든 테스트 LAMP 구축물이 IFNɣ 생산에 의해 나타나는 바와 같은 강건한 T 세포 반응을 유도하였음을 나타낸다.

[0310] 본 발명자들은 3회 용량의 개선된 LAMP 구축물 (1주일 간격) 후에, 강건한 Th1 유형 반응이 테스트 LAMP 구축물, 특히 힌지 서열이 서바이빈 유전자로 교체된 ILC-4에 의해 유발되었음을 뜻밖에 발견하였다. 더욱 흥미롭게, 개선된 LAMP 구축물 ILC-4는 N-말단부터 C-말단까지의 서바이빈 에피토프를 인식하고, 마우스에 100% 동일한 인간 서바이빈 펩티드 서열에 대한 T 세포 반응을 유도하는 것으로 보인다. 본 발명자들은 냉동-해동 비장세포를 서바이빈 펩티드로 더 길게 (72시간) 자극하면, ILC-4가 1세대 LAMP-서바이빈보다 유의하게 더 높은 IFNɣ 생산을 나타냈다는 것을 또한 발견하였다 (도 19 참조). 구체적으로, **도 16**은 테스트된 모든 개선된 LAMP 구축물이 더 높은 T 세포 반응을 나타냈다는 것을 나타내고, 이때 ILC-4의 활성이 최상이었는데, 이러한 구축물이 모든 서바이빈 펩티드 풀에 대해 유의하게 더 높은 T 세포 반응을 유발하였기 때문이다. 또한, 관련 기술분야에 공지된 것과 반대로, 개선된 LAMP 구축물 상에서 생성된 루미날 도메인의 제2 상동성 도메인의 제거가 완전한 LAMP 구축물에 비교하여 더욱 강건한 면역 반응을 유발하였다 (ILC-2 및 ILC-3에 대한 결과 참조). 냉동 비장세포 ($4x10^5$개/웰)를 T 세포 배지 (RPMI + 10% 열 불활성화 FBS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 및 1X β-ME) 내의 풀링된 펩티드 4 (4 μg/ml)로 48시간 동안 자극하였다. n = 6/그룹. 2원 ANOVA를 통계 분석에 사용하였다. *p<0.05, **p<0.01, ***p<0.005, ****p<0.0001

[0311] **도 17. CD4 T 세포가 IFNɣ 생산 세포의 주요 공급원이다.** 암컷 BALB/c 마우스를 제0일, 제7일 및 제14일에 파마젯 장치를 통해 100 μl PBS 내의 50 μg의 지시된 백신으로 i.d 면역화시켰다. 최종 용량 14일 후에 실험을 종결시켰다. 비장세포 ($1x10^6$개/웰)를 T 세포 배지 (RPMI + 10% 열 불활성화 FBS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 및 1X β-ME) 내의 풀링된 펩티드 1 (4 μg/ml)로 철야로 자극한 후, 모네신 및 브레펠딘 A를 첨가하고, 추가로 5시간 동안 배양하였다. 세포를 수확하고, 좀비, 표면 마커 및 세포내 염색으로 ITI 염색 프로토콜에 따라 염색하였다. 기억 CD4 T 세포 (CD4+CD44+CD62L-) 또는 CD8 T 세포 (CD8+CD44+CD62L-)에 대해 세포를 게이팅하였다. 데이터는 각각의 그룹 내의 1마리 마우스를 대표한다. 다양한 구축물로 백신접종 마우스 내의 CD8 이펙터 기억 세포의 증가가 있는 한편, CD4 T 세포 집단에서 IFNɣ 생산이 더욱 뚜렷하다.

[0312] **도 18: 개선된 LAMP 구축물이 BALB/c 마우스에서 더 강한 서바이빈-특이적 총 IgG 반응을 일으켰다.** 암컷 BALB/c 마우스를 제0일, 제7일 및 제14일에 파마젯 장치를 통해 100 μl PBS 내의 50 μg의 지시된 백신으로 i.d 면역화시켰다. 최종 용량 14일 후에 실험을 종결시켰다. 제28일에 마우스에서 채혈하였다. 혈청을 분리하고, -30℃에서 보관하였다. 혈청에서 ELISA에 의해 총 IgG 및 IgG2a를 결정하였다. 간략하게, ELISA 플레이트를 2 μg/ml 서바이빈 (1-142aa)로 코팅하고, PBS/2% BSA로 차단하고, 혈청 (차단 완충제 내의 1:100 희석)을 HRP-접합 염소 항 마우스 IgG (1:6000) 및 IgG2a (1:11000)로 평가하였다. n = 6마리 마우스/그룹. **p<0.01, ***p<0.005, ****p<0.0001. 중요하게, 그리고 관련 기술분야에 공지된 것과 대조적으로, **도 18**은 루미날 도메인의 단편이 완전한 루미날 도메인을 사용하는 것보다 더 양호하게 작동하였음을 나타낸다 (즉, 완전한 LAMP 구축물과 구축물 ILC-2 및 IL-3을 비교함). 예상밖으로, 루미날 도메인의 2개의 상동성 도메인 사이에 항원을 삽입하는 것이 가장 강한 항체 반응을 생성시켰다 (ILC-4 참조).

[0313] **본 섹션에서 의존된 참고문헌.**

[0314] 1. Kami K, Doi R, Koizumi M, Toyoda E, Mori T, Ito D, et al. Survivin expression is a prognostic marker in pancreatic cancer patients. Surgery. 2004;136(2):443-8. doi: 10.1016/j.surg.2004.05.023. PubMed PMID: 15300213.

[0315] 2. Zhang SQ, Qiang SY, Yang WB, Jiang JT, Ji ZZ. [Expression of survivin in different stages of

carcinogenesis and progression of breast cancer]. Ai Zheng. 2004;23(6):697-700. PubMed PMID: 15191674.

[0316] 3. Zhang X, Zhong L, Hu K, Li Q. [Expression of survivin and its correlation with apoptosis in non-small cell lung cancer]. Zhongguo Fei Ai Za Zhi. 2004;7(2):138-41. doi: 10.3779/j.issn.1009-3419.2004.02.14. PubMed PMID: 21215009.

[0317] 4. Kishi H, Igawa M, Kikuno N, Yoshino T, Urakami S, Shiina H. Expression of the survivin gene in prostate cancer: correlation with clinicopathological characteristics, proliferative activity and apoptosis. J Urol. 2004;171(5):1855-60. doi: 10.1097/01.ju.0000120317.88372.03. PubMed PMID: 15076293.

[0318] 5. Asanuma K, Tsuji N, Endoh T, Yagihashi A, Watanabe N. Survivin enhances Fas ligand expression via up-regulation of specificity protein 1-mediated gene transcription in colon cancer cells. J Immunol. 2004;172(6):3922-9. PubMed PMID: 15004200.

[0319] 6. Miyachi K, Sasaki K, Onodera S, Taguchi T, Nagamachi M, Kaneko H, et al. Correlation between survivin mRNA expression and lymph node metastasis in gastric cancer. Gastric Cancer. 2003;6(4):217-24. doi: 10.1007/s10120-003-0255-2. PubMed PMID: 14716515.

[0320] 7. Badana AK, Chintala M, Gavara MM, Naik S, Kumari S, Kappala VR, et al. Lipid rafts disruption induces apoptosis by attenuating expression of LRP6 and survivin in triple negative breast cancer. Biomed Pharmacother. 2017;97:359-68. doi: 10.1016/j.biopha.2017.10.045. PubMed PMID: 29091885.

[0321] 8. Cai JP, Wang YD, Zhang X, Xue HZ. [Expression of P16 and survivin in liver cancer and their clinical significance]. Zhonghua Gan Zang Bing Za Zhi. 2017;25(10):778-80. doi: 10.3760/cma.j.issn.1007-3418.2017.10.013. PubMed PMID: 29108210.

[0322] 9. Cho HJ, Kim HR, Park YS, Kim YH, Kim DK, Park SI. Prognostic value of survivin expression in stage III non-small cell lung cancer patients treated with platinum-based therapy. Surg Oncol. 2015;24(4):329-34. doi: 10.1016/j.suronc.2015.09.001. PubMed PMID: 26690822.

[0323] 10. Godinho RM, Matassoli FL, Lucas CG, Rigato PO, Goncalves JL, Sato MN, et al. Regulation of HIV-Gag expression and targeting to the endolysosomal/secretory pathway by the luminal domain of lysosomal-associated membrane protein (LAMP-1) enhance Gag-specific immune response. PLoS One. 2014;9(6):e99887. doi: 10.1371/journal.pone.0099887. PubMed PMID: 24932692; PubMed Central PMCID: PMCPMC4059647.

[0324] **실시예 4: LAMP 구축물의 치료 처치**

[0325] 암컷 BALB/c 마우스에 제0일에 동계 7000 4T1 유방 암종 세포를 접종할 수 있다. 종양이 촉진가능해지면 100 ul PBS 내의 백신 50 ug 및 5 ug의 GMCSF를 나노패스를 사용하여 i.d 제공한다. 1차 종양을 캘리퍼로 측정하고, 종양 부피를 p/6 (길이 x 폭)3/2를 사용하여 계산한다. 종양 접종 후 일수의 함수로서의 평균 종양 부피를 측정할 수 있다. 카플란-마이어 플롯을 사용하여 종결 시점의 전체 생존을 나타낼 수 있다.

[0326] **실시예 5 - 프라이밍/부스팅 프로토콜**

[0327] 헤르페스바이러스 진입 매개물 (HVEM), 일명 종양 괴사 인자 수용체 수퍼패밀리 구성원 14 (TNFRSF14) 또는 CD270은 TNF-수용체 수퍼패밀리의 인간 세포 표면 수용체이다. 최근, HVEM은 조혈 세포 및 다양한 실질 세포, 예컨대 유방, 흑색종, 결장직장 및 난소 암 세포, 뿐만 아니라 장 상피에서 고도로 발현되는 것으로 밝혀졌다. HVEM은 BTLA 또는 LIGHT (TNFSF14)에 결합하는 것을 통해 T 세포를 억제 또는 자극하는 2방향성 단백질이다.

[0328] 본 발명자들은 종양 치료 용도를 위해 HVEM의 억제 기능을 차단할 수 있는 항체를 생성시키기 위해 HVEM-LAMP를 코딩하는 DNA 백신을 생성시켰다. 본 발명자들은 HVEM 특이적 항체의 친화력을 강화하고/하거나 HVEM 단백질 내의 B 세포 에피토프의 레퍼토리를 확장시키는 것에 의해 LAMP가 항체 반응을 촉진할 것으로 가정하였다. 이러한 연구에서, 본 발명자들은 LAMP의 존재 및 부재 하의 HVEM 코딩 플라스미드의 면역원성을 비교하였다 (서열식별번호: 158 및 서열식별번호: 159). HVEM-LAMP 및 HVEM을 코딩하는 플라스미드 및 재조합 HVEM 단백질이 본원에 기술된 바와 같이 디자인되었다.

[0329] 염소 항-마우스 IgG-HRP는 서던 바이오테크놀러지 (앨라배마주 버밍엄)에서 구입하였다. 슈어블루 TMB 마이크로웰 퍼옥시다제 기질 및 TMB 정지 용액은 KPL (메릴랜드주 게이더스버그)에서 구입하였다. ELISPOT 플레이트는 EMD 밀리포어(EMD Millipore) (매사추세츠주 빌레리카, 카탈로그 번호 MAIPS4510)에서 주문하였다.

ELISPOT에서 사용된 IFN-γ 항체 쌍은 바이오레전드 (캘리포니아주 샌디에고)에서 구입하였고, 클론 AN18 및 R46A2가 코팅 및 검출로서 각각 사용되었다. 스트렙타비딘-HRP 및 AEC 기질은 BD 바이오사이언스 (캘리포니아주 산호세)에서 구입하였다.

[0330] 6 내지 8주령 암컷 Balb/c 마우스를 할란 래버러토리즈(Harlan Laboratories) (매사추세츠주 프레데릭)에서 구입하고, 이뮤노믹 테라퓨틱스 인크(Immunomic Therapeutics, Inc.) (매사추세츠주 록빌)의 동물 시설에서 유지시켰다. 제0일, 제7일 및 제14일에 마우스 (n=6)를 전기천공 IM 전달에 의해 10 μg/용량의 HVEM-LAMP, HVEM, 또는 LAMP 벡터 대조군으로 처리하였다. 제35일에, i.p. 주사에 의해 마우스를 백반의 존재 하에 5 μg HVEM 단백질로 부스팅하였다. 제28일 및 제49일에, 마우스에서 채혈하고, 항체 검출을 위해 혈청을 단리하였다. 제56일에 마우스를 희생시키고, 비장세포를 ELISPOT에 의해 IFN-γ 생산에 대해 테스트하였다.

[0331] ELISA 절차는 문헌 [Su et al., J of Immunol Res; (10):1-15 (2016)]을 따랐다. 플레이트를 5 μg/ml HVEM 단백질로 코팅하였다. 마이크로소프트 엑셀 및 프리즘 6 소프트웨어를 사용하여 데이터를 분석하였다.

[0332] 이러한 연구의 1차 목표는 HVEM-LAMP와 HVEM 사이에서 항체 프로파일을 비교하는 것이었다. 제28일에, HVEM-LAMP 백신접종 마우스는 HVEM 그룹의 것보다 유의하게 더 높은 수준의 HVEM 특이적 IgG 항체를 생산하였다 (**도 11**). 단백질 부스팅 후, HVEM 특이적 항체가 HVEM 면역화 마우스에서 약 1000배 증가하였고, 평균 역가가 100에서 108000으로 변화하였다. 이러한 결과는 HVEM DNA 플라스미드에 의해 면역 기억이 유도되었음을 가리킨다. HVEM DNA 단독은 최소의 항체 반응을 유도하였을 뿐이지만, 단백질 부스팅이 면역 기억을 신속하게 회상시켰다. 반면에, HVEM-LAMP 그룹은 또 다시 HVEM 및 LAMP 그룹보다 유의하게 더 높은 역가를 나타냈고, 평균 역가가 HVEM 그룹의 5배이며, 이는 항체 반응을 강화하는 것에서의 LAMP의 능력을 가리킨다 (**도 12**).

[0333] 추가적으로, HVEM+LAMP 또는 HVEM 단독 면역화/HVEM 단백질 부스팅 마우스로부터의 혈청 샘플 (제49일)을 풀링하고, 펩티드 맵핑에 대해 테스트하였다. 12개의 펩티드가 풀링된 혈청에 결합된 것으로 발견되었고 (마우스 IgG 반응), 12개 중 7개의 펩티드가 강한 결합 친화력을 나타냈다. HVEM+LAMP는 **도 13**에 나타난 바와 같이 HVEM 단독에 비교하여 펩티드 17, 24, 25, 및 28의 결합 친화력을 변경시킨다. 이러한 변화는 종양 성장을 보호하는 것에서 생리학적 효과가 있을 수 있다.

[0334] 결론적으로, 이러한 연구로부터의 데이터는 2개의 구축물이 생체 내에서 발현되었고, LAMP가 체액성 면역 반응을 유의하게 개선하였음을 시사한다.

[0335] **실시예 6: 폴리펩티드로부터의 항체 생산**

[0336] 동물 주사를 사용하여 항체를 생성시키는 다양한 표준 방법에 의해 항-항원 항체가 제조될 수 있다. (문헌 [Current Protocols, Chapter 2]를 참조한다.) 예를 들어, 본원에 기술된 암 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 발현하는 세포를 비-인간 척추동물에 투여하여 폴리클로날 항체를 함유하는 혈청의 생산을 유도한다. 바람직한 방법에서, LAMP/항원 단백질의 제제가 제조되고, 실질적으로 천연 오염물이 없도록 정제된다. 그 후, 이같은 제제를 비-인간 척추동물 내로 도입하여 더 큰 특이적 활성의 폴리클로날 항혈청이 생산된다.

[0337] 가장 바람직한 방법에서, 본 발명의 항-항원 항체는 모노클로날 항체 (또는 이의 단백질 결합 단편)이다. 하이브리도마 기술을 사용하여 이같은 모노클로날 항체를 제조할 수 있다. (Kohler et al., Nature 256:495 (1975); Kohler et al., Eur. J. Immunol. 6:511 (1976); Kohler et al., Eur. J. Immunol. 6:292 (1976); Hammerling et al., Monoclonal Antibodies and T-Cell Hybridomas, Elsevier, N.Y., pp. 563-681 (1981).) 일반적으로, 이같은 절차는 비-인간 척추 동물 (바람직하게는 토끼, 마우스, 소, 낙타, 라마)에 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물, 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물의 코딩된 폴리펩티드, 또는, 더욱 바람직하게는 개선된 LAMP 구축물-발현 세포를 면역화시키는 것을 수반한다. 이같은 세포를 임의의 적절한 조직 배양 배지에서 배양할 수 있다; 그러나, 10% 소 태아 혈청 (약 56℃에서 불활성화됨)이 보충되고, 약 10 g/l의 비필수 아미노산, 약 1,000 U/ml의 페니실린, 및 약 100 ug/ml의 스트렙토마이신이 보충된 얼 변형 이글 배지에서 세포를 배양하는 것이 바람직하다.

[0338] 이같은 비-인간 척추동물 숙주 (예를 들어, 마우스)의 비장세포를 추출하고, 적절한 골수종 세포주와 융합시킨다. 임의의 적절한 골수종 세포주가 본 발명에 따라 사용될 수 있다; 그러나, ATCC™로부터 입수가능한 모체 골수종 세포주 (SP20)를 사용하는 것이 바람직하다. 융합 후, 생성된 하이브리도마 세포를 HAT 배지에서 선택적으로 유지시키고, 이어서 문헌 [Wands et al. Gastroenterology 80:225-232 (1981)]에 기술된 바와 같이 제한 희석에 의해 클로닝한다. 그 후, 이같은 선택을 통해 수득된 하이브리도마 세포를 검정하여, 항원에 결합할 수 있는 항체를 분비하는 클론을 확인한다.

[0339] 항-항원 항체의 Fab 및 F(ab')2 및 기타 단편이 본원에 개시된 방법에 따라 사용될 수 있다는 것이 이해될 것이다. 전형적으로 이같은 단편은 효소 예컨대 파파인 (Fab 단편 생산용) 또는 펩신 (F(ab')2 단편 생산용)을 사용하여 단백질분해성 절단에 의해 생산된다. 대안적으로, 분비된 단백질-결합 단편이 재조합 DNA 기술의 적용을 통해 또는 합성 화학을 통해 생산될 수 있다.

[0340] 인간에서의 항체의 생체내 용도를 위해, "인간화" 키메라 모노클로날 항체를 사용하는 것이 바람직할 수 있다. 상기 기술된 모노클로날 항체를 생산하는 하이브리도마 세포로부터 유래된 유전자 구축물을 사용하여 이같은 항체를 생산할 수 있다. 키메라 항체를 생산하는 방법이 관련 기술분야에 공지되어 있다. (리뷰를 위해, 문헌 [Morrison, Science 229:1202 (1985)]; [Oi et al., BioTechniques 4:214 (1986)]; 캐빌리 등의 미국 특허 번호 4,816,567; 타니구치 등의 EP 171496; 모리슨 등의 EP 173494; 노이버거 등의 WO 8601533; 로빈슨 등의 WO 8702671; 문헌 [Boulianne et al., Nature 312:643 (1984)]; [Neuberger et al., Nature 314:268 (1985)]을 참조한다.)

[0341] **실시예 7: 폴리클로날 및 모노클로날 항체를 생성시키기 위한 폴리뉴클레오티드의 용도**

[0342] 폴리뉴클레오티드를 동물 내로 직접 주사하는 방법이 또한 관련 기술분야에 널리 기술되어 있다. 예를 들어, 미국 특허 번호 5,676,954; 6,875,748; 5,661,133을 참조한다. 예를 들어, 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 구속된 깨어 있는 마우스 (할란 스프라그 돌리(Harlan Sprague Dawley) (인디애나주 인디애나폴리스)로부터의 6-12주령 암컷 BALB/c 또는 누드, nu/nu)의 사두근 내로 주사할 수 있다. 한 실시양태에서, 문헌 [Hartikka, J., et al., Hum. Gene Ther. 7:1205-1217 (1996)]에 기술된 바와 같이, 마이크로피펫 팁으로부터 절단된 플라스틱 칼라가 장착된 1회용 멸균 플라스틱 인슐린 주사기 및 28G ½ 바늘 (벡톤-디킨슨(Becton-Dickinson), 뉴저지주 프랭클린 레이크스, 카탈로그 번호 329430)을 사용하는 50 μl 용액 내의 50 μg의 폴리뉴클레오티드가 마우스 주사에 사용될 수 있다.

[0343] 대안적으로, 주사 24시간 전에 시작하여 6주령 스프라그 돌리 암컷 마우스 (체중 20-25 그램)에게 이의 식수에 5000 ppm ZnOSO4를 제공할 수 있다. 이러한 양의 아연은 메탈로티오네인 프로모터를 활성화시킬 수 있는 것으로 나타났다. 그 후, 각각의 마우스에 25 게이지 바늘로의 꼬리 정맥 천자를 통해 총 부피 30 μl로 150 μg 리포솜 (리포펙션(Lipofection)™)과 복합체를 형성한 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드 30 μg을 정맥내 주사하였다. 동물 관리가 연구 전반에 걸쳐 유지되어야 하고, 문헌 ["Guide for the Use and Care of Laboratory Animals", Institute of Laboratory Animal Resources, Commission on Life Sciences, National Research Council, National Academy Press]에 따라 수행되어야 한다.

[0344] 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 주사된 폴리뉴클레오티드가 동물 내의 세포 내로 전달된 후, 항원이 엔도솜/리소솜으로 전달되고, 프로세싱되어, 면역계에 제시된다. 그 후, 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물이 항원에 대해 특이적인 항체의 생산을 자극할 수 있다. 이러한 항체를 단리하여 폴리클로날 혼합물로서 사용할 수 있거나, 또는 단일 종 또는 모노클로날로 추가로 단리할 수 있다. 면역 반응의 프로세스 및 생체내에서의 외래 항원에 대한 항체 생산은 관련 기술분야에 널리 공지되어 있다.

[0345] 세번째 동물 모델에서, Balb/c 3T3 A31 세포가 전기천공에 의해 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드로 형질감염된다. 항원을 포함하는 LAMP 구축물을 발현하는 G418 저항성 클론이 인간 RBC에 결합하는 이의 능력에 의해 확인된다. 폴리클로날 항체를 생성시키기 위해, Balb/c 마우스를 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물을 포함하는 10^7개의 세포로 14일 간격으로 2회 복막내 면역화시킨다. 최종 부스팅 후, 면역 혈청을 수집하고, IgG를 단백질 G 세파로스로 정제하고, 1.0 mg의 정제된 항원을 브롬화시아노겐-활성화 세파로스 CL-4B에 커플링시킴으로써 제조된 항원 칼럼에 통과시킨다. 결합된 IgG를 0.1 M 글리신 완충제 pH 2.5로 용출시키고, 0.1 부피의 0.1 M 트리스 pH 8.0으로 중화시킬 수 있다. 모노클로날 항체 (mAb)를 생성시키기 위해, Balb/c 마우스를 항원을 포함하는 LAMP 구축물로 면역화시키고, 표준 방법 (28)에 따라 면역 비장 세포를 SP2 골수종과 융합시킴으로써 하이브리도마를 생성시킨다. 항원과 특이적으로 반응하는 양성 웰을 관련 기술분야에 기술된 바와 같은 효소-결합 면역흡착 검정법에 의해 확인할 수 있다. 하이브리도마를 제한 희석에 의해 3회 클로닝함으로써 항체가 생산된다.

[0346] **실시예 8: 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물의 면역화**

[0347] 포유동물에서 항체를 생성시키는 방법이 관련 기술분야에 널리 공지되어 있다. 한 예에서, 병원체가 없는 토끼를 2개월의 기간에 걸쳐 총 500 μg의 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물로 면역화시킴으로써 항원을 포함하는 LAMP 구축물에 대한 폴리클로날 항혈청이 생성된다. 예를 들어, 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물이 PBS

내에 용해되어 동일한 부피의 프로인트 아주반트와 함께 에멀션화될 수 있다. 최종 부스터 후, 토끼의 혈청을 분리하여, 폴리클로날 항혈청의 역가를 결정할 수 있다.

[0348] 추가적인 동물 모델에서, 5마리 마우스 (C57BL/6J; 잭슨 랩스(Jackson Labs))의 그룹을 내독소가 없는, 항원을 포함하는 LAMP 구축물 (백반 내에 유화됨) 5 μg로 피하 면역화시킬 수 있다. 3주 후, 마우스에서 채혈하고, ELISA (직접적으로 또는 간접적으로 (비오틴화 태그 및 스트렙타비딘을 통해) 웰에 코팅된 야생형 BPTI 또는 APP-KI에 대한 혈청 내의 항체의 직접적인 결합)에 의해 혈청을 적정함으로써 항-항원 특이적 항체의 존재를 결정할 수 있다.

[0349] 모노클로날 항체를 수득하기 위해, 4-6주령 Balb/c 마우스를 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물로 면역화시킬 수 있다 (예를 들어, 1차 주사를 위한 프로인트 완전 아주반트 및 후속 면역화를 위한 프로인트 불완전 아주반트에 용해된 10-100 μg/주사로의 2주 간격의 4회). 비장세포를 단리하고, 융합 세포주 예컨대 Sp2/0 골수종 세포와 융합시킨 후, 제한 희석이 이어진다. 성장 중인 클론을 예를 들어 효소-결합 면역흡착 검정법 (ELISA)을 사용하여 스크리닝한다. 96 세포 플레이트를 항원을 포함하는 개선된 LAMP 구축물 또는 대조군 단백질로 코팅한다. 배양 상청액을 첨가한 후, 세정하고, 검출용의 표지된 항-마우스 항체를 첨가한다. 항-항원 항체를 생산하는 하이브리도마의 제한 희석 클로닝 후, 안정적인 하이브리도마가 수득된다. 각각의 세포로부터, 상청액을 수집하고, 단백질 A 세파로스 칼럼을 사용하는 친화력 크로마토그래피에 의해 모노클로날 항체를 정제할 수 있다.

[0350] **실시예 9 - IGFBP-2가 있는 LAMP 구축물**

[0351] 40년 넘는 동안 암 백신 개발이 추구되어 왔다. 그러나, 다양한 암 백신 제형의 수많은 임상 연구에도 불구하고, 치료적 암 백신접종은 전체적인 임상 이점이 약 20%였다[1, 2, 3, 4, 5]. 효능 개선에 대한 장애는 a) 암 연관 항원인 자가-단백질의 불량한 면역원성, b) 조절 T 세포의 유도[6], 및 c) 백신접종에 의해 수득되는 낮은 면역 반응을 포함하였다. 최근의 보고는 다수의 종양에서 종양 미세환경 내의 백신-유도 Th1 면역침윤물과 개선된 임상 반응의 상관관계를 시사한다[7, 8, 9, 10, 11].

[0352] 인슐린-유사 성장 인자 결합 단백질 2 (IGFBP-2)는 다수의 인간 종양의 진행 동안 상승되는 자가-단백질이다. IGFBP-2 과발현은 예후가 불량한 고등급 신경아교종과 상호관련되고[12], 유방암 환자에서 악성종양의 독립적인 지표물이다[13]. IGFBP2는 폐암 환자에서 전이 및 불량한 생존과 연관된다[14]. IGFBP2 과발현은 부신암[15], 방광암[16], 위암[17], 난소암[18, 19], 및 전립선암[20, 21]에서 진행 질환과 또한 상호관련된다.

[0353] **물질 및 방법**

[0354] **마우스.** 6 내지 8주령 암컷 C57BL/6 알비노 마우스를 엔비고(Envigo)에서 구입하고, 이뮤노믹 테라퓨틱스 인크 (매사추세츠주 록빌)의 동물 시설에서 유지시켰다.

[0355] **시약 및 항체.** 대조군 벡터 대조군, IGFBP2 (1-328)-LAMP 부재, 및 IGFBP2 (39-328)-ILC-1 구축물을 표준 프로토콜을 사용하여 본원에 기술된 바와 같이 제조하였다. 항-마우스 토끼 IGFBP2 PoAb는 마이바이오소스 (캘리포니아주 샌디에고)로부터의 것이었고, 염소 항-토끼 IgG-FITC는 이-바이오사이언시즈(e-biosciences) (캘리포니아주 샌디에고)로부터의 것이었으며, 토끼 항-인간 LAMP는 시노 바이올로지컬 (중국 북경)로부터의 것이었다. 염소 항-토끼-HRP, 염소 항-마우스 IgG1-HRP 및 염소 항-마우스 IgG2a-HRP는 서던 바이오테크놀러지즈 (앨라배마주 버밍엄)에서 구입하였다. 스트렙타비딘-HRP는 써모 피셔 (매사추세츠주 월섬)에서 구입하였다. 슈어블루 TMB 마이크로웰 퍼옥시다제 기질 및 TMB 정지 용액은 KPL (메릴랜드주 게이더스버그)에서 구입하였다. IL-10, 및 IFNγ에 대한 ELISPOT 항체 쌍은 바이오레전드로부터의 것이었다. 시토카인 ELISA 키트는 R&D 시스템즈(R&D systems)로부터의 것이었다.

[0356] **백신, 및 면역화.** 대조군, IGFBP2 (39-328)-ILC-1 구축물, 및 IGFBP2 (1-328)-LAMP 부재 백신이 용량당 20 μl/마우스의 총 부피로 사용되었다. 제0일, 제7일 및 제14일에 전기천공을 통한 IM 전달에 의해 마우스를 백신으로 면역화시켰다. 혈청 수집을 위해 제-13일 및 제28일에 마우스에서 채혈하였다. 혈청을 수집하고, -30℃에서 보관하였다. 제28일에 비장을 수집하고, ELISPOT/ELISA 검정법용으로 프로세싱하였다.

[0357] **ELISA에 의한 혈청 IGFBP-2-특이적 IgG의 측정.** IGFBP-2에 대한 뮤린 항체 반응을 간접 ELISA에 의해 평가하였다. 카르보네이트 비카르보네이트 완충제 내의 5 ug/ml IGFBP2 (39-328) 단백질로 ELISA 플레이트 (맥시소프)

를 철야로 코팅한 후, PBS 내의 2% BSA로 차단하였다. 혈청 샘플을 PBS-T에서 희석하였다 (1:100, 1:300, 1:900, 1:2700, 1:8100, 1:24300, 1:72900, 1:218700). 샘플을 1:6000 염소 항-마우스 IgG-HRP (서던 바이오테크, 앨라배마주 버밍엄)에 이어서 스트렙타비딘-HRP (써모 피셔 사이언티픽(Thermo Fisher Scientific), 일리노이주 록포드)로 검출하였다. KPL (메릴랜드주 게이더스버그)로부터의 슈어블루 TMB 기질로 반응을 발색시키고, TMB 정지 용액으로 정지시켰다. 에포크 ELISA 판독기 (바이오텍, 버몬트주 위누스키)를 사용함으로써 플레이트를 판독하였다 (OD450). 평균 배경 (PBS 단독)을 계산하였고, OD450 값이 2 * 평균 배경을 초과하는 샘플이 양성으로 간주되었다. 이같은 샘플의 희석물이 종점 역가로서 결정되었다.

[0358] **항원-특이적 T 세포 반응의 평가.** 백신접종 마우스에서 항원-특이적 T 세포 반응을 평가하기 위해, 백신접종 마우스로부터의 비장세포를 효소-결합 이뮤노스팟 (ELISPOT)에 의해 항원-특이적 IFNγ, 및 IL-10에 대해 평가하였다.

[0359] 비장세포에서 RBC를 고갈시키고, 편평바닥 96웰 플레이트에서 200 μl/웰 T 세포 배지 (RPMI-1640 + L-글루타민 및 HEPES (ATCC), 1% 페니실린, 1% 스트렙토마이신, 및 5 x 10^{-5}M 2-ME)로 4x10^{5}개의 세포/웰 및 10 μg/ml IGFBP2 (39-328) 단백질 또는 콘카나발린 A (0.25 μg/ml) 또는 배지 단독으로 72시간 동안 37℃, 5% CO_2에서 공동-배양하였다. 플레이트를 1600 rpm에서 6분 동안 원심분리하고, 상청액을 수집하고, -30℃에서 보관하였다.

[0360] ELISPOT 검정법을 본원에 기술된 바와 같이 수행하였다. 간략하게, 96-웰 니트로셀룰로스 플레이트 (밀리포어)를 30 ul의 35% 에탄올로 1분 동안 활성화시키고, PBS로 2회 세정하고, 철야로 4℃에서 50 μl/웰의 PBS 내의 포획 모노클로날 항체로 코팅하였다. 플레이트를 200 μl/웰 PBS로 3회 세정하고, 적어도 2시간 동안 실온에서 200 μl/웰 T 세포 배지로 차단하였다. 비장세포를 4x10^{5}개의 세포/웰로 플레이팅하고, 48시간 동안 37℃, 5% CO_2에서 200 μl/웰 T 세포 배지의 총 부피로 10 μg/ml IGFBP2 (39-328) 단백질 또는 10 ug/ml 펩티드 풀 또는 콘카나발린 A (0.25 μg/ml) 또는 배지 단독과 함께 공동-배양하였다. 플레이트를 세정하고, 희석된 검출 항체 (50 μl/웰)를 첨가하고, 플레이트를 진탕기 상에서 2시간 동안 실온에서 인큐베이션하였다. 플레이트를 PBS로 4회 세정하였다. PBS에 희석된 스트렙타비딘-HRP (50 μl/웰)를 첨가하고, 1시간 동안 인큐베이션하였다. 플레이트를 PBS로 세정하고, 50 μl/웰의 AEC 발색 용액으로 최대 30분 동안 발색시켰다. 흐르는 수돗물로 세정하여 발색을 정지시켰다. 암실에서 24-72시간 동안 실온으로 건조시킨 후, 발색 스팟을 AID ELISPOT 고해상도 판독기 시스템 및 AID ELISPOT 소프트웨어 버전 3.5 (오토이뮨 디아그노스티카 게엠베하)를 사용하여 계수하였다.

[0361] **세포내 시토카인의 평가.** 시토카인 생산을 담당하는 세포를 결정하기 위해, 세포내 염색을 수행하였다. 비장세포에서 RBC를 고갈시키고, 냉장고에서 24시간 동안 보관하였다. 다음날, 비장세포를 편평바닥 96웰 플레이트에서 200 ul/웰 T 세포 배지 (RPMI-1640 + L-글루타민 및 HEPES (ATCC), 1% 페니실린, 1% 스트렙토마이신, 및 5x10^{-5}M 2-ME)로 3x10^{6}개의 세포/웰 및 20 ug/ml IGFBP2 (39-328) 단백질 또는 펩티드 풀 또는 배지 단독으로 공동-배양하였다. 1시간 후에 브라펠딘 A 및 모넨신 (X1000)의 혼합물을 20 ul 부피로 각각의 웰에 첨가하였다 (20 ul 부피에 대해 웰당 0.22 ul; 모든 웰에 대해 모액을 제조함). PMA/이오노마이신 활성화 칵테일을 양성 대조군 웰에 BFA 및 모넨신과 함께 첨가하였다 (2개의 웰을 설정하였다; IgG 대조군에 대한 1개 및 시토카인 염색에 대한 다른 1개). 세포를 총 6시간 동안 37℃, 5% CO_2에서 인큐베이션하였다.

[0362] 세포를 200 μl PBS로 세정하였다. 세포를 50 ul의 희석된 좀비 아쿠아 염료 (PBS 내의 좀비 아쿠아의 1:500 희석물)로 염색하고, 빛으로부터 보호된 실온에서 20분 동안 인큐베이션하였다. 세포를 PBS 내의 2% 혈청으로 1회 세정하였다. 20 ul의 정제된 항-마우스 CD16/32mAb (클론 2.4G2; 1 ug/20 ul)를 세포에 첨가하고, 세포를 4℃에서 10분 동안 인큐베이션하였다. 세포를 원심분리하고 (2000 rpm, 6분), 상청액을 따라내고, 2% 혈청이 보충된 PBS 내의 세포외 항체를 첨가하였다. 항체는 각각 0.3 ul/웰이었다. Ab를 50 μl/웰의 부피로 첨가하고, 30분 동안 4℃에서 인큐베이션하였다 (CD3 클론 17A2가 T 세포를 활성화시킬 수 있고, 따라서 4℃ 온도가 중요함).

[0363] 세포를 PBS + 단백질 (2% FCS)로 세정하고, 고정시키고, 4℃에서 30분 동안 100 μl의 사이토픽스(CytoFix)/사이토펌(CytoPerm) 용액으로 투과화시켰다 (고정 완충제를 첨가할 때 멀티채널로 철저하게 혼합하여, 응집물 및 더블릿 형성을 감소시켰음). 세포를 200 μl 펌(Perm)/워시(Wash) 완충제 (1X)로 2회 세정하였다 (2000 rpm, 6분). 세포를 펌 완충제 내의 0.5 μl Ab/웰의 세포내 염색 Ab로 염색하였다. PMA/이오노마이신 웰 중 하나를

이소타입 대조군으로 염색하였다. 1시간 (또는 철야) 인큐베이션 후, 세포를 펌 완충제로 2회 세정하고, 유동 세포측정기로 세포를 획득하였다. 획득 동안, 이벤트/초는 8000 미만이었다. $>10^6$개의 세포/샘플을 획득하였다. 획득된 데이터를 칼루자 분석 소프트웨어를 사용하여 분석하였다. 죽은 세포 및 더블릿은 게이팅으로 제거하였다.

[0364] **통계.** 프리즘 6 소프트웨어 (그래프패드 소프트웨어(GraphPad Software), 캘리포니아주 라호야)를 사용하여 통계 분석을 수행하였다. 데이터를 1원 ANOVA에 이어서 다중 비교를 위한 튜키 검정에 의해 분석하였다. 0.05 미만의 p 값이 통계적으로 유의한 차이를 가리키는 것으로 간주되었다.

[0365] **결과. 도 21:** IGFBP2 (39-328)-ILC-1 구축물이 10 ug IM/EP 면역화의 용량에서 유의하게 더 높은 IFNɣ 생산 이펙터 T 세포를 유도하였다. 펩티드 풀 1이 IGFBP-2 전장 단백질과 유사한 IFNɣ 반응을 유도하였고, 이는 펩티드 풀 1 내의 우세한 에피토프를 가리킨다. 비장세포 ($4x10^5$개/웰)를 T 세포 배지 (RPMI + 10% 열 불활성화 FBS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 및 1X 2-ME) 내의 IGFBP-2 단백질 (10 ug/ml) 또는 펩티드 풀 (10 ug/ml)로 48시간 동안 자극하였다. 도트 플롯 내의 값은 각각의 마우스에 대한 실험 - 배지이다. N = 7 마리 마우스/그룹. **도 21a:** IGFBP2 전장 (10 ug/ml)으로의 회상을 나타내는 도트 플롯 및 **도 21b:** 펩티드 풀 1 (10 ug/ml)로의 회상을 나타내는 도트 플롯. *는 $p<0.05$를 가리킨다.

[0366] **도 22.** IGFBP2 (39-328)-ILC-1 구축물이 10 ug IM/EP 면역화의 용량에서 IFNɣ 및/또는 TNFα 생산 CD4+ 및 CD8+ 이펙터 기억 T 세포를 유도하였다. 비장세포 ($4x10^5$개/웰)를 T 세포 배지 (RPMI + 10% 열 불활성화 FBS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 및 1X 2-ME) 내의 IGFBP-2 단백질 (10 ug/ml) 또는 펩티드 풀 1 (5ug/ml)로 6시간 동안 자극하였다. 세포를 기술된 바와 같이 세포내 시토카인에 대해 염색하고, 하기 제시된 바와 같이 분석하였다. 각각의 그룹으로부터의 대표 데이터.

[0367] **도 23: IM/EP에 의해 IGFBP2 (39-328)-ILC-1 구축물로 면역화된 C57BL/6 알비노 마우스에서의 IGFBP-2-특이적 IgG 생산.** 암컷 C57BL/6 알비노 마우스를 제0일, 제7일 및 제14일에 20 μl PBS 내의 10 ug의 지시된 백신으로 IM/EP 면역화시켰다. 마우스에서 제-6일, 제28일에 채혈하였다. 혈청을 분리하고, -30℃에서 보관하였다. ELISA에 의해 IgG를 결정하였다. 간략하게, 카르보네이트 비카르보네이트 완충제 내의 5 μg/ml IGFBP-2 (39-328)로 ELISA 플레이트를 코팅한 후, 2% BSA로 차단하고, 혈청 (PBS-T 내의 1:100 희석물)을 HRP-접합 염소 항 마우스 IgG (1:6000)에 의해 평가하였다. 평균 배경 (PBS 단독)을 계산하였고, OD450 값이 2 * 평균 배경을 초과하는 샘플이 양성으로 간주되었다. 이같은 샘플의 희석물이 종점 역가로서 결정되었다.

[0368] 이러한 실시예에서 의존된 참고문헌.

[0369] 1. Melero, I. *et al.* Therapeutic vaccines for cancer: an overview of clinical trials. *Nat Rev Clin Oncol* **11**, 509-524 (2014).

[0370] 2. Obeid, J., Hu, Y. & Slingluff, C.L., Jr. Vaccines, Adjuvants, and Dendritic Cell Activators--Current Status and Future Challenges. *Semin Oncol* **42**, 549-561 (2015).

[0371] 3. Pol, J. *et al.* Trial Watch: Peptide-based anticancer vaccines. *Oncoimmunology* **4**, e974411 (2015).

[0372] 4. Speiser, D.E. & Romero, P. Molecularly defined vaccines for cancer immunotherapy, and protective T cell immunity. *Semin Immunol* **22**, 144-154 (2010).

[0373] 5. Thomas, A. & Giaccone, G. Why has active immunotherapy not worked in lung cancer? *Ann Oncol* **26**, 2213-2220 (2015).

[0374] 6. Ebert, L.M. *et al.* A cancer vaccine induces expansion of NY-ESO-1-specific regulatory T cells in patients with advanced melanoma. *PLoS One* **7**, e48424 (2012).

[0375] 7. Galon, J. *et al.* Type, density, and location of immune cells within human colorectal tumors predict clinical outcome. *Science* **313**, 1960-1964 (2006).

[0376] 8. Fridman, W.H., Pages, F., Sautes-Fridman, C. & Galon, J. The immune contexture in human tumours: impact on clinical outcome. *Nat Rev Cancer* **12**, 298-306 (2012).

[0377] 9. Kenter, G.G. *et al.* Vaccination against HPV-16 oncoproteins for vulvar intraepithelial neoplasia. *N Engl J Med* **361**, 1838-1847 (2009).

[0378] 10. Madan, R.A., Bilusic, M., Heery, C., Schlom, J. & Gulley, J.L. Clinical evaluation of TRICOM vector therapeutic cancer vaccines. *Semin Oncol* **39**, 296-304 (2012).

[0379] 11. Disis, M.L. *et al.* Concurrent trastuzumab and HER2/neu-specific vaccination in patients with metastatic breast cancer. *J Clin Oncol* **27**, 4685-4692 (2009).

[0380] 12. Moore, L.M. *et al.* IGFBP2 is a candidate biomarker for Ink4a-Arf status and a therapeutic target for high-grade gliomas. *Proc Natl Acad Sci U S A* **106**, 16675-16679 (2009).

[0381] 13. Busund, L.T. *et al.* Significant expression of IGFBP2 in breast cancer compared with benign lesions. *J Clin Pathol* **58**, 361-366 (2005).

[0382] 14. Hu, Q. *et al.* Is insulin-like growth factor binding protein 2 associated with metastasis in lung cancer? *Clin Exp Metastasis* **31**, 535-541 (2014).

[0383] 15. Boulle, N., Logie, A., Gicquel, C., Perin, L. & Le Bouc, Y. Increased levels of insulin-like growth factor II (IGF-II) and IGF-binding protein-2 are associated with malignancy in sporadic adrenocortical tumors. *J Clin Endocrinol Metab* **83**, 1713-1720 (1998).

[0384] 16. Miyake, H., Hara, I., Yamanaka, K., Muramaki, M. & Eto, H. Prognostic significance of insulin-like growth factor (IGF) binding protein-2 to IGF-binding protein-3 ratio in patients undergoing radical cystectomy for invasive transitional cell carcinoma of the bladder. *BJU Int* **95**, 987-991 (2005).

[0385] 17. Shi, L.H., Zhu, X.Q., Zhao, G.H., Xia, Y.B. & Zhang, Y.S. Expression of insulin-like growth factor binding protein-2 in gastric carcinoma and its relationship with cell proliferation. *World J Gastroenterol* **12**, 6285-6289 (2006).

[0386] 18. Lee, E.J. *et al.* Insulin-like growth factor binding protein 2 promotes ovarian cancer cell invasion. *Mol Cancer* **4**, 7 (2005).

[0387] 19. Lukanova, A. *et al.* Risk of ovarian cancer in relation to prediagnostic levels of C-peptide, insulin-like growth factor binding proteins-1 and -2 (USA, Sweden, Italy). *Cancer Causes Control* **14**, 285-292 (2003).

[0388] 20. Degraff, D.J., Aguiar, A.A. & Sikes, R.A. Disease evidence for IGFBP-2 as a key player in prostate cancer progression and development of osteosclerotic lesions. *Am J Transl Res* **1**, 115-130 (2009).

[0389] 21. Shariat, S.F. *et al.* Association of preoperative plasma levels of insulin-like growth factor I and insulin-like growth factor binding proteins-2 and -3 with prostate cancer invasion, progression, and metastasis. *J Clin Oncol* **20**, 833-841 (2002).

[0390] **실시예 10: CMV pp65 및 gB를 포함하는 LAMP 구축물**

[0391] 다형성 교모세포종 (GBM) 뇌암은 5년 생존율이 10% 미만인 공격적인 인간 뇌암이다 (Schuessler A et al. 2014). 현재의 치료는 외과 수술에 의한 종양 제거 및 방사선을 포함하지만, 성공적인 치료는 중앙값 생존을 약 15개월로 증가시킬 뿐이다. 면역요법을 포함하여 여러 임상 시도가 GBM에 대해 현재 평가 중이다. 흥미롭게도, GBM 종양이 항원 pp65를 포함하는 CMV 항원을 발현한다는 것이 최근에 발견되었다. CMV는 종양발생 바이러스가 아니기 때문에 GBM에서의 CMV의 역할은 불분명하지만, 치료적 관점에서, CMV 항원의 존재는 면역-기반 GBM 치료를 위해 기존의 항바이러스 면역을 활용할 특유한 기회를 제공한다. 최근의 보고는 특유한 프로토콜로 LAMP-pp65 mRNA로 형질감염된 DC를 이용하는 자가 면역요법이 GBM 환자의 생존을 상당히 개선시켰음을 나타냈다. 구체적으로, 유니버시티 오브 플로리다(University of Florida)의 듀안 에이 밋첼(Duane A. Mitchell) 박사는 생체 외에서 생성되어, LAMP-pp65 mRNA로 펄싱되고, 다시 GBM 환자 내로 주사된 자가 DC가 GBM 환자의 생존을 상당히 개선시켰음을 나타냈다. pp65-형질감염 DC에 대한 프로토콜은 DC 주사 24시간 전의 테타누스/디프테리아 백신의 주사에 의한 주사 부위의 예비-컨디셔닝을 또한 요구하였다 (Mitchell DA et al., 2015).

[0392] 여기에서, 본 발명자들은 파마젯 및 ID/EP를 사용하여 pp65+ILC-1 LAMP 구축물과 gB+ ILC-1 LAMP 백신을 비교한다.

[0393] **물질 및 방법**

[0394] **시약.** 플라스미드 구축물 대조군, pp65+ILC-1 LAMP 구축물, 및 gB+ ILC-1 LAMP를 본원에 기술된 바와 같이 구축하였다. ELISPOT용 pp65 및 gB 펩티드는 JPT에서 구입하였다 (70% 순도). 톤보바이오(TonboBio)에서 RBC 용해 완충제를 구입하고, 0.22 μm 필터에 여과시켰다. ConA (시그마(Sigma))는 2.5 ug/ml로 사용되었다. IFN γ ELISPOT용 항체는 이바비오사이언스(eBioscience) 또는 바이오레전드에서 구입하였다. IL-10 ELISPTO 시약, SA-ALP 및 BCIP/NBT 플러스는 맵테크(MabTech)에서 구입하였다. 서던 바이오테크로부터의 HRP 항-마우스 항체를 사용하여 Ab 역가를 평가하였다. CMV로 감염된 세포의 용해물은 바이러시스(Virusys)에서 구입하였다. 용해물은 제조사에 의해 비-감염성인 것으로 확인되었다.

[0395] **면역화 및 혈장 수집.** 이뮤노믹 테라퓨틱스 인크의 동물 시설에서 번식 및 유지된 6 내지 8주령 수컷 BALB/C 마우스. 제0일, 제7일 및 제14일에 ID (파마젯) 또는 전기천공을 통한 ID에 의해 마우스를 백신으로 면역화시켰다. 제26일에 마우스를 희생시켰다.

[0396] **ELISPOT.** ELISPOT을 세포수를 제외하고는 본원에 기술된 바와 같이 수행하였다: 세포를 웰당 $2*10^5$개의 비장세포로 시딩하였다. 희생된 마우스로부터의 비장에 배지를 플러싱하고, 적혈구를 용해시킨 후, 세포계산기를 사용하여 세포를 계수하였다. ELISPOT 웰당 $2*10^5$개의 비장세포를 시딩하고, 배지 (RPMI + HEPES + 10% HI 이퀄 페탈(Fetal) + NaP + βME + P/S), 이중 PP65 및 gB 펩티드 (1 μg/ml의 각각의 펩티드) 또는 ConA (2.5 ug/ml)와 함께 인큐베이션하였다. 각각의 마우스에 대해 이중물을 평균하고 RPMI 웰로부터의 값을 감소시킨 후 결과가 제시된다.

[0397] **항체 역가.** CMV로 감염된 세포의 용해물을 사용하여 항체 역가를 평가하였다. 총 IgG 및 IgG2a를 평가하였다. 총 IgG에 대해서만 결과가 계산되었고, 1:100 OD 결과만 비교되었다.

[0398] **결과. 도 24**는 pp65 및 gB 펩티드 둘 다로 IFNγ가 유도되었음을 나타낸다. 추가적으로, 최종 채혈물로부터 혈청 Ab를 테스트하였다. CMV-형질감염 세포로부터의 용해물이 사용된 경우, 양쪽 면역화에 대해 유사한 IgG 역가가 보인다. 구체적으로, **도 25**는 CMV-형질감염 세포 용해물에 대해 면역화된 마우스의 혈청 내의 총 IgG (왼쪽) 및 IgG2a (오른쪽) 항체 역가를 나타낸다. 통계 분석은 맨 휘트니 검정을 사용하여 그래프패드 프리즘에서 행해졌다. IgG2a CMV-용해물 Ag - P = 0.041

[0399] **실시예 11. PSMA를 포함하는 LAMP 구축물**

[0400] 전립선암은 남성에서 가장 빈번하게 진단된 암이고, 미국에서 남성의 암 사망의 두번째로 가장 통상적인 원인이다[1]. 국소화된 질환의 경우, 수술 및 방사선이 계속해서 치유 치료이지만, 삶의 질에 부정적으로 영향을 미칠 수 있는 소변 증상 및 성 기능장애와 같은 유해 효과가 있다. 전이성 질환의 경우, 초기 치료로서의 화학요법이 현재 안드로겐 박탈 치료 단독 (ADT)에 비교하여 생존을 연장시키는 것으로 보인다[2]. ADT는 a) 골 무기질 밀도 감소 및 골다공증 취약성 골절의 위험 증가, b) 거세 저항성 전립선암 (CRPC)의 발달과 연관된다. 전립선암 세포를 인식하여 사망시키도록 면역계를 이용하는 방법이 개발 중이다. 한 이같은 시도는 무증상 또는 최소 증상 전이성 CRPC (mCRPC)의 치료를 위한 전립선 산 포스파타제 (PAP)를 표적화하는 FDA 승인 자가 세포 면역요법인 시푸류셀-T로 이어졌다[3]. 다수의 백신 후보, 뿐만 아니라 표적화된 모노클로날 항체를 사용하는 접근법을 포함하여 전립선암에 대한 추가적인 면역요법이 개발 중이다[4, 5].

[0401] T 세포- 또는 항체-기반 면역요법에 대한 유망한 표적을 나타내는 여러 종양-연관 항원 (TAA)이 확인되었다. 정상 및 악성 전립선 조직에서 우선적으로 발현되는 일군의 분자는 전립선-특이적 막 항원 (PSMA), 프로스테인, 전립선-특이적 항원 (PSA), 전립선 산 포스파타제 (PAP), 전립선 줄기 세포 항원 (PSCA), T 세포 수용체 감마 교대 판독 프레임 단백질 (TARP), 일시적 수용체 전위 (trp)-p8 및 전립선의 6-막횡단 상피 항원 1 (STEAP1)을 포함한다.

[0402] 인간 전립선 특이적 막 항원 (PSMA), 일명 폴레이트 히드롤라제 I (FOLH1)은 아미노산 750개의 II형 막 당단백질이고, 이는 정상적인 인간 전립선 상피에서 주로 발현되고, 전이성 질환을 포함하는 전립선암에서 상향조절된다. PSMA (Folh1)의 마우스 호모로그는 마우스 전립선에서 발현되는 것이 아니라, 뇌 및 신장에서 주로 발현된다. 마우스 Folh1은 인간 PSMA 아미노산 서열에 대한 86% 동일성 및 91% 유사성으로 아미노산 752개의 단백질을 코딩한다[6]. PSMA는 전립선의 중요한 임상 바이오마커로 간주되는데, 다른 조직의 세포보다 전립선 세포에서

많은 배수로 더 높게 발현되기 때문이다[7, 8, 9]. PSMA 발현 증가와 전립선암 진행 사이의 강한 상관관계가 지시되었다[10]. PSMA 발현 상승은 신장 및 방광 암을 포함하는 다른 악성종양과 또한 연관된다[11]. PSMA 발현 상승이 종양 신생혈관구조에서 관찰되었지만, 정상 혈관구조에서는 그렇지 않았고, 이는 혈관생성에서의 PSMA의 역할을 시사한다[12]. 막 단백질인 PMSA는 진단 및 치료 목적을 위해 이에 대한 항체를 개발하기 위한 매력적인 표적이다[13]. 여러 치료용 항-PSMA mAb가 개발되었고, 이들 중 다수가 세포독성 방사성 뉴클레오티드를 PSMA 발현 세포로 특이적으로 표적화하기 위해 방사선면역요법에서 사용되었다[14]. 일부 항-PSMA mAb는 전립선암 세포를 사망시키는 항체-의존적 세포성 세포독성 (ADCC) 효과를 촉진함으로써 치료 효과를 매개하는 것으로 입증되었다[4, 14, 15].

[0403] **물질 및 방법**

[0404] **마우스.** 6 내지 8주령 암컷 C57BL/6 알비노 마우스를 엔비고에서 구입하고, 이뮤노믹 테라퓨틱스 인크 (매사추세츠주 록빌)의 동물 시설에서 유지시켰다.

[0405] **시약 및 항체.** 대조군 및 PSMA-ILC-1 LAMP 구축물을 본원에 기술된 바와 같이 제조하였다. 인간 PSMA PepMix (185개의 펩티드, 11aa가 중첩된 15량체)는 JPT (매사추세츠주 액튼)로부터의 것이었다. 마우스 항-인간 PSMA 알렉사 플루오르(Alexa Flour) 488, 염소 (Fab)2 항-마우스 IgG-Fc PE는 압캠(abcam) (매사추세츠주 캠브리지)으로부터의 것이고, 토끼 항-인간 LAMP는 시노 바이올로지컬 (중국 북경)로부터의 것이었다. 염소 항-토끼-HRP, 염소 항-마우스 IgG1-HRP 및 염소 항-마우스 IgG2a-HRP는 서던 바이오테크놀러지즈 (앨라배마주 버밍엄)에서 구입하였다. 스트렙타비딘-HRP는 써모 피셔 (매사추세츠주 월섬)에서 구입하였다. 슈어블루 TMB 마이크로웰 퍼옥시다제 기질 및 TMB 정지 용액은 KPL (메릴랜드주 게이더스버그)에서 구입하였다. IFNg에 대한 ELISPOT 항체 쌍은 바이오레전드로부터의 것이었다.

[0406] **백신, 및 면역화.** 대조군 벡터, PSMA-ILC-1 LAMP 구축물이 용량당 20 μl/마우스의 총 부피로 사용되었다. 제0일, 제21일에 전기천공을 통해 ID에 의해 마우스를 백신으로 면역화시켰다. 혈청을 수집하고, -30℃에서 보관하였다. 제34일에 ELISPOT/ELISA 검정법용으로 비장을 수집하였다.

[0407] **항원-특이적 T 세포 반응의 평가.** 백신접종 마우스에서 항원-특이적 T 세포 반응을 평가하기 위해, 백신접종 마우스로부터의 비장세포를 효소-결합 이뮤노스팟 (ELISPOT)에 의해 항원-특이적 IFNγ 및 IL-10에 대해 평가하였다. 비장세포에서 RBC를 고갈시키고, 편평바닥 96웰 플레이트에서 200 μl/웰 T 세포 배지 (RPMI-1640 + L-글루타민 및 HEPES (ATCC), 1% 페니실린, 1% 스트렙토마이신, 및 5 x 10-5M 2-ME)로 $4x10^5$개의 세포/웰 및 10 μg/ml IGFBP2 (39-328) 단백질 또는 콘카나발린 A (0.25 μg/ml) 또는 배지 단독으로 72시간 동안 37℃, 5% CO_2에서 공동-배양하였다. 플레이트를 1600 rpm에서 6분 동안 원심분리하고, 상청액을 수집하고, -30℃에서 보관하였다.

[0408] ELISPOT 검정법을 본원에 기술된 바와 같이 수행하였다. 간략하게, 96-웰 니트로셀룰로스 플레이트 (밀리포어)를 30 ul의 35% 에탄올로 1분 동안 활성화시키고, PBS로 2회 세정하고, 철야로 4℃에서 50 μl/웰의 PBS 내의 포획 모노클로날 항체로 코팅하였다. 플레이트를 200 μl/웰 PBS로 3회 세정하고, 적어도 2시간 동안 실온에서 200 μl/웰 T 세포 배지로 차단하였다. 비장세포를 $3x10^5$개의 세포/웰로 플레이팅하고, 48시간 동안 37℃, 5% CO_2에서 200 μl/웰 T 세포 배지의 총 부피로 PSMA에 대한 10, 5, 2, 1, 0.1, 0.01 μg/ml PSMA JPT 펩티드 믹스 또는 콘카나발린 A (0.25 μg/ml) 또는 배지 단독과 함께 공동-배양하였다. 플레이트를 세정하고, 희석된 검출 항체 (50 μl/웰)를 첨가하고, 플레이트를 진탕기 상에서 2시간 동안 실온에서 인큐베이션하였다. 플레이트를 PBS로 4회 세정하였다. PBS에 희석된 스트렙타비딘-HRP (50 μl/웰)를 첨가하고, 1시간 동안 인큐베이션하였다. 플레이트를 PBS로 세정하고, 50 μl/웰의 AEC 발색 용액으로 최대 30분 동안 발색시켰다. 흐르는 수돗물로 세정하여 발색을 정지시켰다. 암실에서 24-72시간 동안 실온으로 건조시킨 후, 발색 스팟을 AID ELISPOT 고해상도 판독기 시스템 및 AID ELISPOT 소프트웨어 버전 3.5 (오토이뮨 디아그노스티카 게엠베하)를 사용하여 계수하였다.

[0409] **ELISA에 의한 혈청 PSMA-특이적 IgG/IgG2a 및 프로스테인-특이적 IgG/IgG2a의 측정.** PSMA에 대한 뮤린 항체 반응을 간접 ELISA에 의해 평가하였다. 카르보네이트 비카르보네이트 완충제 내의 5 ug/ml의 PSMA 단백질로 ELISA 플레이트 (맥시소프)를 철야로 코팅한 후, PBS 내의 2% BSA로 차단하였다. 혈청 샘플을 PBS-T에서 희석하였다 (1:100, 1:300, 1:900, 1:2700, 1:8100, 1:24300, 1:72900, 1:218700). 샘플을 1:6000 염소 항-마우스

IgG-HRP 또는 1:11000 염소 항 마우스 IgG2a-HRP (서던 바이오테크, 앨라배마주 버밍엄)에 이어서 스트렙타비딘-HRP (써모 피셔 사이언티픽, 일리노이주 록포드)로 검출하였다. KPL (메릴랜드주 게이더스버그)로부터의 슈어 블루 TMB 기질로 반응을 발색시키고, TMB 정지 용액으로 정지시켰다. 에포크 ELISA 판독기 (바이오텍, 버몬트주 위누스키)를 사용함으로써 플레이트를 판독하였다 (OD450). 평균 배경 (PBS 단독)을 계산하였고, OD450 값이 2 * 평균 배경을 초과하는 샘플이 양성으로 간주되었다. 이같은 샘플의 희석물이 종점 역가로서 결정되었다.

[0410] **세포내 시토카인의 평가.** 시토카인 생산을 담당하는 세포를 결정하기 위해, 세포내 염색을 수행하였다. 비장세포에서 RBC를 고갈시키고, 냉장고에서 24시간 동안 보관하였다. 다음날, 비장세포를 편평바닥 96웰 플레이트에서 200 ul/웰 T 세포 배지 (RPMI-1640 + L-글루타민 및 HEPES (ATCC), 1% 페니실린, 1% 스트렙토마이신, 및 5x10-5M 2-ME)로 $3x10^6$개의 세포/웰 및 2 ug/ml PSMA (JPT 펩티드 믹스) 또는 배지 단독으로 공동-배양하였다. 1시간 후에 브라펠딘 A 및 모넨신 (X1000)의 혼합물을 20 ul 부피로 각각의 웰에 첨가하였다 (20 ul 부피에 대해 웰당 0.22 ul; 모든 웰에 대해 모액을 제조함). PMA/이오노마이신 활성화 칵테일을 양성 대조군 웰에 BFA 및 모넨신과 함께 첨가하였다 (2개의 웰을 설정하였다; IgG 대조군에 대한 1개 및 시토카인 염색에 대한 다른 1개). 세포를 총 6시간 동안 37℃, 5% CO_2에서 인큐베이션하였다.

[0411] 라이브/데드 염색 (이러한 단계에서 단백질 없음): 세포를 200 μl PBS로 세정하였다 (이러한 세정에 단백질 없음). 세포를 50 ul의 희석된 좀비 아쿠아 염료 (PBS 내의 좀비 아쿠아의 1:500 희석물)로 염색하고, 빛으로부터 보호된 실온에서 20분 동안 인큐베이션하였다 (이러한 단계에서 단백질 없음). 세포를 PBS 내의 2% 혈청으로 1회 세정하였다.

[0412] Fc 차단: 20 ul의 정제된 항-마우스 CD16/32mAb (클론 2.4G2; 1 ug/20 ul)를 세포에 첨가하고, 세포를 4℃에서 10분 동안 인큐베이션하였다.

[0413] 표면 염색: 세포를 원심분리하고 (2000 rpm, 6분), 상청액을 따라내고, 2% 혈청이 보충된 PBS 내의 세포외 항체를 첨가하였다. 항체는 각각 0.3 ul/웰이었다. Ab를 50 μl/웰의 부피로 첨가하고, 30분 동안 4℃에서 인큐베이션하였다 (CD3 클론 17A2가 T 세포를 활성화시킬 수 있고, 따라서 4℃ 온도가 중요함).

[0414] 고정 및 투과화: 세포를 PBS + 단백질 (2% FCS)로 세정하고, 고정시키고, 4℃에서 30분 동안 100 μl의 사이토픽스/사이토펌 용액으로 투과화시켰다 (고정 완충제를 첨가할 때 멀티채널로 철저하게 혼합하여, 응집물 및 더 블릿 형성을 감소시켰음). 세포를 200 μl 펌/워시 완충제 (1X)로 2회 세정하였다 (2000 rpm, 6분).

[0415] 세포내 염색: 세포를 펌 완충제 내의 0.5 μl Ab/웰의 세포내 염색 Ab로 염색하였다. PMA/이오노마이신 웰 중 하나를 이소타입 대조군으로 염색하였다. 1시간 (또는 철야) 인큐베이션 후, 세포를 펌 완충제로 2회 세정하고, 유동 세포측정기로 세포를 획득하였다. 획득 동안, 이벤트/초는 8000 미만이었다. $>10^6$개의 세포/샘플을 획득하였다.

[0416] 획득된 데이터를 칼루자 분석 소프트웨어를 사용하여 분석하였다. 죽은 세포 및 이중선은 게이팅으로 제거하였다.

[0417] **통계.** 프리즘 6 소프트웨어 (그래프패드 소프트웨어, 캘리포니아주 라호야)를 사용하여 통계 분석을 수행하였다. 데이터를 1원 ANOVA에 이어서 다중 비교를 위한 튜키 검정에 의해 분석하였다. 0.05 미만의 p 값이 통계적으로 유의한 차이를 가리키는 것으로 간주되었다.

[0418] **도 26**은 PSMA-ILC-1 LAMP 구축물이 20 ug ID/EP 면역화의 용량에서 유의하게 더 높은 IFNγ 생산 이펙터 T 세포를 유도하였음을 나타낸다. 비장세포 ($3x10^5$개/웰)를 T 세포 배지 (RPMI + 10% 열 불활성화 FBS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 및 1X 2-ME) 내의 JPT로부터의 PSMA 펩티드 믹스 (2, 1, 0.1, 0.01, 0.001 ug/ml)로 48시간 동안 자극하였다. 도트 플롯 내의 값은 각각의 마우스에 대한 실험 - 배지이다. N = 7 마리 마우스/그룹. 도트 플롯은 PSMA로의 회상을 나타낸다.

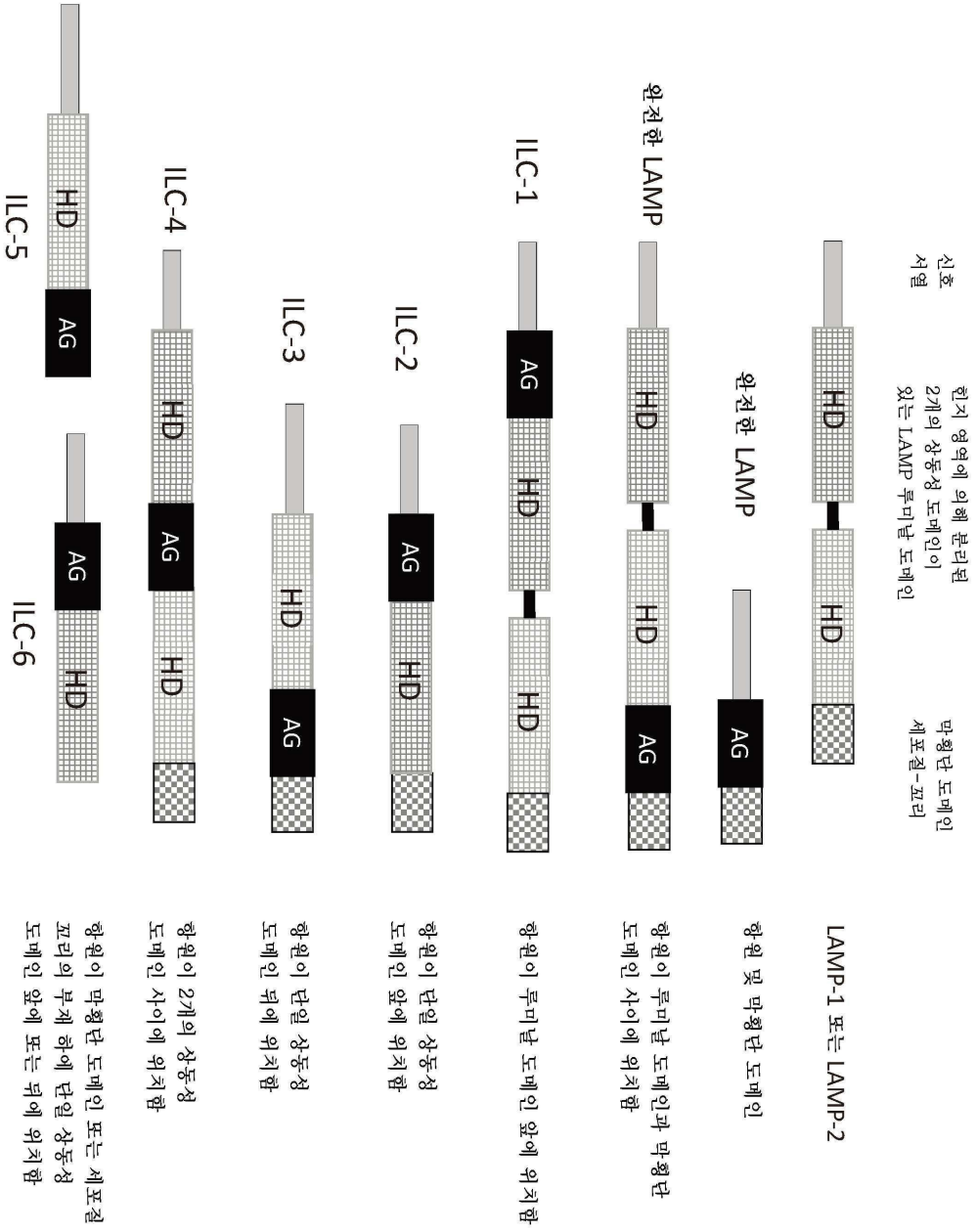
[0419] **도 27**은 PSMA-ILC-1 LAMP 구축물이 20 ug ID/EP 면역화의 용량에서 IFNγ 생산 CD4+ 및 CD8+ 이펙터 기억 T 세포를 유도하였음을 나타낸다. 비장세포 ($3x10^5$개/웰)를 T 세포 배지 (RPMI + 10% 열 불활성화 FBS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 및 1X 2-ME) 내의 PSMA 펩티드 (JPT; 2 ug/ml)로 6시간 동안 자극하였다. 세포를 기술된 바와 같이 세포내 시토카인에 대해 염색하고, 하기 제시된 바와 같이 분석하였다. 개별적인 마우스로부터의 데이터가 제시된다.

[0420] **도 28**은 ID/EP를 통한 면역화에 의해 PSMA-ILC-1 LAMP 구축물로 면역화된 C57BL/6 마우스에서의 총 IgG 및 IgG2A 생산을 나타낸다. ELISA에 의해 혈장에서 IgG를 결정하였다. 간략하게, 카르보네이트 비카르보네이트 완충제 내의 5 μg/ml의 PSMA로 ELISA 플레이트를 코팅한 후, 2% BSA로 차단하고, 혈청 (PBS-T 내의 1:100 희석물)을 HRP-접합 염소 항 마우스 IgG (1:6000)에 의해 평가하였다.

[0421] 본원에서 기술된 것의 변동, 변형 및 기타 실행이 본 발명 및 청구범위의 취지 및 범주를 벗어나지 않으면서 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 일어날 것이다. 모든 특허, 특허 출원, 국제 출원 및 확인된 참고문헌은 이의 전문이 명백하게 본원에 참조로 포함된다.

도면

도면1



도면2ai

도 2a

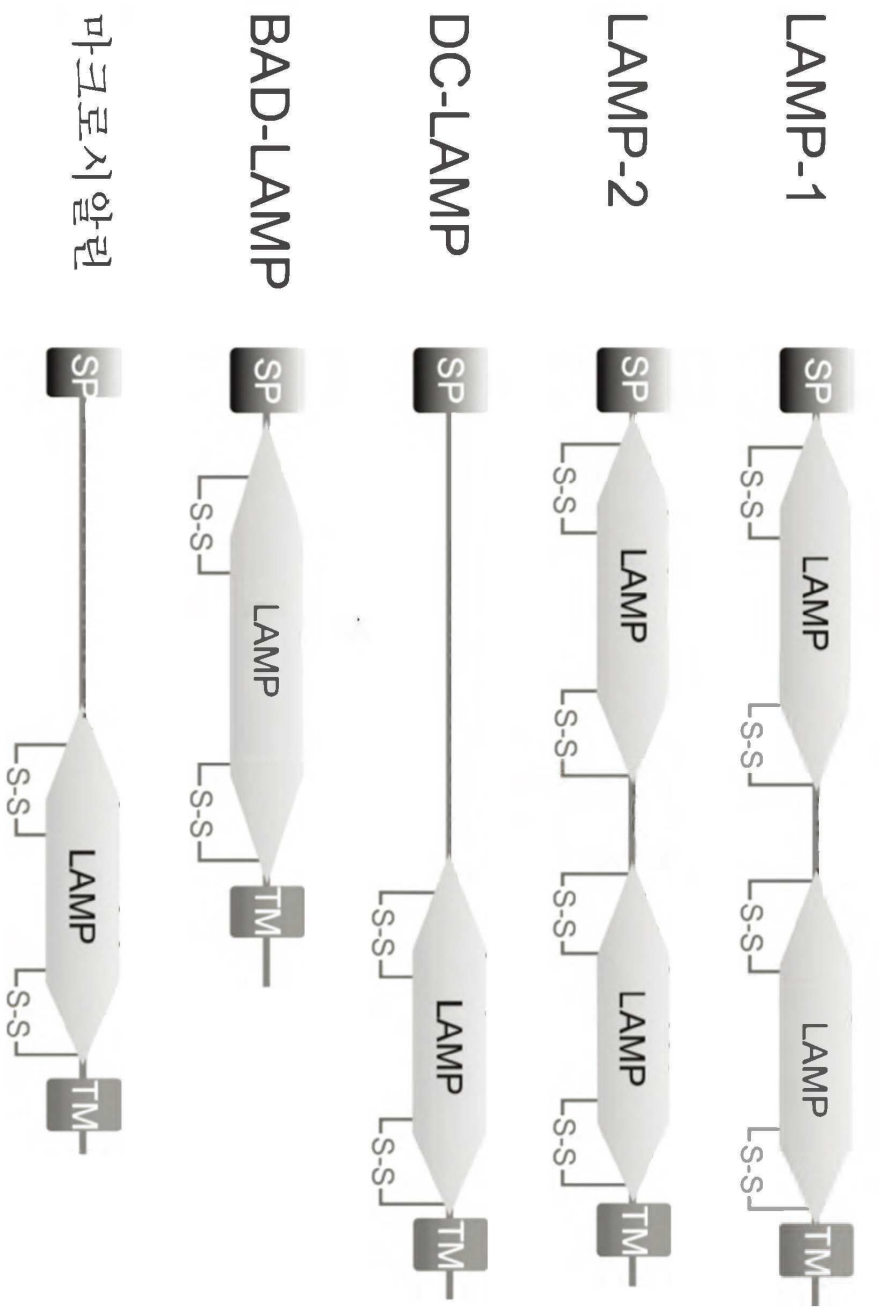
				루미날 도메인				
유전자 명칭 수탁 번호	대체 명칭	SEQ ID NO.	오르토로그	신호 서열	제1 삼중쇄 도메인	힌지 영역	제2 삼중쇄 도메인	막횡단 도메인	세포질 꼬리
h. LAMP-1 NP_005552.3	CD107a; LAMPA; LGP120	1	SEQ ID NO: 6-24	1-28	29-194	195-227	228 내지 381 또는 382	382 또는 383 내지 405	406-417
h. LAMP-2 NP_002285.1	CD107b; LAMPB; LGP110	2	SEQ ID NO:25-43	1-28	29-192	193-228	229-375	376-399	400-410
h. LAMP-3 NP_055213.2	CD208; DC LAMP; DC-LAMP; DCLAMP; TSC403	3	SEQ ID NO:44-55	1-27	28-219	220-234	235-381	382-402	403-416
LIMP-2 Q14108	AMRF; EPM4; LGP85; CD36L2; HLGP85; LIMPII; SR-BII; SCARB2	4	SEQ ID NO:56-66	*5-27 막횡단 *절단 불가능	28-433			434-459	460-478
h. 엘돌린 NP_006007.2	시알로뮤신 CD164 MUC-24	5	SEQ ID NO:73-79	1-23	24-162			163-183	184-197
마크로사일린 NP_001242.2	CD68	80	SEQ ID NO: 81-92	1-21	22-319			320-344	345-354

도면2aii

도 2a 계속

LAMP5 NP 036393	BD-LAMP	93	SEQ ID NO: 94-101	1-29	30-235	236-256	257-280
h. LIMBIC NP_002329.2	LSAMP IGLON3	67	SEQ ID NO: 68-72 및 102-113	1-28	29-315	316-338	꼬리 없음

도면2b



도면3i

오르토로그 서열과의 인간 LAMP-1 정렬



도면3ii

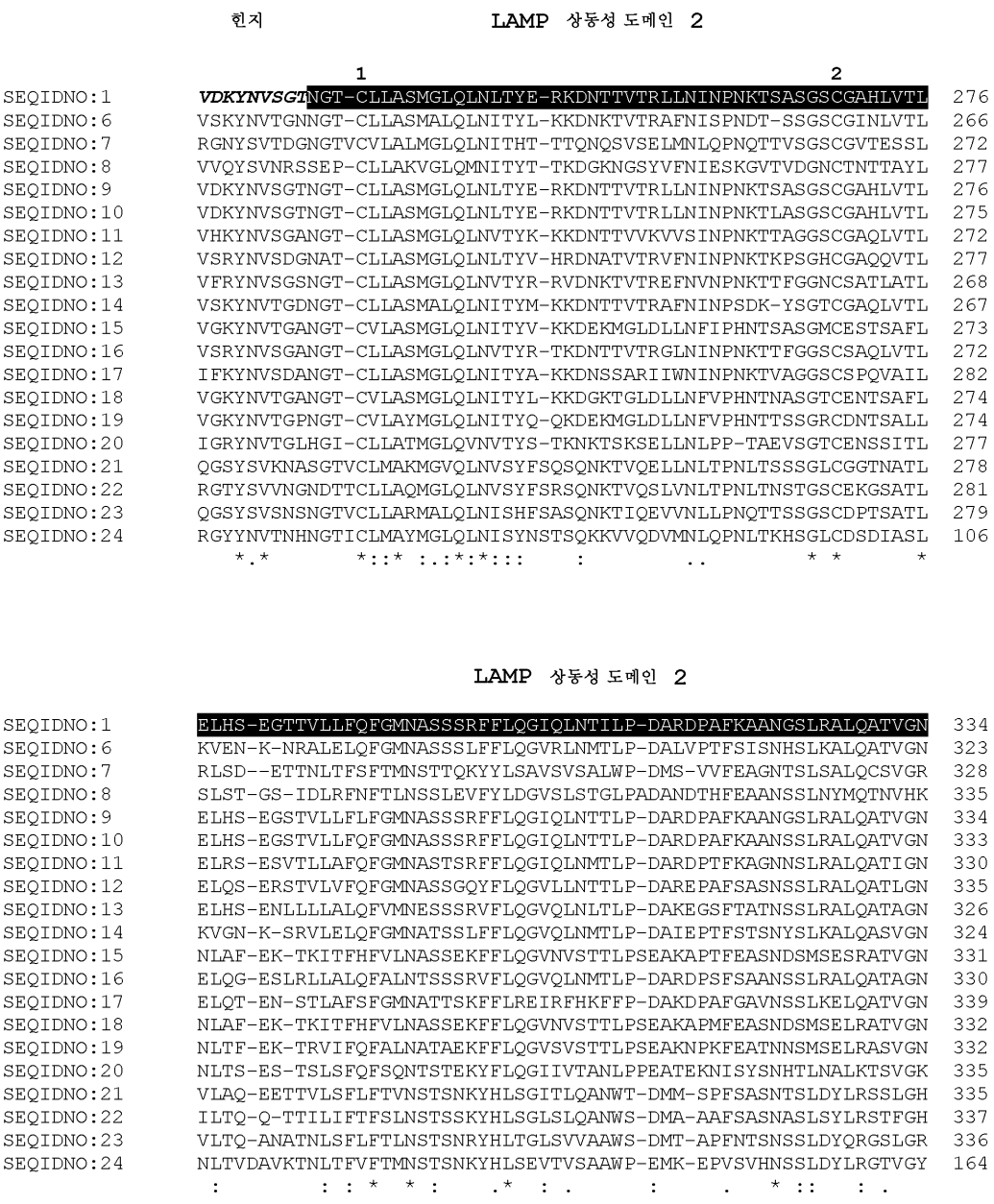
LAMP 상동성 도메인 **1**

```
                                                                3
SEQIDNO:1       SFVYNLSDTHLFPNASSK-EIKT-VESITDIRADIDKKYRCVSGTQVHMNN-VTVTLHDA  173
SEQIDNO:6       YFTYNLSDTEHFPNAISK-EIYT-MDSTTDIKADINKAYRCVSDIRVYMKN-VTVVLRDA  167
SEQIDNO:7       SLQYNLSDGDIFPQSSSAGVQSVMASVSELMSARLNSTYRCVSSSSISLSAAVNLTLSGV  168
SEQIDNO:8       VMSYNLSDKIIFPNASENGTKTV-STNKTAVLAENDTVYKCMNPHLIRMDN-ANATFHDI  174
SEQIDNO:9       SFVYNLSDTHLFPNASSK-EIKT-VESITDIRADIDKKYRCVSGTQVHMNN-VTVTLHDA  173
SEQIDNO:10      SFVYNLSDTHLFPNASSK-EIKT-VESITDIRADIDKKYRCVSGTQVHMNN-VTVTLHDA  172
SEQIDNO:11      SFIYNLSDTQIFPNASSK-ETKT-VESATDIRADINKKYRCVSNTQIHMHN-VTVTFHDV  169
SEQIDNO:12      SFVYNLSDSDLFPNASSK-DIKT-VGSTTDIKADIDKRYRCVSDSKVPMGN-VTVTLQDA  168
SEQIDNO:13      RFAYNLSDTDTFPNSSST-GVKT-VESATDIKADINKTYRCVSETQVNMDN-VTVTLRDA  169
SEQIDNO:14      YFTYNLSDTQFFPNASSK-GPDT-VDSTTDIKADINKTYRCVSDIRVYMKN-VTIVLWDA  168
SEQIDNO:15      TFHYNLSDETLFPNATEG-KVMV-ATQKSVIQARIGTEYRCINSKYVRMKH-VNITFSNV  160
SEQIDNO:16      TLVYNLSDAEFFPSASSK-GTKT-VAASTDIRADLNTKYRCVSNSQVHLLN-VTVTLGNA  170
SEQIDNO:17      SFSYNLSDATLFPNASKGSEESS-VKSKTDIQADIHKKYRCVSSNRITMSN-VTIVLSDV  170
SEQIDNO:18      TFHYNLSDETLFPNASEG-KVME-VTQKSVIQARIGTEYRCINSKYIYIRH-VNITFSNV  161
SEQIDNO:19      VFHYNLSDATLFPNSSTG-GMKT-VSHKSIIQAHMGTQYRCINSKHINMKN-VNVTFSNV  162
SEQIDNO:20      TFSYNLSDSSFFPNSSG--GQRE-VSRAGDIQANINTTYRCRSNHRVNMTN-VTVLFSNV  168
SEQIDNO:21      FLRYNLSDASLFPEANSSGPVDFELSASVGIWAPTNTTYRCLSPTTITITR-PSVTFSEM  169
SEQIDNO:22      TLQYNLSDASVFPDANSSGVVTV-VSSSVGIWAAVNTTYRCLSSVLFQVGG-ATVTFSDM  167
SEQIDNO:23      TLQYNLSDVSNFPEANSTDVVTVE-TTSVGMVARVNTTYRCISASPVIVGG-ATVTFSNV  169
SEQIDNO:24      ------------------------------------------------------------  0
```

LAMP 상동성 도메인 **1** 힌지 영역

```
                                4
SEQIDNO:1       TIQAYLSNSSFSRGETRCEQDRPSPTTAPPAP----------PSP-SP---SPVPKSPS  218
SEQIDNO:6       TIQAYLSSGNFSKEETHCTQDGPSPTTGP--------------PSP-SP---PLVPTNPT  209
SEQIDNO:7       QMEAYMSSANLSADESVCSADQPSTTVAPPPSTT---------------TSPPPIPPVPE  213
SEQIDNO:8       RLEAYLKQSNFSQKVSTCSEDITPTSAPA-PV--T-----T------TAPVPAP-VPDPP  219
SEQIDNO:9       TIQAYLSNSSFSRGETRCEQDRPSPTTAPPAP----------PSP-SP---SPVPESPS  218
SEQIDNO:10      TIQAYLSNSSFSREETRCEQDRPSPTTAPPAP----------PSP-SP---SPVPESPS  217
SEQIDNO:11      TIQAYLANSNFSKEETRCEQDGPFPTTAPPPP----------PHP-SP---SPAPESPS  214
SEQIDNO:12      TIQAYLWNNSFSQAESRCRQDMPSPTTAPPAPPVP-----PSPPSP-SP---PPKPESPS  219
SEQIDNO:13      AIQAYLSSSNFSREETRCEQDLPT----------P-----TTPPQP-AP---TPAPASPA  210
SEQIDNO:14      TIQAYLPSSNFSKEETRCPQDQPSPTTGP--------------PSP-SP---PLVPTNPS  210
SEQIDNO:15      TLEAYPTNDTFSANKTECREDMVSTTTVAPTTPKH-----ATSQVPTTSPAPTAAPSSPA  215
SEQIDNO:16      TIQAYLANNSFSQQETRCEQDKPSP-------PTP-----TAPPTP-TP---TPAPTSPV  214
SEQIDNO:17      TIQAYLSNNTFSKEETRCSQDTPSPSPVPTTHPTT-----IPVPTP-TPTRPPTPAEIPP  224
SEQIDNO:18      TLEAYPTNGTFSTNKTECSEDMVSTTTVAPTTPKH-----ITSQVPATSPAPTAAPSNPA  216
SEQIDNO:19      TLEAYLTNGTLSVNKTECAEDRVSTTTMVPTTPKQ-----TTSQSPTTGPAPTS-PPNPT  216
SEQIDNO:20      TLEAYLPNNAFSKNDSVCAEDKTSTVA--PPITTH-----IPTTTSLAPPT-PPPTDTPK  220
SEQIDNO:21      KLEAYMPGNDFSPAERVCAADQTTTGAPTTTT---------SAATP-TT-PSPTPAGTPE  218
SEQIDNO:22      RLEAYMPGNDLSPRESFCAADQTTTAPPTTTAAP----TTTAATTM-AP-PAPTPPGTPV  221
SEQIDNO:23      TMEAFMTGEDLSPNESVCTADQSFTTAPPPPPS--------TTTAA-PA-PVPTPPGTPS  219
SEQIDNO:24      -------------MVQICRVQSWFVGVTPLLIFATVLHQGFATVAP-PTPAPHKEPGRPE  46
                             *  :                                        *
```

도면3iii


힌지
LAMP 상동성 도메인 2
1
2
SEQIDNO:1 VDKYNVSGTNGT-CLLASMGLQLNLTYE-RKDNTTVTRLLNINPNKTSASGSCGAHLVTL 276
SEQIDNO:6 VSKYNVTGNNGT-CLLASMALQLNITYL-KKDNKTVTRAFNISPNDT-SSGSCGINLVTL 266
SEQIDNO:7 RGNYSVTDGNGTVCVLALMGLQLNITHT-TTQNQSVSELMNLQPNQTTVSGSCGVTESSL 272
SEQIDNO:8 VVQYSVNRSSEP-CLLAKVGLQMNITYT-TKDGKNGSYVFNIESKGVTVDGNCTNTTAYL 277
SEQIDNO:9 VDKYNVSGTNGT-CLLASMGLQLNLTYE-RKDNTTVTRLLNINPNKTSASGSCGAHLVTL 276
SEQIDNO:10 VDKYNVSGTNGT-CLLASMGLQLNLTYE-RKDNTTVTRLLNINPNKTLASGSCGAHLVTL 275
SEQIDNO:11 VHKYNVSGANGT-CLLASMGLQLNVTYK-KKDNTTVVKVVSINPNKTTAGGSCGAQLVTL 272
SEQIDNO:12 VSRYNVSDGNAT-CLLASMGLQLNLTYV-HRDNATVTRVFNINPNKTKPSGHCGAQQVTL 277
SEQIDNO:13 VFRYNVSGSNGT-CLLASMGLQLNVTYR-RVDNKTVTREFNVNPNKTTFGGNCSATLATL 268
SEQIDNO:14 VSKYNVTGDNGT-CLLASMALQLNITYM-KKDNTTVTRAFNINPSDK-YSGTCGAQLVTL 267
SEQIDNO:15 VGKYNVTGANGT-CVLASMGLQLNITYV-KKDEKMGLDLLNFIPHNTSASGMCESTSAFL 273
SEQIDNO:16 VSRYNVSGANGT-CLLASMGLQLNVTYR-TKDNTTVTRGLNINPNKTTFGGSCSAQLVTL 272
SEQIDNO:17 IFKYNVSDANGT-CLLASMGLQLNITYA-KKDNSSARIIWNINPNKTVAGGSCSPQVAIL 282
SEQIDNO:18 VGKYNVTGANGT-CVLASMGLQLNITYL-KKDGKTGLDLLNFVPHNTNASGTCENTSAFL 274
SEQIDNO:19 VGKYNVTGPNGT-CVLAYMGLQLNITYQ-QKDEKMGLDLLNFVPHNTTSSGRCDNTSALL 274
SEQIDNO:20 IGRYNVTGLHGI-CLLATMGLQVNVTYS-TKNKTSKSELLNLPP-TAEVSGTCENSSITL 277
SEQIDNO:21 QGSYSVKNASGTVCLMAKMGVQLNVSYFSQSQNKTVQELLNLTPNLTSSSGLCGGTNATL 278
SEQIDNO:22 RGTYSVVNGNDTTCLLAQMGLQLNVSYFSRSQNKTVQSLVNLTPNLTNSTGSCEKGSATL 281
SEQIDNO:23 QGSYSVSNSNGTVCLLARMALQLNISHFSASQNKTIQEVVNLLPNQTTSSGSCDPTSATL 279
SEQIDNO:24 RGYYNVTNHNGTICLMAYMGLQLNISYNSTSQKKVVQDVMNLQPNLTKHSGLCDSDIASL 106
LAMP 상동성 도메인 2
SEQIDNO:1 ELHS-EGTTVLLFQFGMNASSSRFFLQGIQLNTILP-DARDPAFKAANGSLRALQATVGN 334
SEQIDNO:6 KVEN-K-NRALELQFGMNASSSLFFLQGVRLNMTLP-DALVPTFSISNHSLKALQATVGN 323
SEQIDNO:7 RLSD--ETTNLTFSFTMNSTTQKYYLSAVSVSALWP-DMS-VVFEAGNTSLSALQCSVGR 328
SEQIDNO:8 SLST-GS-IDLRFNFTLNSSLEVFYLDGVSLSTGLPADANDTHFEAANSSLNYMQTNVHK 335
SEQIDNO:9 ELHS-EGSTVLLFLFGMNASSSRFFLQGIQLNTTLP-DARDPAFKAANGSLRALQATVGN 334
SEQIDNO:10 ELHS-EGSTVLLFQFGMNASSSRFFLQGIQLNTTLP-DARDPAFKAANSSLRALQATVGN 333
SEQIDNO:11 ELRS-ESVTLLAFQFGMNASTSRFFLQGIQLNMTLP-DARDPTFKAGNNSLRALQATIGN 330
SEQIDNO:12 ELQS-ERSTVLVFQFGMNASSGQYFLQGVLLNTTLP-DAREPAFSASNSSLRALQATLGN 335
SEQIDNO:13 ELHS-ENLLLLALQFVMNESSSRVFLQGVQLNLTLP-DAKEGSFTATNSSLRALQATAGN 326
SEQIDNO:14 KVGN-K-SRVLELQFGMNATSSLFFLQGVQLNMTLP-DAIEPTFSTSNYSLKALQASVGN 324
SEQIDNO:15 NLAF-EK-TKITFHFVLNASSEKFFLQGVNVSTTLPSEAKAPTFEASNDSMSESRATVGN 331
SEQIDNO:16 ELQG-ESLRLLALQFALNTSSSRVFLQGVQLNMTLP-DARDPSFSAANSSLRALQATAGN 330
SEQIDNO:17 ELQT-EN-STLAFSFGMNATTSKFFLREIRFHKFFP-DAKDPAFGAVNSSLKELQATVGN 339
SEQIDNO:18 NLAF-EK-TKITFHFVLNASSEKFFLQGVNVSTTLPSEAKAPMFEASNDSMSELRATVGN 332
SEQIDNO:19 NLTF-EK-TRVIFQFALNATAEKFFLQGVSVSTTLPSEAKNPKFEATNNSMSELRASVGN 332
SEQIDNO:20 NLTS-ES-TSLSFQFSQNTSTEKYFLQGIIVTANLPPEATEKNISYSNHTLNALKTSVGK 335
SEQIDNO:21 VLAQ-EETTVLSFLFTVNSTSNKYHLSGITLQANWT-DMM-SPFSASNTSLDYLRSSLGH 335
SEQIDNO:22 ILTQ-Q-TTILIFTFSLNSTSSKYHLSGLSLQANWS-DMA-AAFSASNASLSYLRSTFGH 337
SEQIDNO:23 VLTQ-ANATNLSFLFTLNSTSNRYHLTGLSVVAAWS-DMT-APFNTSNSSLDYQRGSLGR 336
SEQIDNO:24 NLTVDAVKTNLTFVFTMNSTSNKYHLSEVTVSAAWP-EMK-EPVSVHNSSLDYLRGTVGY 164

도면3iv


LAMP 상동성 도메인 2
막횡단 도메인
3
4
SEQIDNO:1 SYKCNAEEHVRVTKAFSVNIFKVWVQAFKVEGGQFGSVEECLLDENSMLIPIAVGGALAG 394
SEQIDNO:6 SYKCNTEEHIFVSKMLSLNVFSVQVQAFKVDSDRFGSVEECVQDGNNMLIPIAVGGALAG 383
SEQIDNO:7 SYVCSAQQMLSVTPVFSINTFRLQLQPFNITANRFSTAEECRVDQENMLIPIIVGAALAG 388
SEQIDNO:8 SFKCNSKQTLQITDPFTVNTYHLQVQAFNSD-NTFASAVECSLDENGMLVPIVVGAALAG 394
SEQIDNO:9 SYKCNAEEHVRVTKAFSVNIFKVWVQAFKVEGGQFGSVEECVLDENNMLIPIAVGGALAG 394
SEQIDNO:10 SYKCNAEEHVRVTKAFSVNIFKVWVQAFKVEGGQFGSVEECLLDENNMLIPIAVGGALAG 393
SEQIDNO:11 SYKCNAGEHVQVTEAFSVNIIKVWVQAFQVQGDKFGSVEECQLDENSMLIPIAVGGALAG 390
SEQIDNO:12 SYKCNSEEHVRVTPAFSLSIFKVWVQAFQVKGDKFGSVEECLLDQDSMLIPIAVGGALAG 395
SEQIDNO:13 SYKCNAEQRLRVTSSFSLNMFRVWLQAFRVDGDKFGPVEECQLDENSMLIPIAVGGALAG 386
SEQIDNO:14 SYKCNSEEHIFVSKALALNVFSVQVQAFRVESDRFGSVEECVQDGNNMLIPIAVGGALAG 384
SEQIDNO:15 SYKCSAEENFQVTDKALVNVFNVQVQAFKVDGDKFGAMEECQLDENNMLIPIIVGAALAG 391
SEQIDNO:16 SYKCRSEQRLQVTEAFALNVFQVRVQAFRVDGDKFGPAEECQLDENSMLIPIAVGGALAG 390
SEQIDNO:17 SYKCNAEENVHVTDGFSVNIFRVRVQAFKVEGDKFGSVEECLLDENNMLIPIAVGGALAG 399
SEQIDNO:18 SYKCSAEENLQVTDKALVNVFNVQVQAFKVDGDKFGAVEECQLDENNMLIPIIVGAALAG 392
SEQIDNO:19 SYKCSSEENLQVTDQALVNVFNVQVQIFKIDGDKFGPVEECQLDENNMLIPIIVGAALAG 392
SEQIDNO:20 SYKCIAEESIWISGKAAVNIFNIQLQAFKIPGDKFGAVEECQLDENNMLIPIIVGAALAG 395
SEQIDNO:21 SYMCNAEQTLFVVSTFSINMFELQVQPFGVTSTQFASAEVCQIDQDQMLIPIIVGAALAG 395
SEQIDNO:22 SYMCNAEQILAVTPVFSLNTFSLQIQPFGVTTNQFAAAEECQMDQDQMLIPIIVGASLAG 397
SEQIDNO:23 SYMCISEQTLVVDQNFSLNTFQLQVQPFGITRGQFAQAEECQLDQDNMLIPIVVGAALAG 396
SEQIDNO:24 SYFCRDEQTLNVAQNLSINTFQLQVQPFAVKGDQFGAAEECQLDEDDMLIPIVVGAALAG 224
세포질 꼬리
SEQIDNO:1 LVLIVLIAYLVGRKRSHAGYQTI 417
SEQIDNO:6 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 406
SEQIDNO:7 LVLIVLVAYLIGRKRTHAGYQTI 411
SEQIDNO:8 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 417
SEQIDNO:9 LVLIVLIAYLVGRKRSHAGYQTI 417
SEQIDNO:10 LVLIVLIAYLVGRKRSHAGYQT- 415
SEQIDNO:11 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 413
SEQIDNO:12 LVLVVLIAYLIGRKRSHAGYQT- 417
SEQIDNO:13 LVLIVLLAYLIGRKRSHAGYQTI 409
SEQIDNO:14 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 407
SEQIDNO:15 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 414
SEQIDNO:16 LVLVVLMAYLVGRKRSHAGYQTI 413
SEQIDNO:17 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 422
SEQIDNO:18 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 415
SEQIDNO:19 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 415
SEQIDNO:20 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 418
SEQIDNO:21 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 418
SEQIDNO:22 LVLIVLIAYLIGRKKSHAGYQTI 420
SEQIDNO:23 LVLIVLIAYLIGRKRSHAGYQTI 419
SEQIDNO:24 LVVIVLLAYLIGRKRSHAGYQSI 247

도면3v

LAMP-1					
수탁 번호	종	SEQ ID NO:	수탁 번호	종	SEQ ID NO:
NP_005552.3	*에이치. 사피엔스*	1	NP_990614.1	*지. 갈루스*	15
NP_034814.2	*엠. 무스쿨루스*	6	NP_001011507.1	*에스. 스크로파*	16
NP_955996.1	*디. 레리오*	7	XP_001374132.1	*엠. 도메스티카*	17
NP_001087042.1	*엑스. 라에비스*	8	XP_003203252.1	*엠. 갈로파보*	18
NP_001233491.1	*피. 트로글로디테스*	9	XP_002191607.2	*티. 구타테*	19
XP_001087801.1	*엠. 물라타*	10	XP_003218797.1	*에이. 카롤리넨시스*	20
XP_534193.2	*씨. 루푸스 파밀리아리스*	11	XP_004067118.1	*오. 라티페스*	21
XP_002723509.1	*오. 쿠니쿨루스*	12	XP_003969941.1	*티. 루브리페스*	22
NP_001068592.1	*비. 타우루스*	13	NP_001158846.1	*에스. 살라르*	23
NP_036989.1	*알. 노르베기쿠스*	14	XP_003452974.1	*오. 닐로티쿠스*	24

도면4i

오르토로그 서열과의 인간 LAMP-2 정렬

```
SEQIDNO:2       ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:25      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:26      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:27      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:28      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:29      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:30      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:31      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDN0:32      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:33      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:34      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:35      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:36      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:37      MAMKNFTLQQERDTSVALIIRTYVRAFLKVYTKVPKPQRCHNQW---QSLNIEGIEGIEI  57
SEQIDNO:38      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:39      ----------------------------MECREGEVTRCKQKNNLFSGIN-DDISGAKQ  30
SEQIDNO:40      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:41      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:42      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:43      ------------------------------------------------------------  0

SEQIDNO:2       ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:25      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:26      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:27      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:28      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:29      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:30      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:31      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDN0:32      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:33      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:34      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:35      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:36      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:37      VKGSKWR---SALETIITIQVKRK---------------SQVQKYHPFSLHSECQKTNQE  99
SEQIDNO:38      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:39      AKQRQCTPQKPPKRATATLPLQRPPRGIPGPAPAAVAAAVAADRITPSGSHQTRPPEAAR  90
SEQIDNO:40      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:41      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:42      ------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:43      ------------------------------------------------------------  0
```

도면4ii

```
SEQIDNO:2       ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDNO:25      -----------------------------------------------------------------M  1
SEQIDNO:26      ------------------------------------------------------------MGDT  4
SEQIDNO:27      ----------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:28      ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDNO:29      ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDNO:30      ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDNO:31      ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDN0:32      ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDNO:33      ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDNO:34      ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDNO:35      ------------------------------------------------------------MVCF  4
SEQIDNO:36      -------------------------------------------------------------MR  2
SEQIDNO:37      G---TGGVATVIADECLLWPSIPFSTLAQKVNLGSCEAFSIIGYSVFALFIYLKPNMLDF  156
SEQIDNO:38      ----------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:39      DERPVRDPRNRAAAPSGHWRRAGGPQRHR------HHR-----------HRRHGPAPLRR  133
SEQIDNO:40      ----------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:41      ----------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:42      ----------------------------------------------------------------  0
SEQIDNO:43      ----------------------------------------------------------------  0
```

신호 서열 LAMP 상동성 도메인 1

```
                                                                1
SEQIDNO:2       -RL----FPVPGSGLVLVCLVLGAVR--SYALELNLTDSENATCLYAKWQMNFTVRYETT  57
SEQIDNO:25      -CL----SPVKGAKLILIFLFLGAVQ--SNALIVNLTDS-KGTCLYAEWEMNFTITYETT  53
SEQIDNO:26      GAM--ERCACPAAVLLLSLVL---MG--ATAFEVEIKDDKNATCIYAKLSVNITVQYETD  57
SEQIDNO:27      --------MAVRGFLPLLFILLSGIVHADDMMTSPLPS-----------------TAELK  35
SEQIDNO:28      -RL----FPVPGSGLVLVCLVLGAVQ--SYALELNLTDSGKATCLYAKWQMNFTVRYETT  57
SEQIDNO:29      -RL----FPVPGSGLVLVCLVLGAVQ--SYALELNLTDSGKATCLYAKWQMNFTVRYETT  57
SEQIDNO:30      -RL----FPVPGSGLVLVCLVLGAVR--SHALELNEADSAIN------------------  39
SEQIDNO:31      -RL----SPAPGSGLVLLCLVLGAVS--SYALEVNVTDSEKATCLYAKWQMNFTIQYNTT  57
SEQIDN0:32      -RL----SPVPGSGLVLLCLVLGAVS--SYALELNLTDSEKALCLYAKWQMNFTIPYETT  57
SEQIDNO:33      -RL----APVPGSGFLLLCLVLGAVS--SYALELNLTDSSNATCLYAKWQMNFTIRYETT  57
SEQIDNO:34      -RL----SPVPGSGLLMLCLVLGAVS--SYALELNLTNSEKATCLYAKWQMNFTIRYETT  57
SEQIDNO:35      -RL----APVPGCGFLLFCLVLGTVS--SYALELNLTDSSKATCLYAKWQMNFTIRYETT  57
SEQIDNO:36      -LL----SPVTGSKLVLLFLFLGAVR--SDALKLNLTDS-KGTCLYAEWEMNFTITYEAL  54
SEQIDNO:37      IELAELMLSTETQLLEPTRVCCGICQ--SYALEINLTDSKNATCLYSKWQMTFTINYETT  214
SEQIDNO:38      --MAPPRCPAGLALLLLLLGACGFFQ--SYAVEVDVKDASNFTCLYAQWMMKFLIKYETN  56
SEQIDNO:39      LLLRPPP-PAA-----AAARFLGFFQ--SYAVEVDIKDASNATCLYADWMMRFLIKYESN  185
SEQIDNO:40      --M--ERCACPAALLLLSLVL---MG--AMAFDVEIKDDKNATCIYAKLSVNVTVQYETN  51
SEQIDNO:41      --------MF-RCAFLILFLALGNELHLSHGTEVSVNNTENKLCLYANLMVNFSVTYEVG  51
SEQIDNO:42      -----MKVSHATAGLVVWFVVLGCIDAVT----L-EVKESNTTCIKADLSASFSIIYNTT  50
SEQIDNO:43      ----------------------------------------------------------------  0
```

도면4iii

LAMP 상동성 도메인 1

```
                                    2
SEQIDNO:2       NKTYKTVTISDH--GTVTYNGSICGDDQNGPKIAVQFGPGFS-WIANFTKAA---STYSI  111
SEQIDNO:25      NQTNKTITIAVP--DKATHDGSSCGDDRNSAKIMIQFGFAVS-WAVNFTKEA---SHYSI  107
SEQIDNO:26      TSSSKNITFPVP--SDVTTNGSSCGSDGKAPLLVINFGNSQS-WSLNFTRNN---STYSG  111
SEQIDNO:27      ---T----ANLP--LVIQTTSSTTSTTTT-SRP--SSTSTHSTLTTEPAA----------  73
SEQIDNO:28      NKTYKTVTISDR--GTVTYNGSICGDDQNGPKIAVQFGPGFS-WIANFSKAA---STYSI  111
SEQIDNO:29      NKTYKTVTISDR--GTVTYNGSICGDDQNGPKIAVQFGPGFS-WIANFSKAA---STYSI  111
SEQIDNO:30      CSKCKTVTISDH--GTVTYNGSICGDDQNGPKIAVQFGPGFS-WIANFTKAA---STYSI  93
SEQIDNO:31      SKNFKTATISDF--STATYNGSVCGNDQNNPKIVVQFGSGFS-WIVNFTKKE---SAYLI  111
SEQIDN0:32      SKSYKTVTISNF--GTPTYNGSICGDNQNGSRIAVQFGSGFS-WIVNFTKSV---SVYSI  111
SEQIDNO:33      DKHNKTVPISDL--GAATYNGSFCGDDQNGPKIAVQFGSGFS-WIVNFTKEAASPSTYLV  114
SEQIDNO:34      NNSHKTVSISDF--GAATYNGSFCGDDHNDPQIVMQFGSGFS-WIVNFAKES---SSYLI  111
SEQIDNO:35      DKHNKTVTISDF--DAAAYNGSVCGDDQNGPKIAVQFGSGFS-WIVNFTKEASSTSTYLV  114
SEQIDNO:36      K-VNETVTITVP--DKVTYNGSSCGDDKNGAKIMIQYGSTLS-WAVNFTKEA---SQYFI  107
SEQIDNO:37      GNETKNVTVTVP--ENVTYDGSSCGDNQTVPQIAVQFGLGYS-WHLNFTKKEN--NSYSF  269
SEQIDNO:38      SSDYKNASLDLT--STVTHNGSICGSDTQAALLAVQFGDGHS-WSINFTKNN---ETYRA  110
SEQIDNO:39      SGDYKTTTLNLS--SSVTHNGSVCGNDTQAALVAVQFGEGHS-WSINITKNN---ETYQG  239
SEQIDNO:40      TSSTKNVTFSVP--SEVTTNGSSCGSNGKAPILVINFGNGHS-WSLNFTRND---SMYSG  105
SEQIDNO:41      VNKNETVIFVLP--ENVTTEGSTCDNTTSTLKL--SFGHGHS-WTVEFTKKN---KTYQV  103
SEQIDNO:42      HAER-TVQVLLPNSTTVDTANSTCGKDGSSPRLVAVFGSGY-TLGLNFSTNG---TLYQV  105
SEQIDNO:43      ------------------------------------------------------------  0
```

LAMP 상동성 도메인 1

```
                                                          3
SEQIDNO:2       DSVSFSYNTGDNTTFPDAEDKGI-LTVDELLAIRIPLNDLFRCNSLSTLEKNDVVQHYWD  170
SEQIDNO:25      HDIVLSYNTSDSTVFPGAVAKGV-HTVKNPENFKVPLDVIFKCNSVLTYNLTPVVQKYWG  166
SEQIDNO:26      SALIFTYNTNDTILFPDALRKGLIS-STAMFLGPVPLNSTYKCISREVVVSENVTQIIYD  170
SEQIDNO:27      ----------------------KTTTARTTVTTSA---PTSTQSTSSSSTSATVTTLAP  107
SEQIDNO:28      DSISFSYNTGDNTTFPDAEDKGI-ITVDELLAIKIPLNDLFRCNSLSTLEKNDVVQNYWD  170
SEQIDNO:29      DSISFSYNTGDNTTFPDAEDKGI-ITVDELLAIKIPLNDLFRCNSLSTLEKNDVVQNYWD  170
SEQIDNO:30      DSISFSYNTGDNTTFPDAEDKGI-LTVDELLAIKIPLNDLFRCNSLSTLEKNDVVQHYWD  152
SEQIDNO:31      DSISFSYNLSDNATFPDAKEKGI-LTVHDLVGFRIPLNNIFRCNSLSTLEKNGVVQYYWD  170
SEQIDN0:32      DSISFSYNTGDNTTFPDAKDKGI-LTVNESVAFKIPLNDIFRCNSLSSLVKNGVVQNYWD  170
SEQIDNO:33      DTISFSYNTNDNKTFPDAKEKEV-FTVNNRVALKIPLNDIFRCNSLSTLENRDVVQHYWD  173
SEQIDNO:34      NSISFSYNTSDTTTFPDAKKKGV-LTVNDSVGFQVPLNDIFRCNSLSTLEKDNVVQHYWD  170
SEQIDNO:35      DSISFSYNTNDNATFPDAKEKGV-FTVNNRVALKIPLNDIFRCNSLSTLEKSDVVQHYWD  173
SEQIDNO:36      NNITLSYNTNDTKTFPGAVPKGI-LTVIIPVGSQLPLGVIFKCSSVLTFNLSPVVQHYWG  166
SEQIDNO:37      DTIVFTYNTSDNETFPEAKEKGQVLSVFEFRYARIPLNKIFRCHSEESLIGDKATHHYWE  329
SEQIDNO:38      EFITFTYNTNDTAVFPDARRQGPVTIVVKDAMHPIQLNNVFVCHHTTSLEAENVTQIFWN  170
SEQIDNO:39      DFITLTYNTNDTAVFPDAKRKGPITVLVRDPSRPIQLNTVFVCHNSFVIEAENTTQIFWN  299
SEQIDNO:40      GALIFTYNTNDSTLFPDALKEGLIS-STAAFLGPIPLNSTYKCISSEVVVSENVTQIISD  164
SEQIDNO:41      DTIVFSYNLNDSSVFPNSTSKETKFVTVKSIITNVSVDTYYSCKSENVLTVESVIQTLYD  163
SEQIDNO:42      SSLTLQYNLSDTSVFPNATISGVVTLVSASVGIEANVNTTYKCASPTVIDVATAKVNFTD  165
SEQIDNO:43      ----------------------------------------------MTQIGGVQPVFLA  13
                                                                          .
```

도면4iv


LAMP 상동성 도메인 1
힌지 영역
4
SEQIDNO:2 VLVQAFVQNGTVSTNEFLCDKDKTS---TVAPTIHTTVPS------PTTTPT--PKEKPE 219
SEQIDNO:25 IHLQAFVQNGTVSKNEQVCEEDQTP--TTVAPIIHTTAPSTTTTLTPTSTPTPTPTPTPT 224
SEQIDNO:26 VKLEAFMANGTLGK-EIICDADKPS--PVPSPTQPST-----TASTAIPAPTSKPLDKPT 222
SEQIDNO:27 TTTGHNTTNSTTEPPTTTGHNTTNS--TTDAPTTTHTNAT----VAPTPPPTTPSVPKPT 161
SEQIDNO:28 VLVQAFVQNGTVSTNEFLCDEDKTS---TVAPTIHTTVPS------PTTTPT--PKEKPE 219
SEQIDNO:29 VLVQAFVQNGTVSTNEFLCDEDKTS---TVAPTIHTTVPS------PTTTPT--PKEKPE 219
SEQIDNO:30 VLVQAFVQNGTVSTNEFLCDKDKTS---TVAPTVHTTVPS------PTTTPT--RIP--- 198
SEQIDNO:31 VHVQAFVQNGTVSTKEFLCEKDKTS--TTVVPTISTTTPS------PTTTPT--PKEKPE 220
SEQIDN0:32 VHVQAFVQNGTVSTNEYLCEKDNTT--TTVAPIVPTTVPSPTTTSSPTTTPS--PKEKPD 226
SEQIDNO:33 VHVQAFVQNGTVSTTEFLCDKDKTV--TTAVPIVPTTLPS------PT---------KPV 216
SEQIDNO:34 VHVQAFVQNGTVSTKEFLCDKDKTL--TTTVPVIPTSVPS------PTTTPT--PKEKPE 220
SEQIDNO:35 VHVQAFVQNGTVSTTEFLCDKDKTV--TTAMPIVPTTAPS------PT---------KPV 216
SEQIDNO:36 IHLQAFVQNGTVSKHEQVCKEDKTA--TTVAPIIHTTVPSPTTTLTPTSI----PVPTPT 220
SEQIDNO:37 TVVQAFIQNGTISKEEFICSKDRAS--TTVAPVTTQVVPS--------TTATPVPQDKPY 379
SEQIDNO:38 VTMQPFVQNGTISKKESRCYADTPTAAPTVLPTVANVTTAS-TTISPAPTTAPKPAENPV 229
SEQIDNO:39 VTMQAFVQNGTVSKKESRCPADTPTSEPTVPPTIANVTTASTTTLSPAPTTAPKPVENPV 359
SEQIDNO:40 VKLEAFMQNGTLGK-EVSCDADKPS--PTPT-TNPST-----TASTTTPTPTSKPLDNPT 215
SEQIDNO:41 VALQAFVINGSKSDTDTVCSADMTS--TTVAPTT----TV----TSTAAPTSTPTLPTPT 213
SEQIDNO:42 MRLEAYMPGNELSPNETVCFADQTS--TTPSPTTVSTTAV----PTQT----P--PGTPQ 213
SEQIDNO:43 VTVHLIL--------ATV--LHQTF--AT---VTPPVTTA----VPHK----E--PGRPD 48

힌지
LAMP 상동성 도메인 2
1
2
SEQIDNO:2 AGTYSVNNG--NDTCLLATMGLQLNITQ------DKVASVININPNTTHSTGSCRSHTAL 271
SEQIDNO:25 VGNYSIRNG--NTTCLLATMGLQLNITE------EKVPFIFNINPATTNFTGSCQPQSAQ 276
SEQIDNO:26 MGNYTVSDA--SGICLLASMGLQINTSLL--SEGKNIWRPFNIDPLGIKTNGTCTNQTGT 278
SEQIDNO:27 VGNYSVKTD-NVSDCLLAKMGLQFSFKIS----GNASLQTVNLDPNVTKVNGTCGSGGSD 216
SEQIDNO:28 AGTYSVNNG--NDTCLLATMGLQLNITQ------DKVASVININPNTTHSTGSCRSHTAL 271
SEQIDNO:29 AGTYSVNNG--NETCLLATMGLQLNITQ------DKVASVININPNTTHSTGSCRSHTAL 271
SEQIDNO:30 ----------PXVASVININPNTTHSTGSCRSHTAL 224
SEQIDNO:31 VGSYSVNNS--NGTCLLATMGLQLNITH------NKVASVININPNTTDFTGSCQPQTAL 272
SEQIDN0:32 VGSYLVKNG--SDTCLLATMGLQLNVTH------DKVASVININPNVTGYSGSCHPQTAL 278
SEQIDNO:33 VGSYSVVNS--NGTCLLATMGLQLNITH------DKVASVFNINPNTTNATGSCQPQTAL 268
SEQIDNO:34 TGSYSVTSS--NGTCLLANMGLQLNITQ------DKVASVININPNTTNATGNCHSKTAL 272
SEQIDNO:35 VGSYSVVNS--NGTCLLATMGLQLNITH------DKVASVFNINPNTTNATGSCQPQTAL 268
SEQIDNO:36 VGNYTISNG--NATCLLATMGLQLNITE------EKVPFIFNINPATTNFTGSCQPQTAQ 272
SEQIDNO:37 PGKYAVKNG--NDTCLLATMGLQLNVTQ------NKVNSVININPNVTDFTGSCSNETAE 431
SEQIDNO:38 TGNYSLKTG--NKTCLLATVGLQLNISQ------DK-PLLININDPKTTHADGTCGNTSAT 280
SEQIDNO:39 TGNYSLKSG--NKTCFLATVGLQLNVSQ------EK-PLLININPKTTVADGACGNTTAT 410
SEQIDNO:40 TGNYSVSDV--NGTCLLASMGLQINTSLL--SEGKNIWTAFNIDPTAMSKNGTCSNQTGT 271
SEQIDNO:41 TGKYSIAPDVNSTACLMATFGLQIGYKQG----D--KEETINLVPNITEVGGACGANSS- 266
SEQIDNO:42 QGNYTVKDA-NDTICLLAKMGLQLNVSYT--SQNKTVQDVLNLNPNVTNSTGSCGASSAT 270
SEQIDNO:43 QGDYQVTSS-NGTVCFLASMGLQLNITFNSTSQNKTLQEVINIQPNRTKSSGSCDTSSAL 107

도면4v

LAMP 상동성 도메인 2

```
SEQIDNO:2       LRLNS-STIKYLDFVFAVKNE----NRFYLKEVNISMY-LVNGSV-FSIANNNLSYWDAP  324
SEQIDNO:25      LRLNN-SQIKYLDFIFAVKNE----KRFYLKEVNVYMY-LANGSA-FNISNKNLSFWDAP  329
SEQIDNO:26      LILTE--NRTIIEFTFALKNK----NHFYLEEVNITLI---NGSAFSSRQNQNLSTWEAS  329
SEQIDNO:27      SSLFLTS--KDITVHFVFTNDS---QKFRLHALTLTVD-LGNG-NIFNDSNTNLSLWEAS  269
SEQIDNO:28      LRLNS-STIKYLDFVFAVKNE----NRFYLKEVNVSMY-LVNGSV-FSIANNNLSYWDAP  324
SEQIDNO:29      LRLNS-STIKYLDFVFAVKNE----NRFYLKEVNVSMY-LVNGSV-FSIANNNLSYWDAP  324
SEQIDNO:30      LRLNS-STIKYLDFVFAVKNE----NRFYLKEVNISMY-LVNGSV-FSIANNNLSYWDAP  277
SEQIDNO:31      LRLNS-SNIKYLDFVFAVKNE----NRFYLKEVNVSMY-LVNGSV-FSIANNNLSYWDAP  325
SEQIDN0:32      LRLNS-SNIKYLDFVFAVKNE----NRFYLKEVNVSMY-LANGSV-FSFANNNLSYWDAP  331
SEQIDNO:33      LRLSS-SNIKYLDFVFAVKNE----NRFYLKEVNVSMI-LVNGSV-YSISNTNLSYWDAP  321
SEQIDNO:34      LRLSG-SNIKYLDFVFAVKND----NRFYLKEVNVSVY-LVNGSV-FSIANNNLSYWDAP  325
SEQIDNO:35      LRLSS-SNIKYLDFVFAVKNE----NRFYLKEVNVSMI-LVNGSV-YSISNTNLSYWDAP  321
SEQIDNO:36      LRLNN-SQIKYLDFIFAVKNE----KRFYLKEVNVNMY-LANGSA-FHVSNNNLSFWDAP  325
SEQIDNO:37      LRLSG-SNVKYIDFIFAVKNG----NRFYLKEVNVSIS-FVNASD-LNVANNNLSYWDAP  484
SEQIDNO:38      LKLND-GNRTLIDFTFIV-NASASVQKFYLREVNVTLLNYQNGSVILSADNNNLSKWDAS  338
SEQIDNO:39      LKLND-GNSTLIGFTFAVKNTSASVQKFYLREVNVTLLNRLNGSVISSADNSNLSKWDAF  469
SEQIDNO:40      LILTD--NSTVIEFTLALKNK----NHFYLKEVNVALI---NGSASSTRQNQNLSAWEAS  322
SEQIDNO:41      -DLILTS--DTITIMFTFSNDG---KKFHLHALKVTVK-PATG-DPVIAVNNNMSIWAAA  318
SEQIDNO:42      LVLTQ-TQSTILTFNFTLNSTT---NKYHLSGVTLIAN-WFDS-AHFSMSNNSLNYLRST  324
SEQIDNO:43      LTLTTDAEKTNLTFVFALNTTS---NKYHLSEVSLSAA-LSDMKETFVAQNHSLDYLRGT  163
                  *        : . : . .     ::: *  :.:              * .:.   .
```

LAMP 상동성 도메인 2 막횡단 도메인

3 4

```
SEQIDNO:2       LGSSYMCNKEQTVSVSGAFQINTFDLRVQPFNVTQGKYSTAQDCSADD-DNFLVPIAVGA  383
SEQIDNO:25      LGSSYMCNKEQVLSVSRAFQINTFNLKVQPFNVTKGQYSTAQECSLDDD-TILIPIIVGA  388
SEQIDNO:26      VDSSYMCHKEQQIKVSEDLFINAFDVRVQPFGVNNGTFATAEDCFAD-Q-NFIVPIVVGA  387
SEQIDNO:27      VGSSYMCRKEQSYNISDKLTLNTFELQVQPFDVKKNSFSTAHECSLDDT-SLLIPIIVGA  328
SEQIDNO:28      LGSSYMCNKEQTVSVSGAFQINTFDLRVQPFNVTQGKYSTAEECSADSDLNFLIPVAVGV  384
SEQIDNO:29      LGSSYMCNKEQTVSVSGAFQINTFDLRVQPFNVTQGKYSTAQDCSADD-DNFLVPIAVGA  383
SEQIDNO:30      LGSSYMCNKEQTVSVSGAFQINTFDLRVQPFNVTQGKYSTAEECSADSDLNFLIPVAVGV  337
SEQIDNO:31      LGSSYMCNKEQTVSVSGAFQINTFDLRVQPFNVMEGKYSTAQECSLDDD-TILIPIIVGA  384
SEQIDN0:32      LGSSYMCNKEQTVSVSGEFQINTFDLRVQPFNVKDGKYSTAQDCRADD-DNFLVPIAVGA  390
SEQIDNO:33      LGSSYMCNKEQTVSVSGAFQINTFDLRVQPFSVTEGKYSTAQECSLDDD-TILIPIIVGA  380
SEQIDNO:34      LGSSYMCNKEQTVSVSGAFQINTFNLRVQPFSVMEGKYSTAQDCSADD-DNFIVPIAVGA  384
SEQIDNO:35      LGSSYMCNKEQTVSVSGALQINTFDLRVQPFSVTEGKYSTAEECSADSDLNFLIPVAVGV  381
SEQIDNO:36      LGSSYMCNKEQVVSVSRTFQINTFNLKVQPFNVTKGEYSTAQDCSADED-NFLVPIAVGA  384
SEQIDNO:37      LGSSYMCNKEQTLALADSLQINTFNLRVQPFSVVAGKYSTAEDCSADDD-NFIVPIAVGA  543
SEQIDNO:38      LGNSYMCRKEQTLEINENLQVHTFNLWVQPFLVKENKFSIAEECFADSDLNFLIPVAVGM  398
SEQIDNO:39      LGSSYMCRKEQTLQINENVQVHTFNLWIQPFLVEANKFATAEECIADSDLNFLIPIAVGV  529
SEQIDNO:40      VGSSYMCHKEQQIKVSEDLVINSFDVRVQLFGVKNETFATAQQCSLDDD-SIVIPIVVGA  381
SEQIDNO:41      VGSSYMCNKEQTLNVTDTLTLYTFELRVQPFEVNKGEFATAHECSLDDT-SILIPIIVGA  377
SEQIDNO:42      LGYSYMCNAEQTLFVTPSFSLNTFDLQVQPFGVKSGRFATAEECQMDQN-QMIIPIIVGA  383
SEQIDNO:43      LGFSYMCRERQTLGVTPDFAINTFQVQVQPFGVTGKQFAAAEECQLDKD-DMLIPIIVGA  222
                :. ****. .*   :   . : :*:: :* * *    :: *.:*  *    :::*: **
```

도면4vi

세포질 꼬리

```
SEQIDNO:2       ALAGVLILVLLAYFIGLKHHH-AGYEQF    410
SEQIDNO:25      GLSGLIIVIVIAYLIGRRKTY-AGYQTL    415
SEQIDNO:26      ALGVLVVLVMVAYFIGRRKQSSAGYEQM    415
SEQIDNO:27      ALAGLIFIVVIAYVIGRRRTY-VGYQTL    355
SEQIDNO:28      ALGFLIIVVFISYMIGRRKSR-TGYQSV    411
SEQIDNO:29      ALAGVLILVLLAYFIGLKRHH-AGYEQF    410
SEQIDNO:30      ALGFLIIVVFISYMIGRRKSR-TGYQSV    364
SEQIDNO:31      GLSGLIIVIVIAYLIGRRKSY-AGYQTL    411
SEQIDNO:32      ALAGVLILVLLAYFIGLKRHH-AGYEQF    417
SEQIDNO:33      GLSGLIIVIVIAYLIGRRKSY-AGYQTL    407
SEQIDNO:34      ALAGVLILVLLAYFIGLKRHH-AGYEQF    411
SEQIDNO:35      ALGFLIIVVFISYMIGRRKSR-TGYQSV    408
SEQIDNO:36      ALGGVLILVLLAYFIGLKRHH-TGYEQF    411
SEQIDNO:37      ALGGLVILVLMAYFVGRKRRA-TGYEQF    570
SEQIDNO:38      ALGFLIILVFISYIIGRRKSR-TGYQSV    425
SEQIDNO:39      ALGFLIILVFISYIIGRRKSR-TGYQSV    556
SEQIDNO:40      ALAGLIVIIVIAYLIGRRKGY-SGYQTL    408
SEQIDNO:41      ALAGLILIVVIAYVIGRRKTY-VGYQTL    404
SEQIDNO:42      ALAGLVLITLIAYLIGKRRSH-AGYQAI    410
SEQIDNO:43      ALAALVLIVLSAYLIGRKRSH-AGYQSI    249
                .*. ::.: . :*.:* ::    **: .
```

	LAMP-2				
수탁 번호	종	SEQ ID NO:	수탁 번호	종	SEQ ID NO:
NP_002285.1	*에이치. 사피엔스*	2	NP_001231184.1	*에스. 스크로파*	34
NP_034815.2	*엠. 무스쿨루스*	25	XP_004022401.1	*오. 아리에스*	35
NP_001087881.1	*엑스. 라에비스*	26	NP_058764.2	*알. 노르베기쿠스*	36
NP_001013551.1	*디. 레리오*	27	XP_001510101.2	*오. 아나티누스*	37
XP_003918270.1	*피. 아누비스*	28	NP_001001749.1	*지. 갈루스*	38
XP_001084005.2	*엠. 물라타*	29	XP_002191794.1	*티. 구타타*	39
XP_003317709.1	*피. 트로글로디테스*	30	NP_001116192.2	*에스. 트로피칼리스*	40
XP_005641822.1	*씨. 루푸스 파밀리아리스*	31	NP_001133282.1	*에스. 살라르*	41
XP_001493687.3	*이. 카발루스*	32	XP_003445830.1	*오. 닐로티쿠스*	42
NP_001029742.1	*비. 타우루스*	33	XP_003961835.1	*티. 루브리페스*	43

도면5i

오르토로그 서열과의 인간 LAMP-3 정렬

신호 서열 LAMP 상동성 도메인 1

```
SEQIDN0:3     MPRQLSAAAALFASLAVILHD----GSQMRAKAFPETRDYSQPTAAATVQDIKKPV-QQP  55
SEQIDN0:44    MPRQLSAAAALFASLAVILHD----GSQMRAKAFPETRDYSQPSAAATVQDIKKPV-QQP  55
SEQIDN0:45    MPRQLSAAAVLFASLAVILHD----GSQMRAKAFPKTRDYSQPTAAATGQDIAKPV-QQP  55
SEQIDN0:46    MPRQLSAAAVLFASLAVILHD----GSQMRAKAFPKTRDYSQPTAAATGQDIAKPV-QQP  55
SEQIDN0:47    MSWQLSAAVALFVSLALILHY----GSQIRAKMFPETVDFQ-PTTAATVRATAKPFL-HL  54
SEQIDN0:48    MSWRLSAVLVSFVSLAVFLHY----GHHMKAKVFPEITDSSSPTTAATVQATAEPSLWKP  56
SEQIDN0:49    ------------------------------------------------------------  0
SEQIDN0:50    MAWQLSAVVVLFVSLAVILYY----GSHVRANVFPEITDYSQPTTAATIQTRAQPSLSQP  56
SEQIDN0:51    MSWQIPAVVMSFMALVAIWYYDSHYNSHMQAKVFPEITGYSSPTTG---QATVKPSLLQP  57
SEQIDN0:52    MSWQISAVVLFFVSLAVIWYYDS----HMKANVFPEITGYSSPTTG---QATVKPSLLQP  53
SEQIDN0:53    MPGQTSAVAVL-LCLAVILH-----GYQIREKEFPEARGYLQYTATTTEQITAKPPL-PL  53
SEQIDN0:54    MPGQISAVAVLFLSLTVILH-----GYQIREKEFPKARGYLQYTATSAEQITTKPLL-QL  54
SEQIDN0:55    ------------------------------------------------------------  0
```

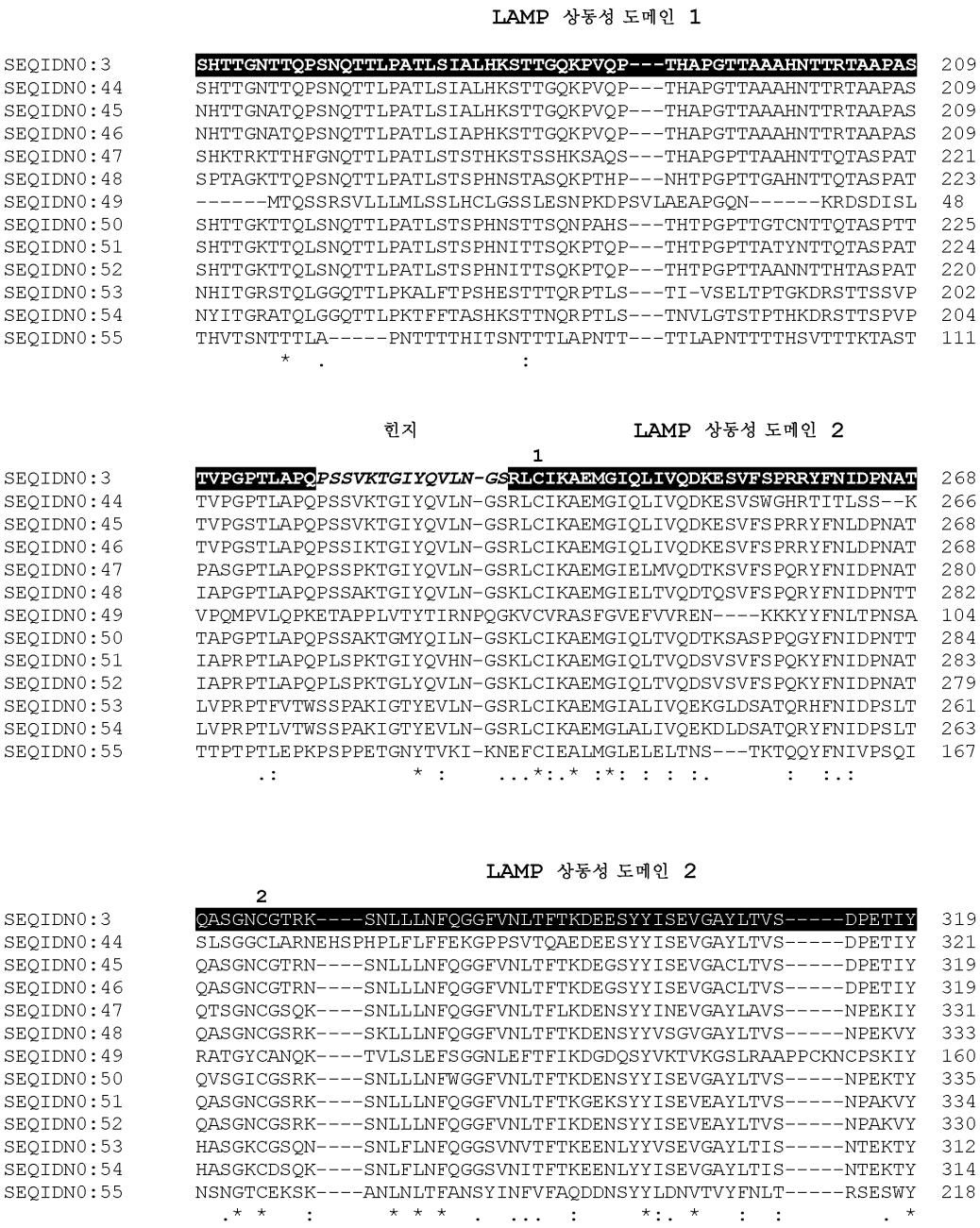
LAMP 상동성 도메인 1

```
SEQIDN0:3     AKQAPHQTLAARFMDGHITFQTAATVKIP------------TTTPATTKNTATTSPITY  102
SEQIDN0:44    AKQAPHQTLAARFMDGHITFQTAATVKTP------------TTTPATTKNTATTSPITY  102
SEQIDN0:45    ANQAPHQTLAARLMDGHITFQTAATIKTP------------TTTPVTTKNTPTTSPIIY  102
SEQIDN0:46    ANQAPHQTLAARLMDGHITFQTAATIKTP------------TTTPVTTKNTPTTSPIIY  102
SEQIDN0:47    TNQVPSQTLAARSMDGHIASQRAATTSSSEPPTTHTTVKTLVTTSLVTANSTPSSSPIIY  114
SEQIDN0:48    TNHTPHKTLAAKSTDGHVTSQIATTVTDSETLTTHTTITTLAATSLAATNSTPSTSPTTH  116
SEQIDN0:49    ------------------------------------------------------------  0
SEQIDN0:50    TNQVPHKTLATRSMDGQVTSQTAATTVNPETPVTHTTIKTAAATSLVTTNSTLSTSPITN  116
SEQIDN0:51    TNYVPHKTAAARSTDGHVTSQTVAKTSSSETLTTNTTIDVLATTSPVTTKSTLPTTPTTH  117
SEQIDN0:52    TNHVPCNTAAAKSTDGHVTSQTVAKTSSPETLTTNTTIEVLVTTSPVTTQSTLPTTPTTH  113
SEQIDN0:53    TNQTSHATLASRSKDDYIQTAAETS--TFE----DTAHITMKTAIPVTTKSLLPISSTSY  107
SEQIDN0:54    INQRSHITLASRFKDDYIQMAAETS--AIE----NTAHITMKTVTPVTTKSLPPISSASY  108
SEQIDN0:55    ----------------------------------------------MDRVSLLSTILLLY  14
```

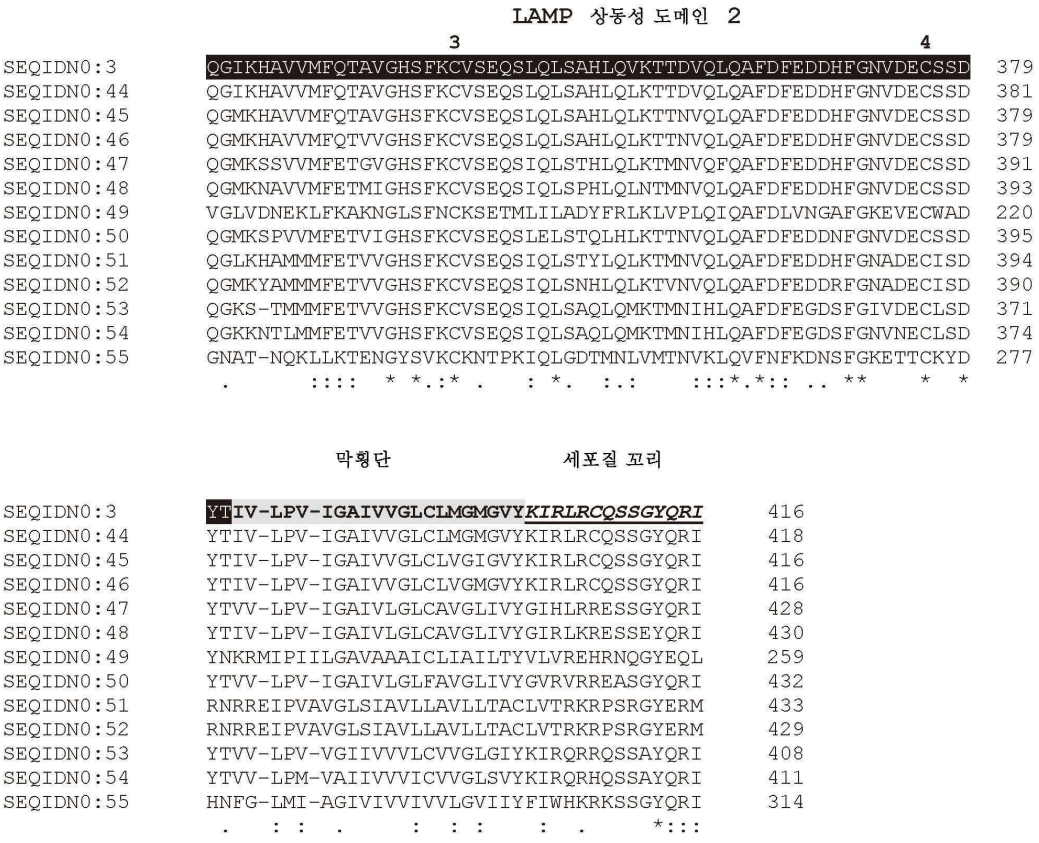
LAMP 상동성 도메인 1

```
SEQIDN0:3     TLVT--------TQATPNNSHTAPPVTEVTVGPSLAPYSLPPTI--TPPAHTTGTSSSTV  152
SEQIDN0:44    TLVT--------TQATPNNSHTAPPVTEVTVGPSLVPYSLPPTI--TPPAHTTGTSSSTV  152
SEQIDN0:45    TLVT--------TQATSNNSHTAPPLTKVTVGPSLAPYSLPPTI--TPPAHTTGTSSSTV  152
SEQIDN0:46    TLVT--------TQATSNNSHTAPPLTKVTVGPSLAPYSLPPTI--TPPAHTTGTSSSTV  152
SEQIDN0:47    TLVT--------TIVTPNNSNTAAPVTEATIGPSADPGSLPTTS--TPLAHTTRTNPSTL  164
SEQIDN0:48    TLFT--------TLATPNTSHMAAPVTEAAISPSAGLSSLLPTI--IPPAHTTGTRSSTL  166
SEQIDN0:49    ------------------------------------------------------------  0
SEQIDN0:50    TLLT--------TLATPDNTHTTTPVTEATIGPSAGPGSPPTTITTTSSAYTTGTRSSTV  168
SEQIDN0:51    TLVT--------TLATPNKSHVTFPVTEAKVGLSVGPSSPPVTV--NPTAHTTGNRPSTA  167
SEQIDN0:52    TLVT--------TLATPSKSHVTFPVTEAKAGLSIGPSSPPVTI--NPAAHTTGNRPSTA  163
SEQIDN0:53    TFV------------RTNNSHMTASSTEDTIGSGSITHL---------PFPTTRASLAAV  146
SEQIDN0:54    TFV------------RSNNAHMTASSTDDTIGSGSIAHL---------PVPTTRASLAIV  147
SEQIDN0:55    GLLYINDAYSENTFAQPSNTTTPAPNTTTTHVTSNTTTLAP---------------NTTT  59
```

도면5ii


LAMP 상동성 도메인 1
SEQIDN0:3 SHTTGNTTQPSNQTTLPATLSIALHKSTTGQKPVQP---THAPGTTAAAHNTTRTAAPAS 209
SEQIDN0:44 SHTTGNTTQPSNQTTLPATLSIALHKSTTGQKPVQP---THAPGTTAAAHNTTRTAAPAS 209
SEQIDN0:45 NHTTGNATQPSNQTTLPATLSIALHKSTTGQKPVQP---THAPGTTAAAHNTTRTAAPAS 209
SEQIDN0:46 NHTTGNATQPSNQTTLPATLSIAPHKSTTGQKPVQP---THAPGTTAAAHNTTRTAAPAS 209
SEQIDN0:47 SHKTRKTTHFGNQTTLPATLSTSTHKSTSSHKSAQS---THAPGPTTAAHNTTQTASPAT 221
SEQIDN0:48 SPTAGKTTQPSNQTTLPATLSTSPHNSTASQKPTHP---NHTPGPTTGAHNTTQTASPAT 223
SEQIDN0:49 ------MTQSSRSVLLLMLSSLHCLGSSLESNPKDPSVLAEAPGQN------KRDSDISL 48
SEQIDN0:50 SHTTGKTTQLSNQTTLPATLSTSPHNSTTSQNPAHS---THTPGPTTGTCNTTQTASPTT 225
SEQIDN0:51 SHTTGKTTQLSNQTTLPATLSTSPHNITTSQKPTQP---THTPGPTTATYNTTQTASPAT 224
SEQIDN0:52 SHTTGKTTQLSNQTTLPATLSTSPHNITTSQKPTQP---THTPGPTTAANNTTHTASPAT 220
SEQIDN0:53 NHITGRSTQLGGQTTLPKALFTPSHESTTTQRPTLS---TI-VSELTPTGKDRSTTSSVP 202
SEQIDN0:54 NYITGRATQLGGQTTLPKTFFTASHKSTTNQRPTLS---TNVLGTSTPTHKDRSTTSPVP 204
SEQIDN0:55 THVTSNTTTLA-----PNTTTTHITSNTTTLAPNTT---TTLAPNTTTTHSVTTTKTAST 111
힌지
LAMP 상동성 도메인 2
1
SEQIDN0:3 TVPGPTLAPQPSSVKTGIYQVLN-GSRLCIKAEMGIQLIVQDKESVFSPRRYFNIDPNAT 268
SEQIDN0:44 TVPGPTLAPQPSSVKTGIYQVLN-GSRLCIKAEMGIQLIVQDKESVSWGHRTITLSS--K 266
SEQIDN0:45 TVPGSTLAPQPSSVKTGIYQVLN-GSRLCIKAEMGIQLIVQDKESVFSPRRYFNLDPNAT 268
SEQIDN0:46 TVPGSTLAPQPSSIKTGIYQVLN-GSRLCIKAEMGIQLIVQDKESVFSPRRYFNLDPNAT 268
SEQIDN0:47 PASGPTLAPQPSSPKTGIYQVLN-GSRLCIKAEMGIELMVQDTKSVFSPQRYFNIDPNAT 280
SEQIDN0:48 IAPGPTLAPQPSSAKTGIYQVLN-GSKLCIKAEMGIELTVQDTQSVFSPQRYFNIDPNTT 282
SEQIDN0:49 VPQMPVLQPKETAPPLVTYTIRNPQGKVCVRASFGVEFVVREN----KKKYYFNLTPNSA 104
SEQIDN0:50 TAPGPTLAPQPSSAKTGMYQILN-GSKLCIKAEMGIQLTVQDTKSASPPQGYFNIDPNTT 284
SEQIDN0:51 IAPRPTLAPQPLSPKTGIYQVHN-GSKLCIKAEMGIQLTVQDSVSVFSPQKYFNIDPNAT 283
SEQIDN0:52 IAPRPTLAPQPLSPKTGLYQVLN-GSKLCIKAEMGIQLTVQDSVSVFSPQKYFNIDPNAT 279
SEQIDN0:53 LVPRPTFVTWSSPAKIGTYEVLN-GSRLCIKAEMGIALIVQEKGLDSATQRHFNIDPSLT 261
SEQIDN0:54 LVPRPTLVTWSSPAKIGTYEVLN-GSRLCIKAEMGLALIVQEKDLDSATQRYFNIDPSLT 263
SEQIDN0:55 TTPTPTLEPKPSPPETGNYTVKI-KNEFCIEALMGLELELTNS---TKTQQYFNIVPSQI 167
LAMP 상동성 도메인 2
2
SEQIDN0:3 QASGNCGTRK----SNLLLNFQGGFVNLTFTKDEESYYISEVGAYLTVS-----DPETIY 319
SEQIDN0:44 SLSGGCLARNEHSPHPLFLFFEKGPPSVTQAEDEESYYISEVGAYLTVS-----DPETIY 321
SEQIDN0:45 QASGNCGTRN----SNLLLNFQGGFVNLTFTKDEGSYYISEVGACLTVS-----DPETIY 319
SEQIDN0:46 QASGNCGTRN----SNLLLNFQGGFVNLTFTKDEGSYYISEVGACLTVS-----DPETIY 319
SEQIDN0:47 QTSGNCGSQK----SNLLLNFQGGFVNLTFLKDENSYYINEVGAYLAVS-----NPEKIY 331
SEQIDN0:48 QASGNCGSRK----SKLLLNFQGGFVNLTFTKDENSYYVSGVGAYLTVS-----NPEKVY 333
SEQIDN0:49 RATGYCANQK----TVLSLEFSGGNLEFTFIKDGDQSYVKTVKGSLRAAPPCKNCPSKIY 160
SEQIDN0:50 QVSGICGSRK----SNLLLNFWGGFVNLTFTKDENSYYISEVGAYLTVS-----NPEKTY 335
SEQIDN0:51 QASGNCGSRK----SNLLLNFQGGFVNLTFTKGEKSYYISEVEAYLTVS-----NPAKVY 334
SEQIDN0:52 QASGNCGSRK----SNLLLNFQGGFVNLTFIKDENSYYISEVEAYLTVS-----NPAKVY 330
SEQIDN0:53 HASGKCGSQN----SNLFLNFQGGSVNVTFTKEENLYYVSEVGAYLTIS-----NTEKTY 312
SEQIDN0:54 HASGKCDSQK----SNLFLNFQGGSVNITFTKEENLYYISEVGAYLTIS-----NTEKTY 314
SEQIDN0:55 NSNGTCEKSK----ANLNLTFANSYINFVFAQDDNSYYLDNVTVYFNLT-----RSESWY 218

도면5iii



	LAMP-3				
수탁 번호	종	SEQ ID NO:	수탁 번호	종	SEQ ID NO:
NP_055213.2	에이치. 사피엔스	3	XP_001496333.1	이. 카발루스	50
XP_001155195.3	피. 트로글로디테스	44	NP_001095605.1	비. 타우루스	51
XP_003894825.1	피. 아누비스	45	XP_004003158.1	오. 아리에스	52
NP_001028044.1	엠. 물라타	46	NP_001012015.1	알. 노르베기쿠스	53
XP_848889.2	씨. 루푸스 파밀리아리스	47	NP_796330.2	엠. 무스쿨루스	54
XP_003358746.1	에스. 스크로파	48	XP_002936919.2	엑스. 트로피칼리스	55
XP_001342688.2	디. 레리오	49			

도면6i

오르토로그 서열과의 인간 LIMP-2 정렬

신호 서열

```
SEQIDNO:4       ----------------------------------------------MGRCCFYTAGTLS 13
SEQIDNO:56      ----------------------------------------------MGRCCFYTAGTLS 13
SEQIDNO:57      ----------------------------------------------MGRCCFYTAGTLS 13
SEQIDNO:58      ----------------------------------------------MGRCCFYTVGTLS 13
SEQIDNO:59      ----------------------------------------------MGRCCFYAVGTLS 13
SEQIDNO:60      ----------------------------------------------MGRCCFYTAGTLS 13
SEQIDNO:61      ---------------------------------------------MTRRSCTIYATGIVC 15
SEQIDNO:62      ----------------------------------------------MARCCFYTAGTLS 13
SEQIDNO:63      ----------------------------------------------MRSLCLVTVGVLA 13
SEQIDNO:64      ----------------------------------------------MVKWAVFGTAAVS 13
SEQIDNO:65      MQLDDILHINNCKADCSSLSTTPNPKTDLVNMNGPKHKFCTKLSSTYLRKWWITIV--VA 58
SEQIDNO:66      ------------------------------MYGRSNRLCAKLSSAFLRKWWFVIA--FA 27
                                                                  .  .  ..
```

LAMP 상동성 도메인

```
SEQIDNO:4       LLLLVTSVTLLVARVFQKAVDQSIEKKIVLRNGTEAFDSWEKPPLPVYTQFYFFNVTNPE 73
SEQIDNO:56      LLLLVTSVTLLVARVFQKAVDQSIEKKIVLRNGTEAFDSWEKPPLPVYTQFYFFNVTNPE 73
SEQIDNO:57      LLLLVTSVTLLVARVFQKAVDQSIEKKIVLRNGTEAFDSWEKPPLPVYTQFYFFNVTNPE 73
SEQIDNO:58      LLLLVTSIALLVARVFQKAVDQTIEKNIVLRNGSETFDSWKKPPLPVYAQFYFFNVTNPE 73
SEQIDNO:59      LLLLVTSITLLVARVFQKAVDQTIEKNIVLRNGSETFDSWKKPPLPVYTQFYFFNVTNPE 73
SEQIDNO:60      LLLLVTSVTLLVARVFQKAVDQTIEKNMVLQNGTKVFNSWEKPPLPVYIQFYFFNVTNPE 73
SEQIDNO:61      AHLLILGIALLLAQVFQTMIQERIKKEITLAENSRVLDGWINPPPPVYMQYFFFNVTNPD 75
SEQIDNO:62      LLLLVTSVTLLVARVFQKAVDQTIEKNMVLQNGTKVFDSWEKPPLPVYIQFYFFNVTNPE 73
SEQIDNO:63      LTLLIASISLLVAHVFQTVVDLQVKQGTVLKNGTETFEAWEDPPPPVYMQFYFFNVTNPL 73
SEQIDNO:64      VTLLIVSIVLLLTHTFMDIVEGQVKQAIVLKNESEVFEDWANPPPPVYMQFYFFNVTNPL 73
SEQIDNO:65      AALIIG--GIVVACEFTVLIDAVVDRMVALRPGAKTFGWWAKPPVEPRISLYIYNVTNAD 116
SEQIDNO:66      LSLLVL--GALVTFGFTAFIRTIIDHQVALRVGGQSFGWWSRPPVEPIIRIFVYNVTNAD 85
                  *::     :::  *   :   :.:  .*    . :  *  **       :.:****
```

LAMP 상동성 도메인

```
SEQIDNO:4       EILRGE-TPRVEEVGPYTYRELRNKANIQFGDNGTTISAVSNKAYVFERDQSVGDPKIDL 132
SEQIDNO:56      EILRGE-TPRVEEVGPYTYRELRNKANIQFGDNGTTISAVSNKAYVFERDQSVGDPKIDL 132
SEQIDNO:57      EILRGE-TPRVEEVGPYTYRELRNKANVQFGDNGTTISAVSNKAYVFERDQSVGDPKIDL 132
SEQIDNO:58      EILRGE-IPRLEEVGPYTYRELRDKADIQFGDNGTTISAVSNKAYVFERNQSVGDPKTDL 132
SEQIDNO:59      EILNGE-TPRLEEVGPYTYRELRNKDDIQFGDNGTTISAVSNKAYVFERDKSVGDPKIDL 132
SEQIDNO:60      EILQGE-IPLLEEVGPYTYRELRNKANIQFGENGTTISAVTNKAYVFERNQSVGDPNVDL 132
SEQIDNO:61      EFLAGKEKAKVTQMGPYTYREYRPRENVTYLENGTKIFATNPKSFVFLRNMSAGDPEVDR 135
SEQIDNO:62      EILQGE-IPLLEEVGPYTYRELRNKANVQFGENGTTISAVTNKAYIFERNQSVGDPTVDL 132
SEQIDNO:63      EVLQGA-TPLVEEKGPYTYREYRPRVHVQFLDNGTKVSALNPKTYVFEPEKSVGNPEVDL 132
SEQIDNO:64      EVLSGE-KPFVDEIGPYTYREYRPRENITFSVNGTEVSAVTPKTYVFEPEKSIGDPKVDL 132
SEQIDNO:65      DFLSNGSKAIVDEVGPYVYSETWEKVNIVENDNGTL-SYNLRKIYSFREDLSVG-PEDDV 174
SEQIDNO:66      EFLNNGTKPILDELGPYVYVQTWEKVNIKENPNGTI-SYNQKRVYIFNEDLSGG-LEDDV 143
                :.* .     : : ***.* :   : .:    ***       : : *  : * *    *
```

도면6ii

LAMP 상동성 도메인

```
SEQIDNO:4     IRTLNIPVLTVIEWSQ-V-HFLREIIEAMLKAYQQKLFVTHTVDELLWGYKDEILSLIHV 190
SEQIDNO:56    IRTLNIPVLTVIEWSQ-V-RFLREIIEAMLKAYQQKLFVTHTVDELLWGYKDEILSLIHV 190
SEQIDNO:57    IRTLNIPVLTVIEWSQ-V-HFLREIIEAMLKAYQQKLFVTHTVDELLWGYKDEILSLIHV 190
SEQIDNO:58    IRTLNIPAVTAMEWAH-L-HFFRELIEALLKAYQQTLFVTHTVDELLWGYKDEILSLINV 190
SEQIDNO:59    LRTLNIPALTAMEWTQ-L-PLLRDIIEALLKAYRQKLFVTHTVDELLWGYKDEILSLINT 190
SEQIDNO:60    IRTINIPLLTVVDLAQ-L-TLLRELIEAMLKAYQQKLFVIHTVHELLWGYKDEILSLVHI 190
SEQIDNO:61    VTTVNIPMIAVMNELNSYSFFVRTAVSMYMGSMGMGLFMNRTVHEILWGFKDPLLTKLHA 195
SEQIDNO:62    IRTINIPLLTVVEMAQ-Q-PFLREIIEAMLKAYQQTLFVTHTVHELLWGYKDEVLSLVHI 190
SEQIDNO:63    IRTINVPAVTAMEWTR-A-TSLQFATEVLLLLYQESLFTVRTVHELLWGYKDKLLSTIHV 190
SEQIDNO:64    IRTVNIPLVTILEMTK-DSSLLRPFIIAALKTYKEGMFVTRTVDELLWGYKDAVLSILHP 191
SEQIDNO:65    VIVPNIPMLSATSQSKHAARFLRLAMASIMDILKIKPFVQVSVGQLLWGYEDPLLKLAKD 234
SEQIDNO:66    VIVPNIPMLSATSQSKHAARFLRLAMASIMDILKIKPFVEVSVGQLLWGYEDPLLKLAKD 203
              : . *:* ::  .  .    .:      :       *   :* ::***::* :*.  :
```

LAMP 상동성 도메인

```
                                                                      1
SEQIDNO:4     FRPDI----SPYFGLFYEKNGTNDGDYVFLTGEDSYLNFTKIVEWNGKTSLDWWITDKCN 246
SEQIDNO:56    FRPDI----SPYFGLFYEKNGTNDGDYVFLTGEDSYLNFTKIVEWNGKTSLDWWITDKCN 246
SEQIDNO:57    FRPDI----SPYFGLFYEKNGTNDGDYVFLTGEDNYLNFTKIVEWNGKTSLDWWITDKCN 246
SEQIDNO:58    FKPEI----SPYFGLYYGKNGTNDGDYVFLTGEDNYLNFSKIVEWNGKTSLDWWTTDKCN 246
SEQIDNO:59    FKHDV----SPYFGLFYGKNGTNDGDYVFLTGEDNYLNFSKIVEWNGKTSLDWWTADECN 246
SEQIDNO:60    FKPDV----SPNFGLFYERNGTNDGEYVFLTGEDNYLNFSKIVEWNGKTSLDWWTTDTCN 246
SEQIDNO:61    MRPEV----DEHFGLMYNKNGTHEGEFVFHTGEKNYMNYGKIDTWNGISQMNWWSSNQSN 251
SEQIDNO:62    FRPDV----SPNFGLFYERNGTNDGEYVFLTGEDNYLNFTKIVEWNGKTSLDWWTTDTCN 246
SEQIDNO:63    LHPEI----DPVFGFFNKMNGTDDGEYVFLSGEMNYLNFSRIVEWKGKESLNWWTTKTCN 246
SEQIDNO:64    FKKNI----SDTFGLFYKMNTTDDGEYIFLSGEKDYLEFTQIAEWKGQKALNWWTTETCN 247
SEQIDNO:65    VVPKEQKLPYEEFGLLYGKNGTSSDRVTVNTGVDDIRRYGIIDNFNGRTHLPHWTTDACN 294
SEQIDNO:66    VVPKEQKLPYEEFGLMYGKNSTSKDTVTVWTGVDDITQYGIIDKYNGRSHQTHWLSEQCN 263
              .  .        **:    * * ..   . :*  .  .:  *  ::*      * :. .*
```

LAMP 상동성 도메인

```
                                    2
SEQIDNO:4     MINGTDGDSFHPLITKDEVLYVFPSDFCRSVYITFSDYES-VQGLPAFRYKVPAEILANT 305
SEQIDNO:56    MINGTDGDSFHPLITKDEVLYVFPSDFCRSVYITFSDYES-VQGLPAFRYKVPAEILANT 305
SEQIDNO:57    MINGTDGDSFHPLITKDEVLYVFPSDFCRSVYITFSDYES-VQGLPAFRYKVPAEILANT 305
SEQIDNO:58    MINGTDGDSFHPLIDKDEILYVFPSEFCRSVYITFSDFKS-VQGLPAFRYKVPGEVLANT 305
SEQIDNO:59    MINGTDGDTFHPLITRDEVLYVFPSDFCRSVYITFSDFES-VQGLPALRYKVPAEILANT 305
SEQIDNO:60    MINGTDGDSFHPLISKDEVLYLFPSDLCRSVHITFSSFEN-VEGLPAFRYKVPAEILANT 305
SEQIDNO:61    MINGTDGSVFHTFLSRKELLYIFAADLCRSIHLGYVRDME-VKGIPAFRFAPPSDVLAPP 310
SEQIDNO:62    MINGTDGDSFHPLISKDETLYIFPSDFCRSVYITFSSFEN-VEGLPAFRYKVPAEILANS 305
SEQIDNO:63    MINGTDGTSFHPLISKDENIYIFSSDFCRSLYLVYDSSGS-VAGVPTYRFVPSPMVFANT 305
SEQIDNO:64    MINGTDGTSFHPLLNKDDTIYMFSSDLCRSIYAVYESSEN-IKDISVFRFSPPASVFANV 306
SEQIDNO:65    TLAGTDGSIFPPHIDHDRILHVYDKDLCRLLPLVFEKEVMTSNEVPGYRFTPPEWVFADV 354
SEQIDNO:66    RLNGTDGSIFPPRITKNSTLHVYEKDLCRLLPLSFEKEVTVRGGVKGYRFTPSPDVFASV 323
               : ****  *   : :.  ::::  ::** :   :         :   *:     ::*
```

도면6iii


LAMP 상동성 도메인
3 4 5
SEQIDNO:4 ---SDNAGFCIPE-GNCLGSGVLNVSICKNGAPIIMSFPHFYQADERFVSAIEGMHP-NQ 360
SEQIDNO:56 ---SDNAGFCIPE-GNCLGSGVLNVSICKNGAPIIMSFPHFYQADERFVSAIEGMHP-NK 360
SEQIDNO:57 ---SDNAGFCIPE-GNCLGSGVLNVSICKNGAPIIMSFPHFYQADERFVSAIEGMHP-NK 360
SEQIDNO:58 ---SDNAGFCVPK-GNCLGSGVLNISICKNGAPIIISFPHFYEADKKFVSAIDGMRP-NK 360
SEQIDNO:59 ---SDNAGFCIPK-GNCLGSGVLNVSVCKNGAPIIMSFPHFYQADEKFVSAIGGMHP-NK 360
SEQIDNO:60 ---SENAGFCIPE-GNCMDSGVLNISICKNGAPIIMSFPHFYQADEKFVSAIKGMHP-NK 360
SEQIDNO:61 DENPANAGFCVPA-GDCLGKGVLKVSVCRQGAPIVVSFPHFYQADERYINAIEGMNP-NE 368
SEQIDNO:62 ---SENAGFCIPE-GNCMDAGVLNVSICKNGAPIIMSFPHFYQADEKFVSAIKGMRP-NK 360
SEQIDNO:63 TVNPDNAGFCVPP-GNCPGAGVLNVSICKQGAPIFLSAPHFYQADQKFVSDIEGMHP-TK 363
SEQIDNO:64 SVNPQNKGFCVPE-GNCLPSGLLNVSICKEGAPIVLSSPHFYQADENVINSIRGMKP-VK 364
SEQIDNO:65 DSHPDNMCFCPAGKPSCSPNGLFNVSLCQYDSPIMLSFPHFYLADESLRTQVEGISPPMK 414
SEQIDNO:66 DKNPNNMCYCPAG-PPCAPHGLFNVSLCQYDSPILLSFPHFYMADQTLRTAVEGISPPEK 382
LAMP 상동성 도메인
SEQIDNO:4 EDHETFVDINPLTGIILKAAKRFQINIYVKKLDDFVETGDIRTMVFPVMYLNESVHIDKE 420
SEQIDNO:56 EDHETFVDINPLTGIILKAAKRFQINIYVKKLDDFVETGDIRTMVFPVMYLNESVHIDKE 420
SEQIDNO:57 EDHETFVDINPLTGIILKAAKRFQINIYVKKLDDFVETGDIRTMVFPVMYLNESVLIDKE 420
SEQIDNO:58 DYHETFVDINPLTGIILRAAKRFQINVYVKKLDDFIETGNIRTMVFPVMYINESVLIDKD 420
SEQIDNO:59 EYHETFVDINPLTGIILRAAKRFQINVYVRKLDDFVETGNIQTLVFPVMYINESVLIDKE 420
SEQIDNO:60 EEHESFVDINPLTGIILRGAKRFQINTYVRKLDDFVETGDIRTMVFPVMYLNESVLIDKE 420
SEQIDNO:61 EEHETYLDINPTTGVPIRACKRAQLNIILKRVRGFPNTKFLNETIFPIMYVNETATIDDE 428
SEQIDNO:62 EEHESFVDINPLTGIILRGAKRFQINTYVKKLDDFVETGNIRTMVFPVMYLNESVLIDKE 420
SEQIDNO:63 EYHETFVDINPLTGLVLQAAKRMQINIHVRKLPEFFETGNIRTLIFPVMYINESVLIDEA 423
SEQIDNO:64 EHHMTFLDLNPLTGTLIQAAKRIQVNVYVRKINVYLITQDIQTLFFPVMHLNESVLIDDK 424
SEQIDNO:65 EKHQFFFDVQPKMGTTLRVRARIQINLAVSQVFDIKQVANFPDIIFPILWFEEGIDNLPD 474
SEQIDNO:66 DKHQLFIDVQPDMGTALRARARIQINLAVSQVVDIKQVANFPDIVFPILWFEEGIDSLPD 442
막횡단 도메인
세포질 꼬리
SEQIDNO:4 TASRLKSMINTTLIITNI----PYIIMALGVFFGLVFTWLACKGQGSMDEGTADERAPLI 476
SEQIDNO:56 TASRLKSMINTTLIITNI----PYIIMALGVFFGLVFTWLACKGQGSMDEGTADERAPLI 476
SEQIDNO:57 TASRLKSVINTTLIITNI----PYIIMALGVFFGFVFTWLACKGQGSMDEGTADERAPLI 476
SEQIDNO:58 TASRLKSVINTTLIITNI----PYIVMALGVFFGLIFTWLACRGQGSMDEGTPDERAPLI 476
SEQIDNO:59 TASRLKSVINTTLIVTNI----PYIIMALGVFFGLIFTWLACRGQGSTDEGTADERAPLI 476
SEQIDNO:60 TANQLKSVINTTLVVTNI----PYIIMALGVFFGLVFTWLACRGQGSMDEGTADERAPLI 476
SEQIDNO:61 SAAQMRMLLLIVTVVSNF----PVIILALGVILLVVLIFLVCRNRQRKNEVKRIDFTEAF 484
SEQIDNO:62 TASQLKSVINTTLIVTNI----PYIIMALGVFFGLIFTWLACRGQGSTDEGTADERAPLI 476
SEQIDNO:63 SANKLKHVLLEASVVTGI----PFVIMAIGIVFGIVFSVLVCRAQGAREESTEEERSPLI 479
SEQIDNO:64 SAGRLRSILFQGRVVANI----PFIIMGLGIILAFLFTTLSCLQKRSRDEGTEEERGPLI 480
SEQIDNO:65 EVTDL--MRFAEQVPPKIRVALIVGLCALGVILLLLSTF--CLIRNSHRQSTLHLEGSNY 530
SEQIDNO:66 EILDL--MKVATNIPPRAKFILTIALFGLGGFLFVVAVI--CLVRKSHRQSTLHLEGSNY 498

도면6iv

```
SEQIDNO:4       RT----------------------------------------------      478
SEQIDNO:56      RT----------------------------------------------      478
SEQIDNO:57      RT----------------------------------------------      478
SEQIDNO:58      RT----------------------------------------------      478
SEQIDNO:59      RT----------------------------------------------      478
SEQIDNO:60      RT----------------------------------------------      478
SEQIDNO:61      HSFATTKDETAYTQVSNQAEDSPENRNNQPLRNGSYIAMSPVEAQKC      531
SEQIDNO:62      RT----------------------------------------------      478
SEQIDNO:63      RT----------------------------------------------      481
SEQIDNO:64      RAS---------------------------------------------      483
SEQIDNO:65      LATA------------QVDMNKKQNKDNQPARY---------------      551
SEQIDNO:66      LATA------------SVDQAKKKAKMDNGMSSKSN-----------      522
                  :
```

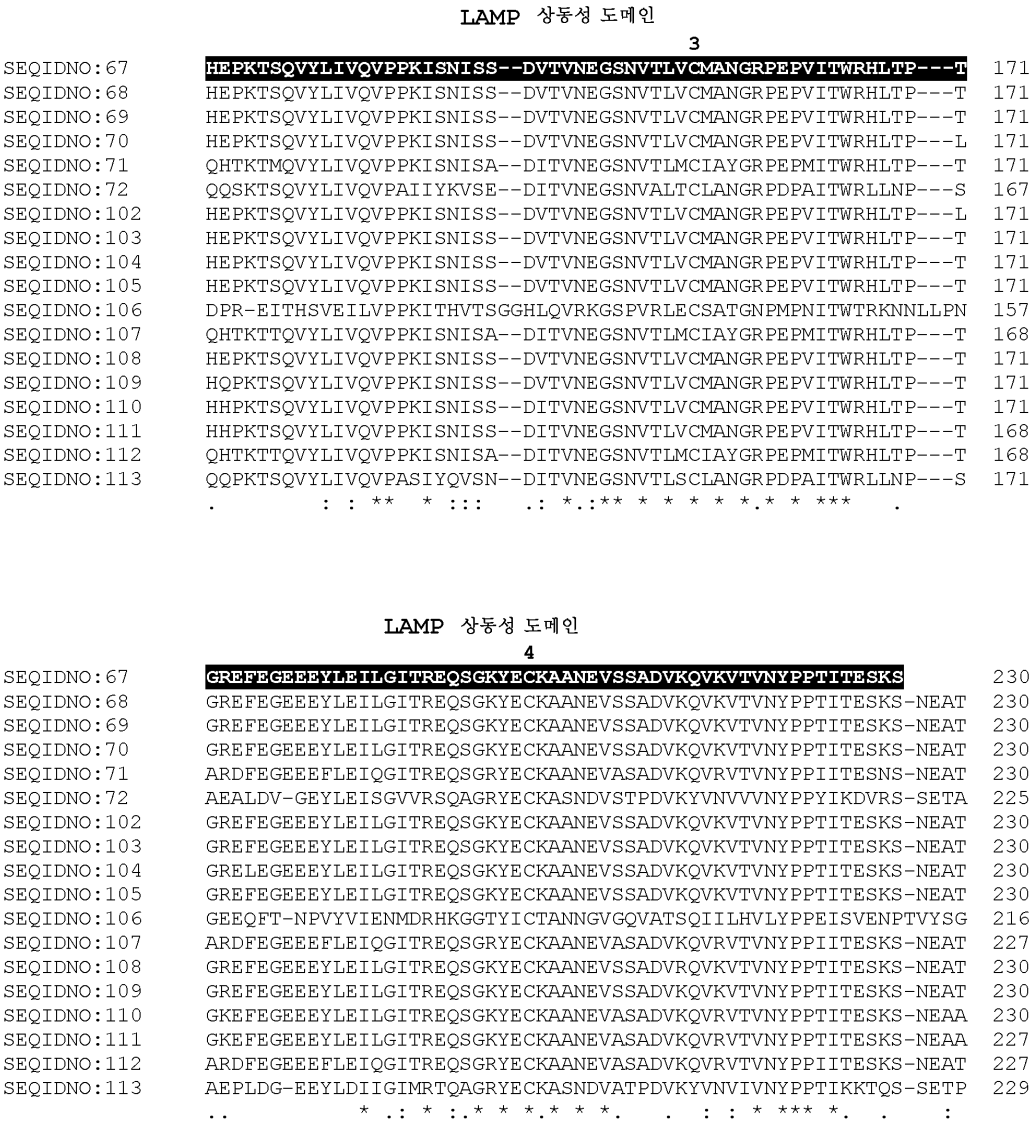
LIMP-2					
수탁 번호	종	SEQ ID NO:	수탁 번호	종	SEQ ID NO:
NP_005497.1	*에이치. 사피엔스*	4	NP_775366.1	*디. 레리오*	61
XP_517214.2	*피. 트로글로디테스*	56	NP_446453.1	*알. 노르베기쿠스*	62
XP_001096458.1	*엠. 뮬라타*	57	XP_420593.1	*지. 갈루스*	63
XP_005639134.1	*씨. 루푸스 파밀리아리스*	58	NP_001016557.1	*엑스. 트로피칼리스*	64
NP_001095623.1	*비. 타우루스*	59	NP_726504.2	*디. 멜라노가스터*	65
NP_031670.1	*엠. 무스큘루스*	60	XP_314345.2	*에이. 감비아에*	66

도면7i

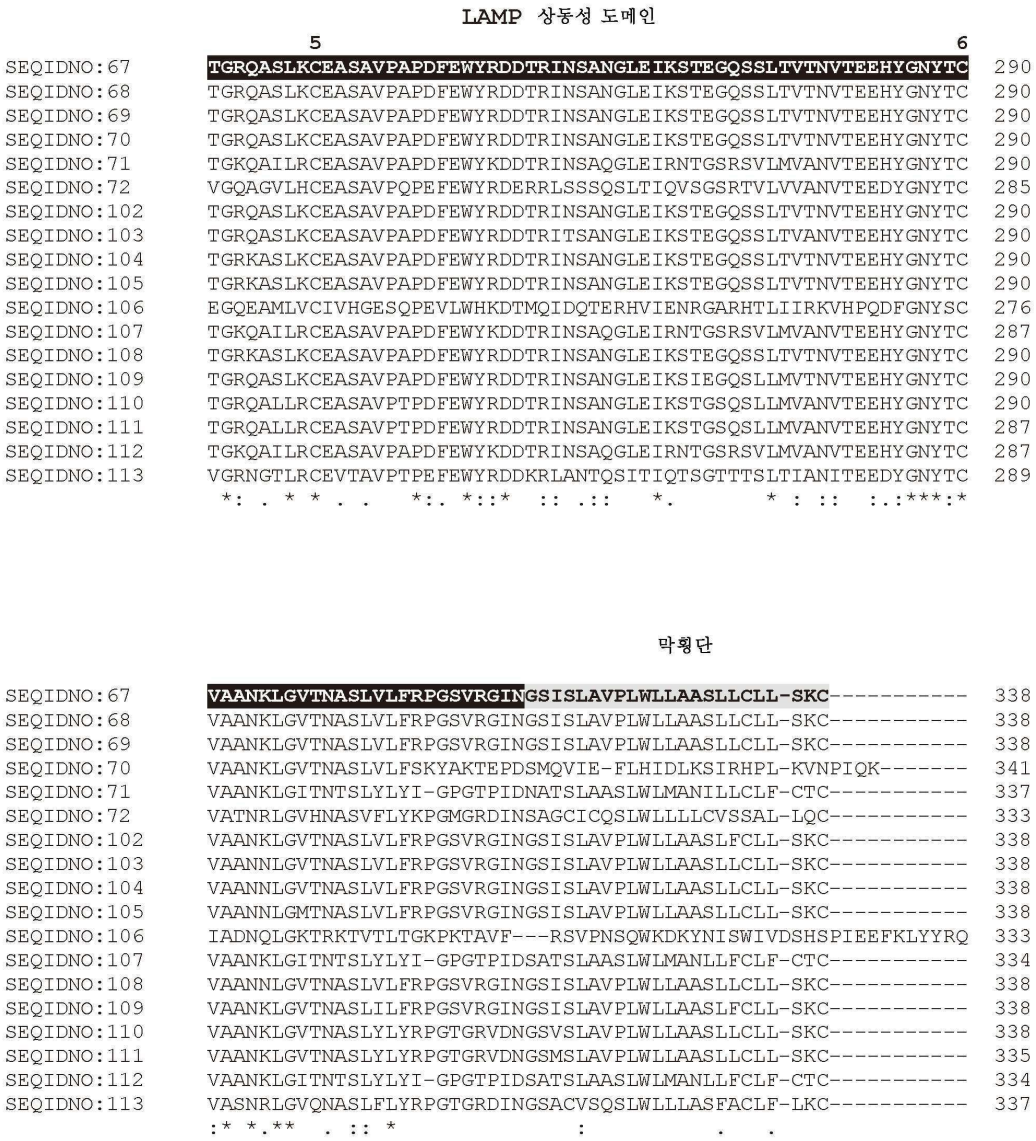
오르토로그 서열과의 인간 LIMBIC/SLAMP 정렬



도면7ii


LAMP 상동성 도메인
3
SEQIDNO:67 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:68 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:69 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:70 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---L 171
SEQIDNO:71 QHTKTMQVYLIVQVPPKISNISA--DITVNEGSNVTLMCIAYGRPEPMITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:72 QQSKTSQVYLIVQVPAIIYKVSE--DITVNEGSNVALTCLANGRPDPAITWRLLNP---S 167
SEQIDNO:102 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---L 171
SEQIDNO:103 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:104 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:105 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:106 DPR-EITHSVEILVPPKITHVTSGGHLQVRKGSPVRLECSATGNPMPNITWTRKNNLLPN 157
SEQIDNO:107 QHTKTTQVYLIVQVPPKISNISA--DITVNEGSNVTLMCIAYGRPEPMITWRHLTP---T 168
SEQIDNO:108 HEPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:109 HQPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DVTVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:110 HHPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DITVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 171
SEQIDNO:111 HHPKTSQVYLIVQVPPKISNISS--DITVNEGSNVTLVCMANGRPEPVITWRHLTP---T 168
SEQIDNO:112 QHTKTTQVYLIVQVPPKISNISA--DITVNEGSNVTLMCIAYGRPEPMITWRHLTP---T 168
SEQIDNO:113 QQPKTSQVYLIVQVPASIYQVSN--DITVNEGSNVTLSCLANGRPDPAITWRLLNP---S 171
. : : ** * ::: .: *.:** * * * * *.* * *** .
LAMP 상동성 도메인
4
SEQIDNO:67 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS 230
SEQIDNO:68 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:69 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:70 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:71 ARDFEGEEEFLEIQGITREQSGRYECKAANEVASADVKQVRVTVNYPPIITESNS-NEAT 230
SEQIDNO:72 AEALDV-GEYLEISGVVRSQAGRYECKASNDVSTPDVKYVNVVVNYPPYIKDVRS-SETA 225
SEQIDNO:102 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:103 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:104 GRELEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:105 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:106 GEEQFT-NPVYVIENMDRHKGGTYICTANNGVGQVATSQIILHVLYPPEISVENPTVYSG 216
SEQIDNO:107 ARDFEGEEEFLEIQGITREQSGRYECKAANEVASADVKQVRVTVNYPPIITESKS-NEAT 227
SEQIDNO:108 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVRQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:109 GREFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVSSADVKQVKVTVNYPPTITESKS-NEAT 230
SEQIDNO:110 GKEFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVASADVKQVRVTVNYPPTITESKS-NEAA 230
SEQIDNO:111 GKEFEGEEEYLEILGITREQSGKYECKAANEVASADVKQVRVTVNYPPTITESKS-NEAA 227
SEQIDNO:112 ARDFEGEEEFLEIQGITREQSGRYECKAANEVASADVKQVRVTVNYPPIITESKS-NEAT 227
SEQIDNO:113 AEPLDG-EEYLDIIGIMRTQAGRYECKASNDVATPDVKYVNVIVNYPPTIKKTQS-SETP 229
.. * .: * :.* * *.* * *. . : : * *** *. . :

도면7iii




```
                                  5                                                                 6
SEQIDNO:67      TGRQASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTEGQSSLTVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:68      TGRQASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTEGQSSLTVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:69      TGRQASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTEGQSSLTVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:70      TGRQASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTEGQSSLTVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:71      TGKQAILRCEASAVPAPDFEWYKDDTRINSAQGLEIRNTGSRSVLMVANVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:72      VGQAGVLHCEASAVPQPEFEWYRDERRLSSSQSLTIQVSGSRTVLVVANVTEEDYGNYTC  285
SEQIDNO:102     TGRQASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTEGQSSLTVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:103     TGRQASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRITSANGLEIKSTEGQSSLTVANVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:104     TGRKASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTEGQSSLTVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:105     TGRKASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTEGQSSLTVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:106     EGQEAMLVCIVHGESQPEVLWHKDTMQIDQTERHVIENRGARHTLIIRKVHPQDFGNYSC  276
SEQIDNO:107     TGKQAILRCEASAVPAPDFEWYKDDTRINSAQGLEIRNTGSRSVLMVANVTEEHYGNYTC  287
SEQIDNO:108     TGRKASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTEGQSSLTVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:109     TGRQASLKCEASAVPAPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSIEGQSLLMVTNVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:110     TGRQALLRCEASAVPTPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTGSQSLLMVANVTEEHYGNYTC  290
SEQIDNO:111     TGRQALLRCEASAVPTPDFEWYRDDTRINSANGLEIKSTGSQSLLMVANVTEEHYGNYTC  287
SEQIDNO:112     TGKQAILRCEASAVPAPDFEWYKDDTRINSAQGLEIRNTGSRSVLMVANVTEEHYGNYTC  287
SEQIDNO:113     VGRNGTLRCEVTAVPTPEFEWYRDDKRLANTQSITIQTSGTTTSLTIANITEEDYGNYTC  289
                 *: . * * . .   *:. *::*  :: .::   *.       * : ::  :.:***:*


                                                                막횡단
SEQIDNO:67      VAANKLGVTNASLVLFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:68      VAANKLGVTNASLVLFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:69      VAANKLGVTNASLVLFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:70      VAANKLGVTNASLVLFSKYAKTEPDSMQVIE-FLHIDLKSIRHPL-KVNPIQK-------  341
SEQIDNO:71      VAANKLGITNTSLYLYI-GPGTPIDNATSLAASLWLMANILLCLF-CTC-----------  337
SEQIDNO:72      VATNRLGVHNASVFLYKPGMGRDINSAGCICQSLWLLLLCVSSAL-LQC-----------  333
SEQIDNO:102     VAANKLGVTNASLVLFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLFCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:103     VAANNLGVTNASLVLFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:104     VAANNLGVTNASLVLFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:105     VAANNLGMTNASLVLFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:106     IADNQLGKTRKTVTLTGKPKTAVF---RSVPNSQWKDKYNISWIVDSHSPIEEFKLYYRQ  333
SEQIDNO:107     VAANKLGITNTSLYLYI-GPGTPIDSATSLAASLWLMANLLFCLF-CTC-----------  334
SEQIDNO:108     VAANNLGVTNASLVLFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:109     VAANKLGVTNASLILFRPGSVRGINGSISLAVPLWLLAASLFCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:110     VAANKLGVTNASLYLYRPGTGRVDNGSVSLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  338
SEQIDNO:111     VAANKLGVTNASLYLYRPGTGRVDNGSMSLAVPLWLLAASLLCLL-SKC-----------  335
SEQIDNO:112     VAANKLGITNTSLYLYI-GPGTPIDSATSLAASLWLMANLLFCLF-CTC-----------  334
SEQIDNO:113     VASNRLGVQNASLFLYRPGTGRDINGSACVSQSLWLLLASFACLF-LKC-----------  337
                :* *.**  . :: *             :          .   .
```

도면7iv

```
SEQIDNO:67      ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:68      ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:69      ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:70      ------------------------------------------------------------  341
SEQIDNO:71      ------------------------------------------------------------  337
SEQIDNO:72      ------------------------------------------------------------  333
SEQIDNO:102     ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:103     ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:104     ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:105     ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:106     MTFSIGQLQPLQTDWRDIVLPAFPYSHHYTQGMSYLIRGLEPDQQYEARVQSRNRYGWSD  393
SEQIDNO:107     ------------------------------------------------------------  334
SEQIDNO:108     ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:109     ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:110     ------------------------------------------------------------  338
SEQIDNO:111     ------------------------------------------------------------  335
SEQIDNO:112     ------------------------------------------------------------  334
SEQIDNO:113     ------------------------------------------------------------  337

SEQIDNO:67      ------------------------  338
SEQIDNO:68      ------------------------  338
SEQIDNO:69      ------------------------  338
SEQIDNO:70      ------------------------  341
SEQIDNO:71      ------------------------  337
SEQIDNO:72      ------------------------  333
SEQIDNO:102     ------------------------  338
SEQIDNO:103     ------------------------  338
SEQIDNO:104     ------------------------  338
SEQIDNO:105     ------------------------  338
SEQIDNO:106     FSESFLFTTSNTGKWMGQCCTNPG  417
SEQIDNO:107     ------------------------  334
SEQIDNO:108     ------------------------  338
SEQIDNO:109     ------------------------  338
SEQIDNO:110     ------------------------  338
SEQIDNO:111     ------------------------  335
SEQIDNO:112     ------------------------  334
SEQIDNO:113     ------------------------  337
```

LIMBIC/LSAMP					
수탁 번호	종	SEQ ID NO:	수탁 번호	종	SEQ ID NO:
NP_002329.2	*에이치. 사피엔스*	67	NP_001192297.1	*비. 타우로스*	105
XP_516662.2	*피. 트로글로디테스*	68	XP_312298.5	*에이. 감비아에*	106
XP_002716722.1	*오. 쿠니큘루스*	69	NP_001096385.1	*엑스. 트로피칼리스*	107
NP_780757.1	*엠. 무스큘루스*	70	XP_003434117.1	*씨. 루푸스 파밀리아리스*	108
NP_001086181.1	*엑스. 라에비스*	71	XP_001362972.1	*엠. 도메스티카*	109
NP_001034921.1	*디. 레리오*	72	NP_990205.1	*지. 갈루스*	110
NP_058938.1	*알. 노베르기쿠스*	102	XP_002190582.1	*티. 구타테*	111
XP_001502710.1	*이. 카발루스*	103	NP_001096385.1	*엑스. 트로피칼리스*	112
NP_001231626.1	*에스. 스크로파*	104	XP_003449349.1	*오. 닐로티쿠스*	113

도면8i

오르토로그 서열과의 인간 엔돌린 정렬

```
                        신호 서열                                LAMP 상동성 도메인

SEQIDNO:5       MSRLSRSLLWAATCLGVLCVLSADKNTTQH-PNVTTLAPISNVTSAP-----V-TSLPLV 53
SEQIDNO:73      MSGSSRRLLWAATCLAVLCVSAAQPNITTLAPNVTEVPT-----TT-----TKVVPTTQM 50
SEQIDNO:74      MSRLSRSLLWAVTCLAVLCVLSAEENPTPH-TNVTSLAPTSNITSAP-----V-TSLPLV 53
SEQIDNO:75      MLGLSRQLLWAVGCLAALCVLTAAKNSTIL-PPSTTTPWLSPPTTQT-----TSAPPKTL 54
SEQIDNO:76      MSGLSRPLLLAVGCLAALCVITAAGNTTLA-PNVTTASS-PPPTTTTVPVSPTTLSPLPV 58
SEQIDNO:77      MSGLSRPLLLAVGYLAALCVITAARNTTVT-PNVTTPSS-PPPTTATVPVSPTTLTPPPV 58
SEQIDNO:78      MSGLSRQLCWAAACLAALCALTAAQSFSSD-PNGTTTTTQATTDAAT----TRVTTAAPA 55
SEQIDNO:79      MSGASRGLFWAATCLAALCLSAAQSNS-SASPNVTDPPT-----TT-----SKVVPTTLT 49
                *   ** *  *.  *..**  :*  .        *         :

                                    LAMP 상동성 도메인
                          1     2 3           4    5       6        7        8
SEQIDNO:5       TTPAPETCEGRNSCVSCFNVSVV-NTTCFWIECKD--ESYCSHNSTVSDCQVGNTTDFCS 110
SEQIDNO:73      PTVLPETCASFNSCVSCVNATFTNNITCFWLHCQEANKTYCAN-EPLSNCSQVNRTDLCS 109
SEQIDNO:74      TTPAPETCEGRNSCVSCFNASTV-NTTCFWIECKD--ESYCSHNSTVSDCQVGNTTDFCS 110
SEQIDNO:75      PTPAPEICENRNSCISCFDA----NNTCFWIECKG--KSYCSDNSTVSDCHVVNGTDFCS 108
SEQIDNO:76      TTPAPDICGSRNSCVSCVDG----NATCFWIECKG--KSYCSDNSTAGDCKVVNTTGFCS 112
SEQIDNO:77      TTPAPDICGSRNSCISCVDG----NATCFWIECKG--KSYCSDNSTVSDCKVVNTTGFCA 112
SEQIDNO:78      TTPAPDPCDNRNSCVSCVNTSVD-ATACSWIECKE--KSYCSHNTTVSDCQVVNSTQLCS 112
SEQIDNO:79      TTKPPETCESFNSCVSCVNATLTNNITCVWLDCHEANKTYCSS-ELVSNCTQKTSTDSCS 108
                 *  *: * . ***:**.:       :* *:.*:   ::**:     .:*   . *  *:

                                    LAMP 상동성 도메인
SEQIDNO:5       VST-ATPVPTANSTAKPTVQPSPSTT-SKTVTTSGTTNNTVTPTSQPVRKSTFDAASFIG 168
SEQIDNO:73      VIPPTTPVPT-NSTAKPTTRPSSPTPTPSVVTSAGTTNTTLTPTSQPERKSTFDAASFIG 168
SEQIDNO:74      VPT-ATLVPTANSTAKPTVQPSPSTT-SKTVTTSGTTNTTVTPTSQPVRKSTFDAASFIG 168
SEQIDNO:75      GPT-VTPLPT-NSTAKTTTLPSPSSA-STTATTSGTTNTTLAPTTQPMRKSTFDAASFIG 165
SEQIDNO:76      VPT-TTPTPT-NSTAKTTTLPSTTTT-STTATTSGTTNTTLSPTIQPTRKSTFDAASFIG 169
SEQIDNO:77      VPT-TTPTPT-NSTAKTTTLPSTTTT-STTATTSGTANTTLTPTIQPMRKSTFDAASFIG 169
SEQIDNO:78      APE-PTMMPT-NSTAKTTTQPSSSTA-TTTATTSGTTNITLSPTSQPGRKSTFDAASFIG 169
SEQIDNO:79      VIP-TTPVPT-NSTAKPTTRPSSPTPTPSVVTSAGATNTTVTPTSQPERKSTFDAASFIG 166
                     *  ** ***** *. **  :   ...*::*::* *::** ** ************

                      막횡단              세포질 꼬리

SEQIDNO:5       GIVLVLGVQAVIFFLYKFCKSKERNYHTL 197
SEQIDNO:73      GIVLVLGVQAVIFFLYKFCKSKERNYHTL 197
SEQIDNO:74      GIVLVLGVQAVIFFLYKFCKSKERNYHTL 197
SEQIDNO:75      GIVLVLGVQAVIFFLYKFCKSKERNYHTL 194
SEQIDNO:76      GIVLVLGVQAVIFFLYKFCKSKERNYHTL 198
SEQIDNO:77      GIVLVLGVQAVIFFLYKFCKSKERNYHTL 198
SEQIDNO:78      GIVLILGVQAVIFFLYKFCKSKERNYHTL 198
SEQIDNO:79      GIVLVLGVQAVIFFLYKFCKSKERNYHTL 195
                ****:************************
```

도면8ii

	엔돌린				
수탁 번호	종	SEQ ID NO:	수탁 번호	종	SEQ ID NO:
NP_006007.2	*에이치. 사피엔스*	5	NP_001039506.1	*비. 타우루스*	76
NP_058594.1	*엠. 무스쿨루스*	73	XP_004011265.1	*오. 아리에스*	77
XP_001091286.1	*엠. 물라타*	74	XP_532256.2	*씨. 루푸스 파밀리아리스*	78
XP_001924661.2	*에스. 스크로파*	75	NP_114000.1	*알. 노르베기쿠스*	79

도면9i

오르토로그 서열과의 인간 마크로사일린 정렬



도면9ii

LAMP 상동성 도메인

```
                        2
SEQIDNO:80      ETIGDYTWTNGSQPCVHLQAQIQIRVMYTTQGGG---------EAWGISVLNPNK-TKVQ 204
SEQIDNO:81      ETIGDYTWTNGSQPCVHLQAQIQIRVMYTTQGGG---------EAWGISVLNPNK-TKVQ 204
SEQIDNO:82      EAIGDYTWSNGSQPCVRLQAQIQIRVLYPTQGGG---------EAWGISVLNPNR-TKAQ 185
SEQIDNO:83      GALGNYTWANGSQPCVQLQAQIQIRILYPIQGGRKVKLKWGLKRAWGISVLNPNK-TKVQ 183
SEQIDNO:84      ETIGDYMWTNGSQPCVHLQAQIQIRVMYTTQGGG---------EAWGISVLNPNK-TKVQ 204
SEQIDNO:85      GALGNYTWTNGSQPCVQLQAQIQIRILYLTQGGK---------KAWGLSVLNPNK-TKVQ 178
SEQIDNO:86      DAIGDYTWTTGSQPCARLQARIQIGVVYPTQAGG---------QAWGISVLNPNS-TKPW 179
SEQIDNO:87      EAIGDYIWTNGSQPCVRLQAQIQIRVLYPTLGGG---------KAWGISVLNPNK-TKAQ 174
SEQIDNO:88      EAVGNYTWTNGSQPCVQLQAQIQIRVLYPTQGGG---------QAWGMSVLNPNR-TKAQ 152
SEQIDNO:89      EAIGDYTWTNGSQPCVQLQAQIQIRVLYPTQGGG---------EAWGISVLNPNK-TKAL 141
SEQIDNO:90      ETIGDYMWTNGSQPCVHLQAQIQIRVMYTTQGGG---------EAWGISVLNPNK-TKVQ 204
SEQIDNO:91      GAVGDYIGANGSQLCVHLRAQIQMRVLYQASGGG---------KLWGIFVLNPNR-TMAQ 173
SEQIDNO:92      KAVGNYTVFNGSQPCLRLRAEIRLWVLYQAQEEGEAPPVSG------AASFPPPRPRPVA 199
                 ::*:*   .*** * :*:*.*:: ::*                      : *
```

LAMP 상동성 도메인

```
                   3
SEQIDNO:80      GSCEGAHPHLLLSF----PYGHLSFGFMQDLQQ--KVVYLSYMAVEYNVSFPHAAQWTFS 258
SEQIDNO:81      GSCEGAHPHLLLSF----PYGHLSFGFMQDLQQ--KAVYLSYMAVEYNVSFPHAAQWTFS 258
SEQIDNO:82      GGCEGTHSHLLLSF----PSGQLSFGFKQDPLQ--SAVYLNYMAVEYNVSFPQAVQWTFS 239
SEQIDNO:83      GGCDGTHPHLSLSF----PYGQLTFGFKQDLHQSPSTVYLDYMAVEYNVSFPQAAQWTFM 239
SEQIDNO:84      GSCEGAHPHLLLSF----PYGHLSFGFMQDLQQ--RVVYLSYMAVEYNVSFPHAAQWTFS 258
SEQIDNO:85      GGCDSAHPHLALSF----PYGQLTFGFKQDRHQSHSTVYLNYMAVEYNVSFPQAAQWTFS 234
SEQIDNO:86      GDCDGARPHLLLSF----PFGQLSFGFTQEPQQ--GSVYLDYLALQYNVSFPQAAQWTFS 233
SEQIDNO:87      GGCA--HPHLLLSF----PYGQLSFGFKQEPLQ--STVYLNYIAVEYNVSFPQAAQWTFL 226
SEQIDNO:88      GGCEGPRPHLLLSF----PYGQLSFGFKQDPGQGQSAVYLSYLAVEYNVSFPQAARWTFS 208
SEQIDNO:89      GGCEGAHPHVRLSF----PYGQLTFGFKQQPQE--STVYLNYMAVEYNVSFPRAAQWTFS 195
SEQIDNO:90      GSCEGAHPHLLLSF----PYGHLSFGFMQDLQQ--RVVYLSYMAVEYNVSFPHAAQWTFS 258
SEQIDNO:91      GNCEANHSSLILSF----PNGKLIFGFKQDSIK--KIVYLSHLATEFNVSFPSATRWIFS 227
SEQIDNO:92      GEGDGERSRVTPVASAMTVEGGSRAGFAM------------------------------ 228
                *     :  :          *    **
```

LAMP 상동성 도메인

```
                              4                                        5
SEQIDNO:80      AQNASLRDLQAPLGQSFSCSNSSIILSPAVHLDLLSLRLQAAQLPHTGVFGQSFSCPSDR 318
SEQIDNO:81      AQNASLRDLQAPLGRSFSCSNSSIILSPAVHLDLLSLRLQAAQLPHTGVFGQSFSCPSDR 318
SEQIDNO:82      VQNSSLRDLQTPLGHSFSCRNASIIVSPALHLDLLSLKLQAAQLSPSGAFGPSFSCPNDK 299
SEQIDNO:83      AQNSSLRELQAPLGQSFCCGNASIVLSPAVHLDLLSLRLQAAQLPDKGHFGPCFSCNRDQ 299
SEQIDNO:84      AQNASLRDLQAPLGQSFSCSNSSIILSPAVHLDLLSLRLQAAQLPHTGVFGQSFSCPSDR 318
SEQIDNO:85      AQNSSLQELQAPLGQSFCCGNTSIVLSPAIHLDLLSLRLQAAQLPDKGHFGPCFSCASDQ 294
SEQIDNO:86      GQNASLRALQAPLGQSFSCRNASILLTPALRLDLLHLKLQAAQLPPSGAFGPSFSCPSEH 293
SEQIDNO:87      VQNSSLRDLQAPLGQRFSCRNASIALSPAFHLDLLSLKLQAAQLTPTGAFGPSFSCPSDQ 286
SEQIDNO:88      AQNASLRDLQAPLGQSFSCRNASIAVSPALHLDLLSLRVQAAQLPRTGIFGPSFSCPADH 268
SEQIDNO:89      VQNSSLRDLQTPVGRSYSCRNASIILSTAFHLDLLSLKLQAAQLPPTGNFGPSFSCPSDQ 255
SEQIDNO:90      AQNASLRDLQAPLGQSFSCSNSSIILSPAVHLDLLSLRLQAAQLPHTGVFGQSFSCPSDR 318
SEQIDNO:91      VENSSLQDLQTPLGHSFSCRNRSIALSPDIHLDLLSLQLQAAQLSSSGAFGAAFSCSADL 287
SEQIDNO:92      -LGAEVRSRAPSLGRAGKTRL--RIHQPVVVLQ-------HTYYV--------------- 263
                  .:.::     :*:              . *:        :
```

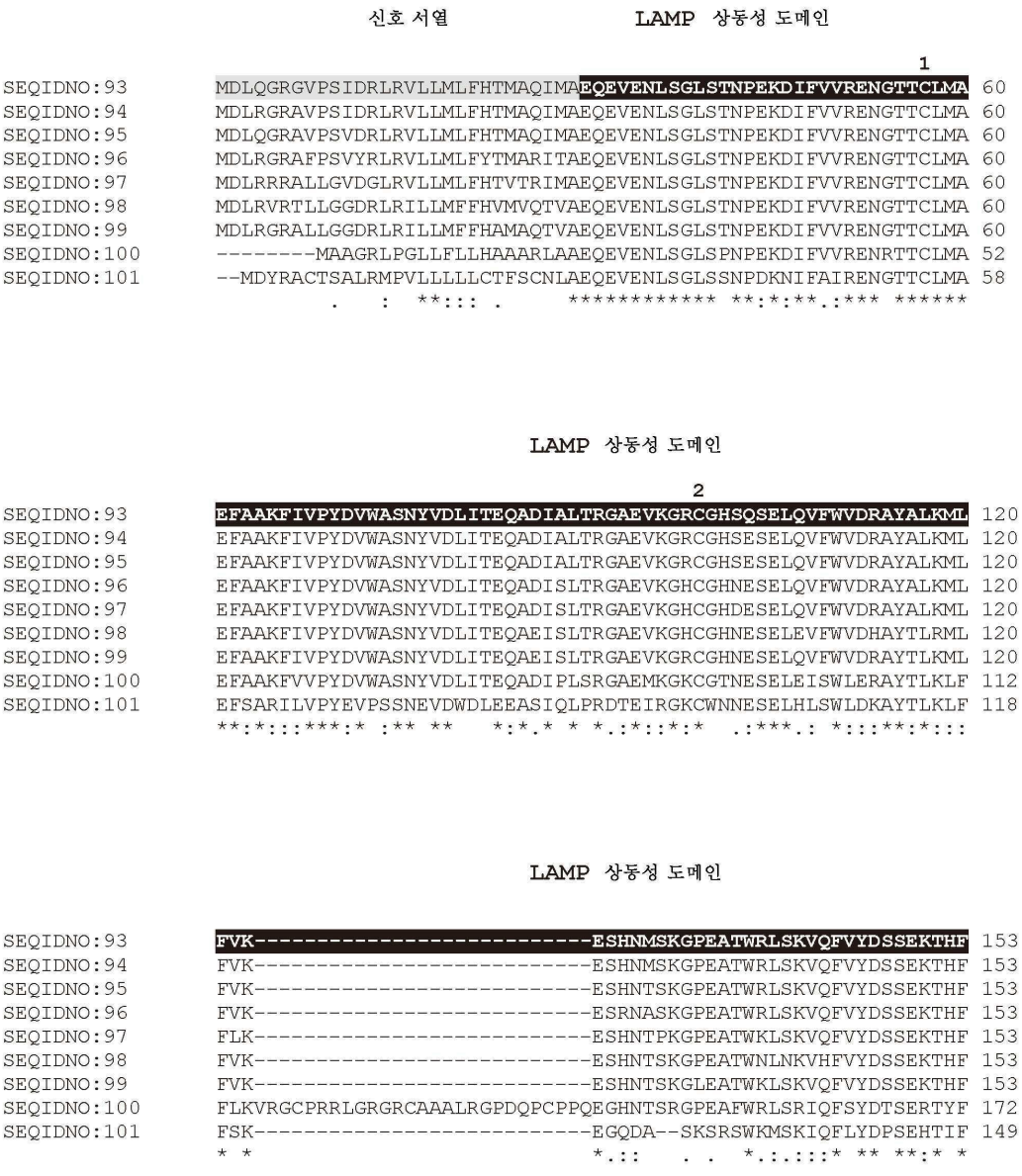
도면9iii



	마크로사일린				
수탁 번호	종	SEQ ID NO:	수탁 번호	종	SEQ ID NO:
NP_001242.2	*에이치. 사피엔스*	80	XP_849733.1	*씨. 루푸스 파밀리아리스*	86
XP_003315403.1	*피. 트로글로디테스*	81	NP_001093232.1	*이. 카발루스*	87
NP_001039367.1	*비. 타우루스*	82	XP_002719034.1	*오. 아리에스*	88
BAA23738.1	*엠. 무스큘루스*	83	XP_003131995.1	*에스. 스크로파*	89
XP_014974003.1	*엠. 물라타*	84	XP_003912313.1	*피. 아누비스*	90
NP_001026808.1	*알. 노르베기쿠스*	85	XP_001369761.1	*엠. 도메스티카*	91
			XP_001517723.2	*오. 아나티누스*	92

도면10i

오르토로그 서열과의 인간 LAMP5 정렬

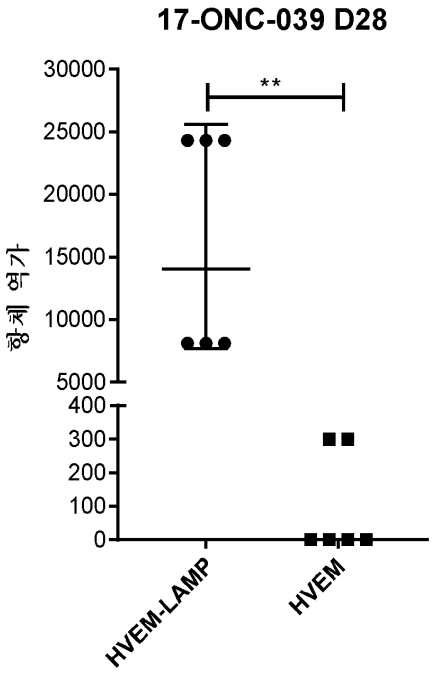


도면10ii



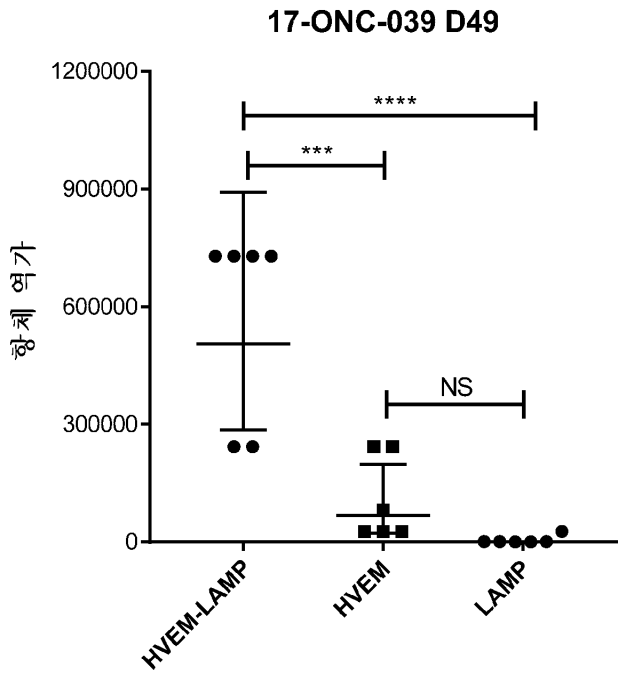
LAMP5					
수탁 번호	종	SEQ ID NO:	수탁 번호	종	SEQ ID NO:
NP_036393.1	*에이치. 사피엔스*	93	NP_001076887.1	*비. 타우루스*	97
XP_514512.3	*피. 트로글로디테스*	94	NP_083806.2	*엠. 무스쿨루스*	98
NP_001181627.1	*엠. 물라타*	95	NP_001014205.1	*알. 노르베기쿠스*	99
XP_850634.1	*씨. 루푸스 파밀리아리스*	96	XP_004935300.1	*지. 갈루스*	100
			NP_001090781.1	*지. 갈루스*	101

도면11



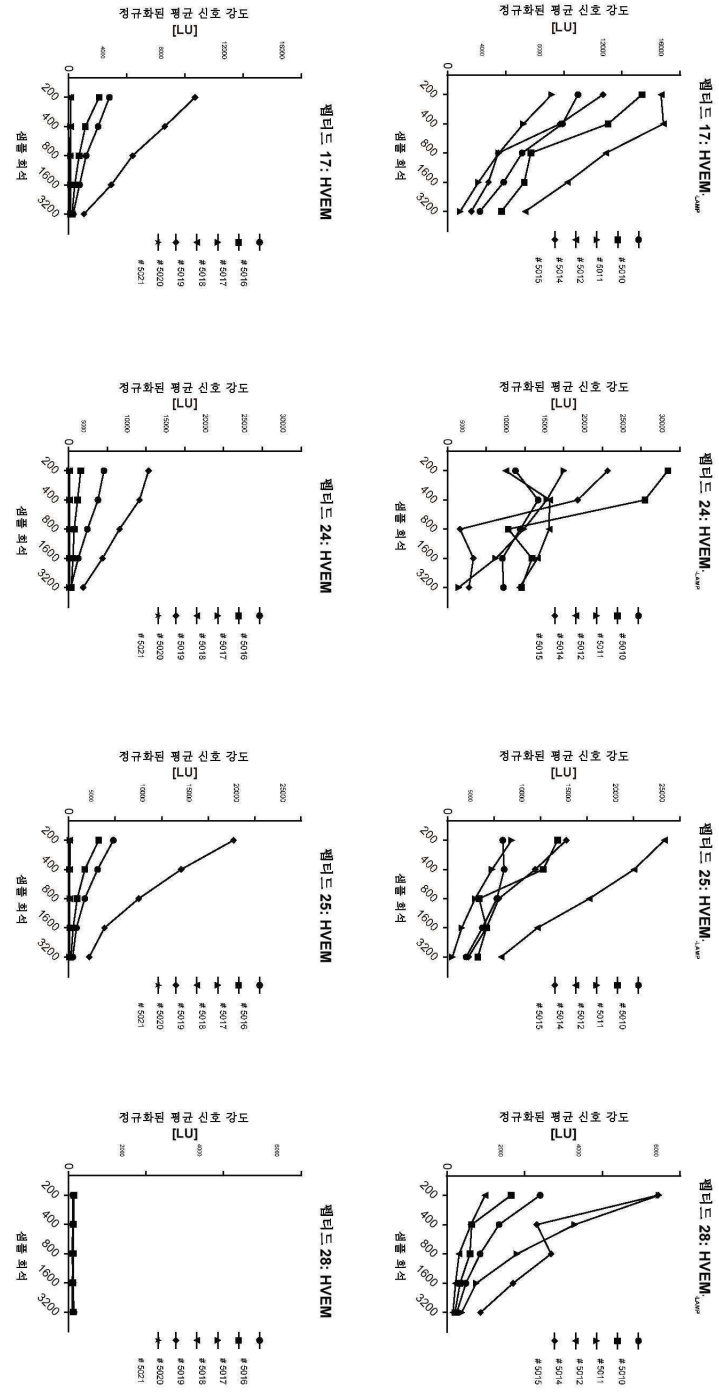
HVEM 특이적 IgG 항체 (제28일)

도면12



HVEM 특이적 IgG 항체 (제49일)

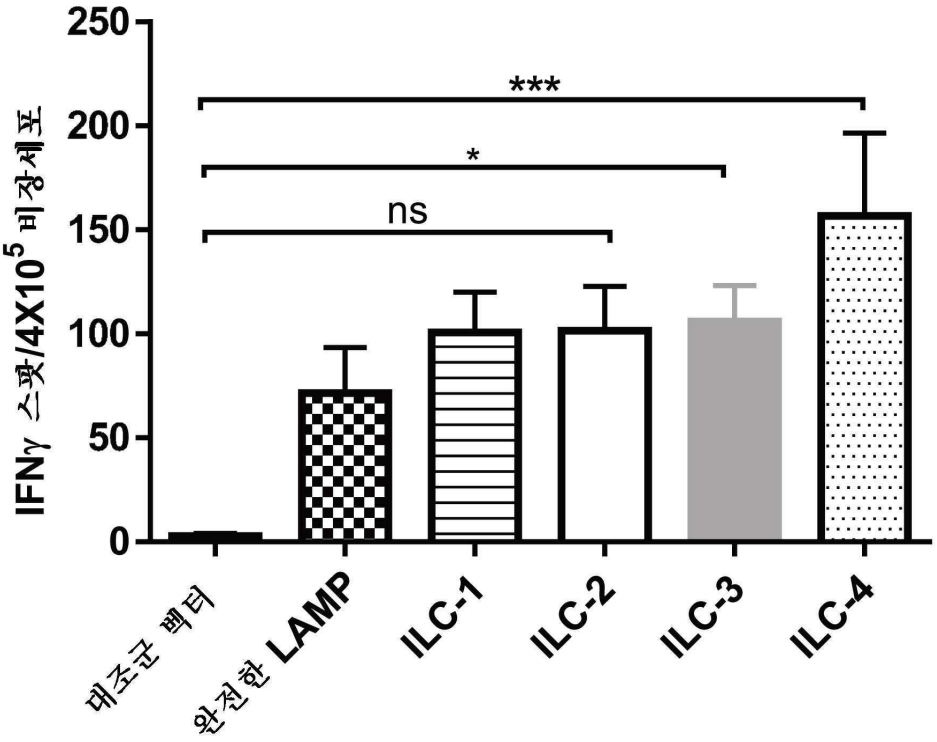
도면13


정규화된 평균 신호 강도
[LU]
웰 피크
200
400
800
1600
3200
5010
5011
5012
5014
5015
5016
5017
5018
5019
5020
5021
웰 티드 17: HVEM
웰 티드 17: HVEM
웰 티드 24: HVEM
웰 티드 24: HVEM
웰 티드 25: HVEM
웰 티드 25: HVEM
웰 티드 28: HVEM
웰 티드 28: HVEM

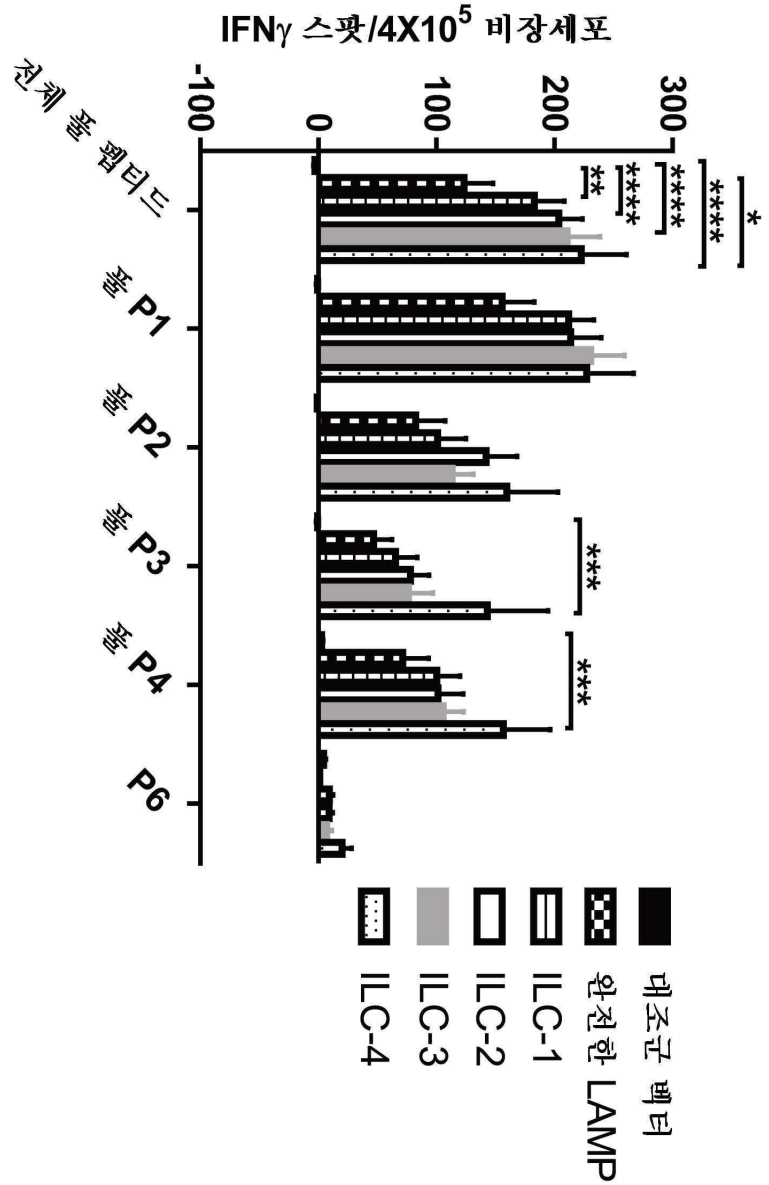
도면14

서바이빈 특이적
1 2 3 4 5 6 7 8
75kd
50kd
37kd
25kd
20kd
서바이빈
LAMP 특이적
1 2 3 4 5 6 7 8
1. 레더
2. 완전한 LAMP
3. ILC-1
4. LMAP 부재 서바이빈
5. ILC-3
6. ILC-2
7. ILC-4
8. LAMP 재조합 단백질

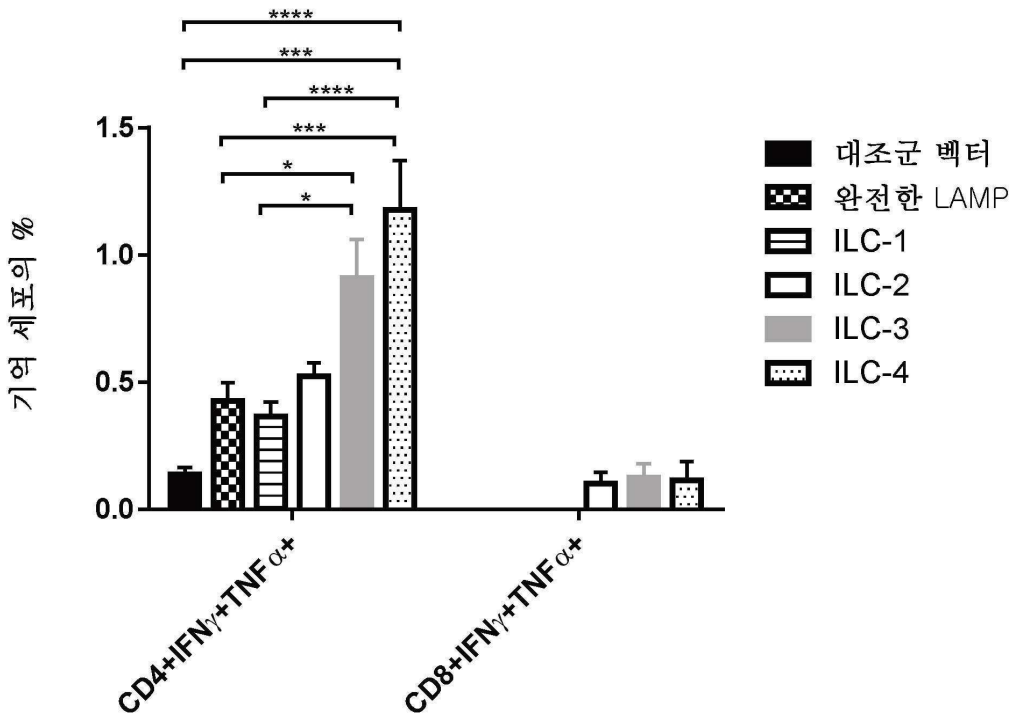
도면15


250
200
150
100
50
0
IFNγ 스팟/4X10^5 비장세포
***
*
ns
대조군 백터
완전한 LAMP
ILC-1
ILC-2
ILC-3
ILC-4

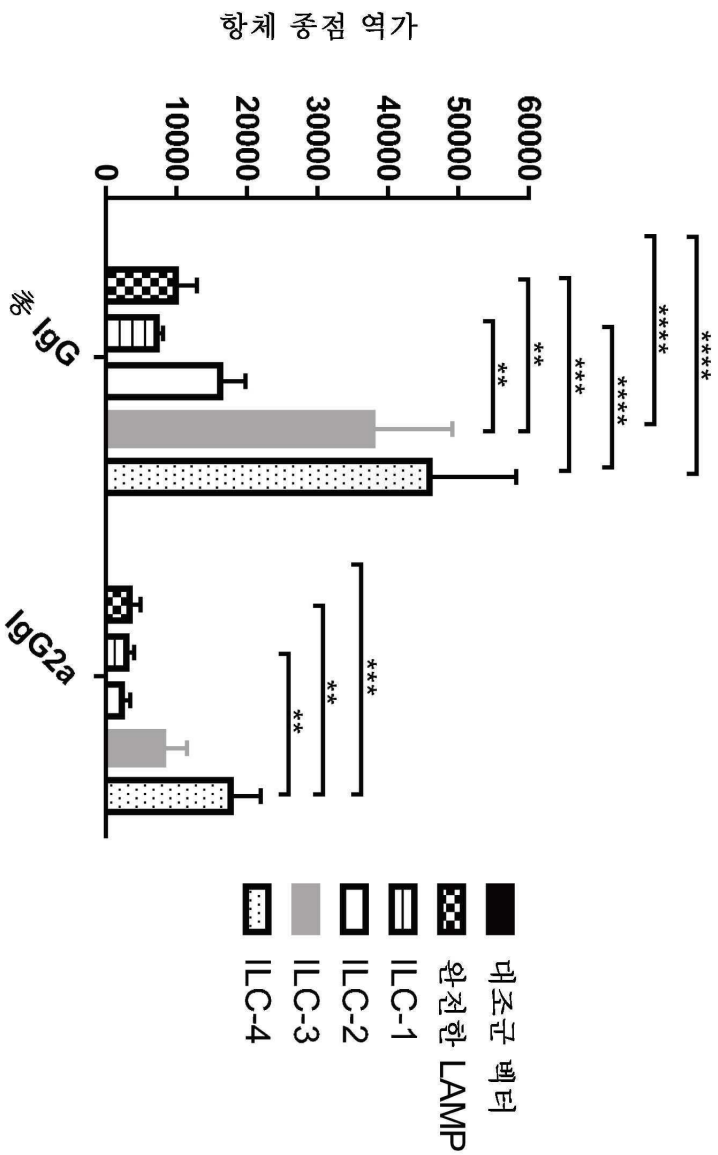
도면16


IFNγ 스팟/4X10^5 비장세포
-100
0
100
200
300
전체 풀 펩티드
풀 P1
풀 P2
풀 P3
풀 P4
P6
**
****
****
*
***
***
대조군 벡터
완전한 LAMP
ILC-1
ILC-2
ILC-3
ILC-4

도면17


****
***
****
***
*
*
1.5
1.0
0.5
0.0
기억 세포의 %
대조군 벡터
완전한 LAMP
ILC-1
ILC-2
ILC-3
ILC-4
CD4+IFNγ+TNFα+
CD8+IFNγ+TNFα+

도면18


항체 종점 역가
0
10000
20000
30000
40000
50000
60000
총 IgG
IgG2a
**
**
***
****
****
****
**
**
***
대조군 벡터
완전한 LAMP
ILC-1
ILC-2
ILC-3
ILC-4

도면19

서바이빈 – 완전한 LAMP 구축물의 예 (SEQ ID NO:193)

maprsarrpllllllllglmhcasaa*MFMVKNGNGTACIMANFSAAFSVNYDTKSGPKNMTLDLPSDATVVLNRSSCGKENTSDP SLVIAFGRGHTLTLNFTRNATRYSVQLMSFVYNLSDTHLFPNASSKEIKTVESITDIRADIDKKYRCVSGTQVHMNNVTVTLH DATIQAYLSNSSFSRGETRCEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVPKSPSVDKYNVSGTNGTCLLASMGLQLNLTYERKDNTTVTR LLNINPNKTSASGSCGAHLVTLELHSEGTTVLLFQFGMNASSSRFFLQGIQLNTILPDARDPAFKAANGSLRALQATVGNSYK CNAEEHVRVTKAFSVNIFKVWVQAFKVEGGQFGSVEECLLDENSL*EMGAPTLPPAWQPFLKDHRISTFKNWPFLEGCAC TPERMAEAGFIHCPTENEPDLAQCFFCFKELEGWEPDDDPIEEHKKHSSGCAFLSVKKQFEELTLGEFLKLDRERAKNKIA KETNNKKKEFEETAKKVRRAIEQLAAMDEFTLIPIAVGGALAGLVLIVLIAYLVGRKRSHAGYQTI

서바이빈 – ILC-1 구축물의 예 (SEQ ID NO:194)

maprsarrpllllllllglmhcasaMGAPTLPPAWQPFLKDHRISTFKNWPFLEGCACTPERMAEAGFIHCPTENEPDLAQCFFC FKELEGWEPDDDPIEEHKKHSSGCAFLSVKKQFEELTLGEFLKLDRERAKNKIAKETNNKKKEFEETAKKVRRAIEQLAAM D*AMFMVKNGNGTACIMANFSAAFSVNYDTKSGPKNMTLDLPSDATVVLNRSSCGKENTSDPSLVIAFGRGHTLTLNFTRN ATRYSVQLMSFVYNLSDTHLFPNASSKEIKTVESITDIRADIDKKYRCVSGTQVHMNNVTVTLHDATIQAYLSNSSFSRGETR CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVPKSPSVDKYNVSGTNGTCLLASMGLQLNLTYERKDNTTVTRLLNINPNKTSASGSCGAH LVTLELHSEGTTVLLFQFGMNASSSRFFLQGIQLNTILPDARDPAFKAANGSLRALQATVGNSYKCNAEEHVRVTKAFSVNIF KVWVQAFKVEGGQFGSVEECLLDENSM*LIPIAVGGALAGLVLIVLIAYLVGRKRSHAGYQTI

서바이빈 – ILC-2 구축물의 예 (SEQ ID NO:195)

maprsarrpllllllllglmhcasaMGAPTLPPAWQPFLKDHRISTFKNWPFLEGCACTPERMAEAGFIHCPTENEPDLAQCFFCF KELEGWEPDDDPIEEHKKHSSGCAFLSVKKQFEELTLGEFLKLDRERAKNKIAKETNNKKKEFEETAKKVRRAIEQLAAMD*A MFMVKNGNGTACIMANFSAAFSVNYDTKSGPKNMTLDLPSDATVVLNRSSCGKENTSDPSLVIAFGRGHTLTLNFTRNAT RYSVQLMSFVYNLSDTHLFPNASSKEIKTVESITDIRADIDKKYRCVSGTQVHMNNVTVTLHDATIQAYLSNSSFSRGETRCE QD*LIPIAVGGALAGLVLIVLIAYLVGRKRSHAGYQTI

서바이빈 – ILC-3 구축물의 예 (SEQ ID NO:196)

maprsarrpllllllllglmhcasa*AMFMVKNGNGTACIMANFSAAFSVNYDTKSGPKNMTLDLPSDATVVLNRSSCGKENTSDP SLVIAFGRGHTLTLNFTRNATRYSVQLMSFVYNLSDTHLFPNASSKEIKTVESITDIRADIDKKYRCVSGTQVHMNNVTVTLH DATIQAYLSNSSFSRGETRCEQD*LEMGAPTLPPAWQPFLKDHRISTFKNWPFLEGCACTPERMAEAGFIHCPTENEPDLAQ CFFCFKELEGWEPDDDPIEEHKKHSSGCAFLSVKKQFEELTLGEFLKLDRERAKNKIAKETNNKKKEFEETAKKVRRAIEQLAA MDEFTLIPIAVGGALAGLVLIVLIAYLVGRKRSHAGYQTI

서바이빈 – ILC-4 구축물의 예 (SEQ ID NO:197)

maprsarrpllllllllglmhcasa*AMFMVKNGNGTACIMANFSAAFSVNYDTKSGPKNMTLDLPSDATVVLNRSSCGKENTSDP SLVIAFGRGHTLTLNFTRNATRYSVQLMSFVYNLSDTHLFPNASSKEIKTVESITDIRADIDKKYRCVSGTQVHMNNVTVTLH DATIQAYLSNSSFSRGETRCEQD*LE**MGAPTLPPAWQPFLKDHRISTFKNWPFLEGCACTPERMAEAGFIHCPTENEPDLA QCFFCFKELEGWEPDDDPIEEHKKHSSGCAFLSVKKQFEELTLGEFLKLDRERAKNKIAKETNNKKKEFEETAKKVRRAIEQ LAAMD**EF***TCLLASMGLQLNLTYERKDNTTVTRLLNINPNKTSASGSCGAHLVTLELHSEGTTVLLFQFGMNASSSRFFLQG IQLNTILPDARDPAFKAANGSLRALQATVGNSYKCNAEEHVRVTKAFSVNIFKVWVQAFKVEGGQFGSVEECLLDENSM*** LIPIAVGGALAGLVLIVLIAYLVGRKRSHAGYQTI

도면20a

>SEQIDNO:114; pp65; 수탁 번호: ABQ23593; 아미노산 1-561

MESRGRRCPEMISVLGPISGHVLKAVFSRGDTPVLPHETRLLQTGIHVRVSQPSLILVSQYTPDSTPCHRGDNQLQ
VQHTYFTGSEVENVSVNVHNPTGRSICPSQEPMSIYVYALPLKMLNIPSINVHHYPSAAERKHRHLPVADAVIHAS
GKQMWQARLTVSGLAWTRQQNQWKEPDVYYTSAFVFPTKDVALRHVVCAHELVCSMENTRATKMQVIGDQYVKVYL
ESFCEDVPSGKLFMHVTLGSDVEEDLTMTRNPQPFMRPHERNGFTVLCPKNMIIKPGKISHIMLDVAFTSHEHFGL
LCPKSIPGLSISGNLLMNGQQIFLEVQAIRETVELRQYDPVAALFFFDIDLLLQRGPQYSEHPTFTSQYRIQGKLE
YRHTWDRHDEGAAQGDDDVWTSGSDSDEELVTTERKTPRVTGGGAMAGASTSAGRKRKSASSATACTSGVMTRGRL
KAESTVAPEEDTDEDSDNEIHNPAVFTWPPWQAGILARNLVPMVATVQGQNLKYQEFFWDANDIYRIFAELEGVWQ
PAAQPKRRRHRQDALPGPCIASTPKKHRG

대표적인 pp65 LAMP 구축물 삽입물: pp65 에피토프 (상기에서 강조됨),
GPGPG 링커에 의해 분리됨 (SEQ ID NO:115)

LLQTGIHVRVSQPSLGPGPGALPLKMLNIPSINVHGPGPGDQYVKVYLESFCEDVGPGPGIIKPGKISHIMLDVAF
TSHGPGPGPQYSEHPTFTSQYRIQGKLGPGPGPPWQAGILARNLVPMVGPGPGKYQEFFWDANDIYRIFA

대표적인 pp65 LAMP 구축물 삽입물: pp65 에피토프 (상기에서 강조됨),
PMGLP 링커에 의해 분리됨 (SEQ ID NO:116)

LLQTGIHVRVSQPSLPMGLPALPLKMLNIPSINVHPMGLPDQYVKVYLESFCEDVPMGLPIIKPGKISHIMLDVAF
TSHPMGLPPQYSEHPTFTSQYRIQGKLPMGLPPPWQAGILARNLVPMVPMGLPKYQEFFWDANDIYRIFA

>SEQIDNO:117; gB; 수탁 번호 P06473 인간 헤르페스바이러스 5
균주 AD169의 아미노산 1-906

MESRIWCLVVCVNLCIVCLGAAVSSSSTSHATSSTHNGSHTSRTTSAQTRSVYSQHVTSSEAVSHRANETIYNTTL
KYGDVVGVNTTKYPYRVCSMAQGTDLIRFERNIICTSMKPINEDLDEGIMVVYKRNIVAHTFKVRVYQKVLTFRRS
YAYIYTTYLLGSNTEYVAPPMWEIHHINKFAQCYSSYSRVIGGTVFVAYHRDSYENKTMQLIPDDYSNTHSTRYVT
VKDQWHSRGSTWLYRETCNLNCMLTITTARSKYPYHFFATSTGDVVYISPFYNGTNRNASYFGENADKFFIFPNYT
IVSDFGRPNAAPETHRLVAFLERADSVISWDIQDEKNVTCQLTFWEASERTIRSEAEDSYHFSSAKMTATFLSKKQ
EVNMSDSALDCVRDEAINKLQQIFNTSYNQTYEKYGNVSVFETSGGLVVFWQGIKQKSLVELERLANRSSLNITHR
TRRSTSDNNTTHLSSMESVHNLVYAQLQFTYDTLRGYINRALAQIAEAWCVDQRRTLEVFKELSKINPSAILSAIY
NKPIAARFMGDVLGLASCVTINQTSVKVLRDMNVKESPGRCYSRPVVIFNFANSSYVQYGQLGEDNEILLGNHRTE
ECQLPSLKIFIAGNSAYEYVDYLFKRMIDLSSISTVDSMIALDIDPLENTDFRVLELYSQKELRSSNVFDLEEIMR
EFNSYKQRVKYVEDKVVDPLPPYLKGLDDLMSGLGAAGKAVGVAIGAVGGAVASVVEGVATFLKNPFGAFTIILVA
IAVVIITYLIYTRQRRLCTQPLQNLFPYLVSADGTTVTSGSTKDTSLQAPPSYEESVYNSGRKGPGPPSSDASTAA
PPYTNEQAYQMLLALARLDAEQRAQQNGTDSLDGQTGTQDKGQKPNLLDRLRHRKNGYRHLKDSDEEENV

>SEQIDNO:118; 수탁 번호 P06473 인간 헤르페스바이러스 5 균주 AD169의
gB 단편

VSSSSTSHATSSTHNGSHTSRTTSAQTRSVYSQHVTSSEAVSHRANETIYNTTLKYGDVVGVNTTKYPYRVCSMAQ
GTDLIRFERNIICTSMKPINEDLDEGIMVVYKRNIVAHTFKVRVYQKVLTFRRSYAYIYTTYLLGSNTEYVAPPMW
EIHHINKFAQCYSSYSRVIGGTVFVAYHRDSYENKTMQLIPDDYSNTHSTRYVTVKDQWHSRGSTWLYRETCNLNC
MLTITTARSKYPYHFFATSTGDVVYISPFYNGTNRNASYFGENADKFFIFPNYTIVSDFGRPNAAPETHRLVAFLE
RADSVISWDIQDEKNVTCQLTFWEASERTIRSEAEDSYHFSSAKMTATFLSKKQEVNMSDSALDCVRDEAINKLQQ
IFNTSYNQTYEKYGNVSVFETSGGLVVFWQGIKQKSLVELERLANRSSLNITHRTRRSTSDNNTTHLSSMESVHNL
VYAQLQFTYDTLRGYINRALAQIAEAWCVDQRRTLEVFKELSKINPSAILSAIYNKPIAARFMGDVLGLASCVTIN
QTSVKVLRDMNVKESPGRCYSRPVVIFNFANSSYVQYGQLGEDNEILLGNHRTEECQLPSLKIFIAGNSAYEYVDY
LFKRMIDLSSISTVDSMIALDIDPLENTDFRVLELYSQKELRSSNVFDLEEIMREFNSYKQRVKYVEDKVVDPLPP
YLKGLDDLMSGLGAAGKAVGVAIGAVGGAVASVVEGVATFLKNPTRQRRLCTQPLQNLFPYLVSADGTTVTSGSTK
DTSLQAPPSYEESVYNSGRKGPGPPSSDASTAAPPYTNEQAYQMLLALARLDAEQRAQQNGTDSLDGQTGTQDKGQ
KPNLLDRLRHRKNGYRHLKDSDEEENV

도면20b

SEQ ID NO:119: 대표적인 gB LAMP 구축물 삽입물: gB 에피토프 (상기에서 강조됨), GPGPG 링커에 의해 분리됨

TTSAQTRSVYSQHVTGPGPGQLIPDDYSNTHSTRYVGPGPGVSVFETSGGLVVFWQGPGPGNSAYEYVDYLFKRMI
DLS

SEQ ID NO:120: 대표적인 gB LAMP 구축물 삽입물: gB 에피토프 (상기에서 강조됨), PMGLP 링커에 의해 분리됨

TTSAQTRSVYSQHVTPMGLPQLIPDDYSNTHSTRYVPMGLPVSVFETSGGLVVFWQPMGLPNSAYEYVDYLFKRMI
DLS

>SEQIDNO:121; IE1; 수탁 번호 P13202 인간 헤르페스바이러스 5 균주 AD169의 아미노산 1-491

MESSAKRKMDPDNPDEGPSSKVPRPETPVTKATTFLQTMLRKEVNSQLSLGDPLFPELAEESLKTFEQVTEDCNEN
PEKDVLAELVKQIKVRVDMVRHRIKEHMLKKYTQTEEKFTGAFNMMGGCLQNALDILDKVHEPFEEMKCIGLTMQS
MYENYIVPEDKREMWMACIKELHDVSKGAANKLGGALQAKARAKKDELRRKMMYMCYRNIEFFTKNSAFPKTTNGC
SQAMAALQNLPQCSPDEIMAYAQKIFKILDEERDKVLTHIDHIFMDILTTCVETMCNEYKVTSDACMMTMYGGISL
LSEFCRVLCCYVLEETSVMLAKRPLITKPEVISVMKRRIEEICMKVFAQYILGADPLRVCSPSVDDLRAIAEESDE
EEAIVAYTLATAGVSSSDSLVSPPESPVPATIPLSSVIVAENSDQEESEQSDEEEEEGAQEEREDTVSVKSEPVSE
IEEVAPEEEEDGAEEPTASGGKSTHPMVTRSKADQ

SEQ ID NO:122: 대표적인 IE1 LAMP 구축물 삽입물: IE1 에피토프 (상기에서 강조됨), GPGPG 링커에 의해 분리됨

VLAELVKQIKVRVDMVRHRIKEHMLKKYTQGPGPGIVPEDKREMWMACIKELHGPGPGKDELRRKMMYMCYRNIEF
FTKNSAFPKTTGPGPGSVMKRRIEEICMKVFAQYIGPGPGAIAEESDEEEAIVAYGPGPGVKSEPVSEIEEVAPEE
EEDG

SEQ ID NO:123: 대표적인 IE1 LAMP 구축물 삽입물: IE1 에피토프 (상기에서 강조됨), PMGLP 링커에 의해 분리됨

VLAELVKQIKVRVDMVRHRIKEHMLKKYTQPMGLPIVPEDKREMWMACIKELHPMGLPKDELRRKMMYMCYRNIEF
FTKNSAFPKTTPMGLPSVMKRRIEEICMKVFAQYIPMGLPAIAEESDEEEAIVAYPMGLPVKSEPVSEIEEVAPEE
EEDG

>SEQIDNO:124; 형태학적 전환 영역 II; AAA66543 인간 베타헤르페스바이러스 5의 아미노산 1-79

MLSVMVSSSLVLIVFFLGASEEAKPATTTTIKNTKPQCRPEDYATRLQDLRVTFHRVKPTLVGHVGTVYCDGLSFP
RVG

>SEQIDNO:125; 대표적인 형태학적 전환 영역 II LMAP 구축물 삽입물

ATTTTIKNTKPQCRPEDYATRLQDLRVTFHRVKPTLVGHVGTVYCDGLSFPRVG

>SEQIDNO:126; US28; 인간 베타헤르페스바이러스 5의 아미노산 1-364

MTPTTTTAELTTEFDYDEDATPCVFTDVLNQSKPVTLFLYGVVFLFGSIGNFLVIFTITWRRRIQCSGDVYFINLA
AADLLFVCTLPLWMQYLLDHNSLASVPCTLLTACFYVAMFASLCFITEIALDRYYAIVYMRYRPVKQACLFSIFWW
IFAVIIAIPHFMVVTKKDNQCMTDYDYLEVSYPIILNVELMLGAFVIPLSVISYCYYRISRIVAVSQSRHKGRIVR
VLIAVVLVFIIFWLPYHLTLFVDTLKLLKWISSSCEFERSLKRALILTESLAFCHCCLNPLLYVFVGTKFRQELHC
LLAEFRQRLFSRDVSWYHSMSFSRRSSPSRRETSSDTLSDEVCRVSQIIP

>SEQIDNO:127; 대표적인 US28 LAMP 구축물 삽입물

도면20c

MTPTTTTAELTTEFDYDEDATPCVFTDVLNQSKPVTTWRRRIQCSGDDHNSLEIALDRYYAIVYMRYRPVKQTKKD
NQCMTDYDYLEVSYPRISRIVAVSQSRHKGRIVRDTLKLLKWISSSCEFERSLKRGTKFRQELHCLLAEFRQRLFS
RDVSWYHSMSFSRRSSPSRRETSSDTLSDEVCRVSQIIP

>SEQIDNO:128 NP_000588.2 인슐린-유사 성장 인자-결합 단백질 2
이소형 a 전구체 [호모 사피엔스]
MLPRVGCPALPLPPPPLLPLLPLLLLLLGASGGGGGARAEVLFRCPPCTPERLAACGPPPVAPPAAVAAVAGGARM
PCAELVREPGCGCCSVCARLEGEACGVYTPRCGQGLRCYPHPGSELPLQALVMGEGTCEKRRDAEYGASPEQVADN
GDDHSEGGLVENHVDSTMNMLGGGGSAGRKPLKSGMKELAVFREKVTEQHRQMGKGGKHHLGLEEPKKLRPPPART
PCQQELDQVLERISTMRLPDERGPLEHLYSLHIPNCDKHGLYNLKQCKMSLNQRGECWCVNPNTGKLIQGAPTIRG
DPECHLFYNEQQEARGVHTQRMQ

>SEQIDNO:129 sp|P17150|IL10H_HCMVA 바이러스 인터류킨-10 호모로그
OS=인간 사이토메갈로바이러스 (균주 AD169) GN=UL111A PE=1 SV=2
MLSVMVSSSLVLIVFFLGASEEAKPATTTIKNTKPQCRPEDYATRLQDLRVTFHRVKPTLQREDDYSVWLDGTVVK
GCWGCSVMDWLLRRYLEIVFPAGDHVYPGLKTELHSMRSTLESIYKDMRQCPLLGCGDKSVISRLSQEAERKSDNG
TRKGLSELDTLFSRLEEYLHSRK

>SEQ ID NO:130 - 대표적인 HCMVA 바이러스 인터류킨-10 LAMP 구축물
삽입물
ATTTIKNTKPQCRPEDYATRLQDLRVTFHRVKPTLQREDDYSVWLDGTVVKGCWGCSVMDWLLRRYLEIVFPAGDH
VYPGLKTELHSMRSTLESIYKDMRQCPLLGCGDKSVISRLSQEAERKSDNGTRKGLSELDTLFSRLEEYLHSRK

>SEQ ID NO:131; sp|F5HAM0|UL144_HCMVM 막 당단백질 UL144 OS=인간
사이토메갈로바이러스 (균주 멀린) GN=UL144 PE=3 SV=1
MKPLVMLICFGVILLQLGVTKVCQHNEVQLGNECCPPCGLGQRVTKVCTERTSVTCTPCPNGTYVSGLYNCTDCTQ
CNVTQVMIRNCTSTNNTVCAPKNHTYFSTPGVQHHKQRQQNHTAHITVKQGKSGRHTLAWLSLFIFLVGIILLILY
LIAAYRSERCQQCCSIGKIFYRTL

>SEQIDNO:132: 대표적인 HCMVM 막 당단백질 UL144 LAMP 구축물
삽입물
KVCQHNEVQLGNECCPPCGLGQRVTKVCTERTSVTCTPCPNGTYVSGLYNCTDCTQCNVTQVMIRNCTSTNNTVCA
PKNHTYFSTPGVQHHKQRQQNHTAHITVKQGKSGRHTAAYRSERCQQCCSIGKIFYRTL

>SEQ ID NO:133; sp|Q6RJQ3|UL141_HCMVM 단백질 UL141 OS=인간 사이토메갈로바이러스
(균주 멀린) GN=UL141 PE=1 SV=1
MCRRESLRTLPWLFWVLLSCPRLLEYSSSSFPFATADIAEKMWAENYETTSPAPVLVAEGEQVTIPCTVMTHSWPM
VSIRARFCRSHDGSDELILDAVKGHRLMNGLQYRLPYATWNFSQLHLGQIFSLTFNVSTDTAGMYECVLRNYSHGL
IMQRFVILTQLETLSRPDEPCCTPALGRYSLGDQIWSPTPWRLRNHDCGMYRGFQRNYFYIGRADAEDCWKPACPD
EEPDRCWTVIQRYRLPGDCYRSQPHPPKFLPVTPAPPADIDTGMSPWATRGIAAFLGFWSIFTVCFLCYLCYLQCC
GRWCPTPGRGRRGGEGYRRLPTYDSYPGVKKMKR

> SEQ ID NO:134: 대표적인 HCMVM 단백질 UL141 LAMP 구축물 삽입물
DIAEKMWAENYETTSPAPVLVAEGEQVTIPCTVMTHSWPMVSIRARFCRSHDGSDELILDAVKGHRLMNGLQYRLP
YATWNFSQLHLGQIFSLTFNVSTDTAGMYECVLRNYSHGLIMQRFVILTQLETLSRPDEPCCTPALGRYSLGDQIW
SPTPWRLRNHDCGMYRGFQRNYFYIGRADAEDCWKPACPDEEPDRCWTVIQRYRLPGDCYRSQPHPPKFLPVTPAP
PADIDTGMSPWATRYLQCCGRWCPTPGRGRRGGEGYRRLPTYDSYPGVKKMKR

>SEQIDNO:135: sp|P09727|US11_HCMVA 특유한 짧은 US11 당단백질 OS=인간
사이토메갈로바이러스 (균주 AD169) GN=US11 PE=1 SV=1

도면20d

MNLVMLILALWAPVAGSMPELSLTLFDEPPPLVETEPLPPLSDVSEYRVEYSEARCVLRSGGRLEALWTLRGNLSV
PTPTPRVYYQTLEGYADRVPTPVEDVSESLVAKRYWLRDYRVPQRTKLVLFYFSPCHQCQTYYVECEPRCLVPWVP
LWSSLEDIERLLFEDRRLMAYYALTIKSAQYTLMMVAVIQVFWGLYVKGWLHRHFPWMFSDQW

>SEQIDNO:136: 대표적인 HCMVA 특유한 짧은 US11 당단백질 LAMP 구축물 삽입물

MPELSLTLFDEPPPLVETEPLPPLSDVSEYRVEYSEARCVLRSGGRLEALWTLRGNLSVPTPTPRVYYQTLEGYAD
RVPTPVEDVSESLVAKRYWLRDYRVPQRTKLVLFYFSPCHQCQTYYVECEPRCLVPWVPLWSSLEDIERLLFEDRR
LMAYYALTIKSAQYHRHFPWMFSDQW

>SEQIDNO:137: tr|A0A0G2TM81|A0A0G2TM81_HCMV 외피 당단백질 H OS=인간 사이토메갈로바이러스 GN=UL75 PE=3 SV=1

MRPGLPSYLIVLAVCLLSHLLSPRYGAEAVSEPLDKAFHLLLNTYGRPIRFLRENATQCTYNSSLRNSTVVRENAI
SFNFFQSYNQYYVFHMPRCLFAGPLAEQFLNQVDLTETLERYQQRLNTYALVSKDLASYRSFSQQLKAQDSLGEQP
TTVPPPIDLSIPHVWMPPQTTPHGWTESHTTSGLHRPHFNQTCILFDGHDLLFSTVTPCLHQGFYLIDELRYVKIT
LTEDFFVVTVSIDDDTPMLLIFGHLPRVLFKAPYQRDNFILRQTEKHELLVLVKKDQLNRHSYLKDPDFLDAALDF
NYLDLSALLRNSFHRYAVDVLKSGRCQMLDRRTVEMAFAYALALFAAARQEEAGAQVSVPRALDRQAALLQIQEFM
ITCLSQTPPRTTLLLYPTAVDLAKRALWTPNQITDITSLVRLVYILSKQNQQHLIPQWALRQIADFALKLHKTHLA
SFLSAFARQELYLMGSLVHSMLVHTTERREIFIVETGLCSLAELSHFTQLLAHPHHEYLSDLYTPCSSSGRRDHSL
ERLTRLFPDATVPTTVPTALSILSTMQPSTLETFPDLFCLPLGESFSALTVSEHVSYVVTNQYLIKGISYPVSTTV
VGQSLIITQTDSQSKCELTRNMHTTHSITAALNISLENCAFCQSALLEYDDTQGVINIMYMHDSDDVLFALDPYNE
VVVSSPRTHYLMLLKNGTVLEVTDVVVDATDSRLLMMSVYALSAIIGIYLLYRMLKTC

>SEQIDNO:138 HCMV 외피 당단백질 H 단편

VSEPLDKAFHLLLNTYGRPIRFLRENATQCTYNSSLRNSTVVRENAISFNFFQSYNQYYVFHMPRCLFAGPLAEQF
LNQVDLTETLERYQQRLNTYALVSKDLASYRSFSQQLKAQDSLGEQPTTVPPPIDLSIPHVWMPPQTTPHGWTESH
TTSGLHRPHFNQTCILFDGHDLLFSTVTPCLHQGFYLIDELRYVKITLTEDFFVVTVSIDDDTPMLLIFGHLPRVL
FKAPYQRDNFILRQTEKHELLVLVKKDQLNRHSYLKDPDFLDAALDFNYLDLSALLRNSFHRYAVDVLKSGRCQML
DRRTVEMAFAYALALFAAARQEEAGAQVSVPRALDRQAALLQIQEFMITCLSQTPPRTTLLLYPTAVDLAKRALWT
PNQITDITSLVRLVYILSKQNQQHLIPQWALRQIADFALKLHKTHLASFLSAFARQELYLMGSLVHSMLVHTTERR
EIFIVETGLCSLAELSHFTQLLAHPHHEYLSDLYTPCSSSGRRDHSLERLTRLFPDATVPTTVPTALSILSTMQPS
TLETFPDLFCLPLGESFSALTVSEHVSYVVTNQYLIKGISYPVSTTVVGQSLIITQTDSQSKCELTRNMHTTHSIT
AALNISLENCAFCQSALLEYDDTQGVINIMYMHDSDDVLFALDPYNEVVVSSPRTHYLMLLKNGTVLEVTDVVVDA
TDSRRMLKTC

>SEQIDNO:139 대표적인 HCMV 외피 당단백질 에피토프 (상기에서 강조됨) LAMP 구축물 삽입물, GPGPG 링커에 의해 분리됨

TYNSSLRNSTVVRENAISFNFFQSYNQYYVFHMPRGPGPGDLTETLERYQQRLNTYALVSKDLASYRSFSGPGPGS
HTTSGLHRPHFNQTCILFDGPGPGQLNRHSYLKDPDFLDAALDF

>SEQIDNO:140 대표적인 HCMV 외피 당단백질 에피토프 (상기에서 강조됨) LAMP 구축물 삽입물, PMGLP 링커에 의해 분리됨

TYNSSLRNSTVVRENAISFNFFQSYNQYYVFHMPRPMGLPDLTETLERYQQRLNTYALVSKDLASYRSFSPMGLPS
HTTSGLHRPHFNQTCILFDPMGLPQLNRHSYLKDPDFLDAALDF

>SEQIDNO:141: sp|Q6SWP7|VIE2_HCMVT 바이러스 전사 인자 IE2 OS=인간 사이토메갈로바이러스 (균주 타운) GN=UL122 PE=1 SV=1

MESSAKRKMDPDNPDEGPSSKVPRPETPVTKATTFLQTMLRKEVNSQLSLGDPLFPELAEESLKTFERVTEDCNEN
PEKDVLAELGDILAQAVNHAGIDSSSTGPTLTTHSCSVSSAPLNKPTPTSVAVTNTPLPGASATPELSPRKKPRKT
TRPFKVIIKPPVPPAPIMLPLIKQEDIKPEPDFTIQYRNKIIDTAGCIVISDSEEEQGEEVETRGATASSPSTGSG
TPRVTSPTHPLSQMNHPPLPDPLGRPDEDSSSSSSSCSSASDSESESEEMKCSSGGGASVTSSHHGRGGFGGAASS
SLLSCGHQSSGGASTGPRKKKSKRISELDNEKVRNIMKDKNTPFCTPNVQTRRGRVKIDEVSRMFRNTNRSLEYKN

도면20e

LPFTIPSMHQVLDEAIKACKTMQVNNKGIQIIYTRNHEVKSEVDAVRCRLGTMCNLALSTPFLMEHTMPVTHPPEV
AQRTADACNEGVKAAWSLKELHTHQLCPRSSDYRNMIIHAATPVDLLGALNLCLPLMQKFPKQVMVRIFSTNQGGF
MLPIYETAAKAYAVGQFEQPTETPPEDLDTLSLAIEAAIQDLRNKSQ

>SEQIDNO:142: GPGPG 링커에 의해 분리된 IE2 에피토프 (상기에서 강조됨)를 가진 대표적인 바이러스 전사 인자 IE2 LAMP 구축물 삽입물

RRGRVKIDEVSRMFRGPGPGGIQIIYTRNHEVKSEGPGPGLSTPFLMEHTMPVTHPPEVA

>SEQIDNO:143: PMGLP 링커에 의해 분리된 IE2 에피토프 (상기에서 강조됨)를 가진 대표적인 바이러스 전사 인자 IE2 LAMP 구축물 삽입물

RRGRVKIDEVSRMFRPMGLPGIQIIYTRNHEVKSEPMGLPLSTPFLMEHTMPVTHPPEVA

>SEQIDNO:144 NP_937983.2 텔로머라제 역전사효소 이소형 1 [호모 사피엔스]

MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSC
LKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHL
LARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSA
SRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHH
AGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLP
RLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHS
SPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAA
EHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQ
HREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLD
DIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFK
SHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSI
LSTLLCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDE
ALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLD
LQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGP
LPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD

>SEQIDNO:145: 본원에 기술된 개선된 및 완전한 LAMP 구축물 내로 삽입될 수 있는 텔로머라제 역전사효소 짧은 단편 1 168-1132 아미노산

YQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRRGAA
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDT
PCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLE
LLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRR
LVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHW
LMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRF
IPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRA
QDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQ
FVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMEN
KLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGL
FPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYK
ILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFL
LKLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD

>SEQIDNO:146: 본원에 기술된 개선된 및 완전한 LAMP 구축물 내로 삽입될 수 있는 텔로머라제 역전사효소 단편 2

MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSC
LKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDGPPLY

도면20f

QLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVG
QGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAET
KHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCP
YGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS
RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVEL
LRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRP
IVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYF
VKVAITGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETS
PLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKT
FLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDEALDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLR
LKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMS
LGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTIL
D

>SEQIDNO:147 서바이빈; 수탁 번호 NP_001125727의 아미노산 1-142; 바큘로바이러스 IAP 반복물-함유 단백질 5

MGAPTLPPAWQPFLKDHRISTFKNWPFLEGCACTPERMAEAGFIHCPTENEPDLAQCFFCFKELEGWEPDDDPIEE
HKKHSSGCAFLSVKKQFEELTLGEFLKLDRERAKNKIAKETNNKKKEFEETAKKVRRAIEQLAAMD

>SEQIDNO:148 1AF9_A 사슬 A, 테타누스 신경독소 C 단편

MKNLDCWVDNEEDIDVILKKSTILNLDINNDIISDISGFNSSVITYPDAQLVPGINGKAIHLVNNESSEVIVHKAM
DIEYNDMFNNFTVSFWLRVPKVSASHLEQYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGWSVSLKGNNLIWTLKDSAGEVRQIT
FRDLPDKFNAYLANKWVFITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITLKLDRCNNNNQYVSIDKFRI
FCKALNPKEIEKLYTSYLSITFLRDFWGNPLRYDTEYYLIPVASSSKDVQLKNITDYMYLTNAPSYTNGKLNIYYR
RLYNGLKFIIKRYTPNNEIDSFVKSGDFIKLYVSYNNNEHIVGYPKDGNAFNNLDRILRVGYNAPGIPLYKKMEAV
KLRDLKTYSVQLKLYDDKNASLGLVGTHNGQIGNDPNRDILIASNWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND

> 대표적인 테타누스 신경독소 C LAMP 구축물 삽입물: GPGPG 링커에 의해 분리된 테타누스 신경독소 C 에피토프 (상기에서 강조됨) (SEQ ID NO:149)

PGINGKAIHLVNNESSEGPGPGFNNFTVSFWLRVPKVSASHLEQYGTGPGPGYVSIDKFRIFCKALNPKEIEKLYT
SYLSGPGPGILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLK

> 대표적인 테타누스 신경독소 C LAMP 구축물 삽입물: PMGLP 링커에 의해 분리된 테타누스 신경독소 C 에피토프 (상기에서 강조됨)가 됨 (SEQ ID NO:150)

PGINGKAIHLVNNESSEPMGLPFNNFTVSFWLRVPKVSASHLEQYGTPMGLPYVSIDKFRIFCKALNPKEIEKLYT
SYLSPMGLPILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLK

>NP_001318.1 암/고환 항원 1 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO:151)

MQAEGRGTGGSTGDADGPGGPGIPDGPGGNAGGPGEAGATGGRGPRGAGAARASGPGGGAPRGPHGGAASGLNGCC
RCGARGPESRLLEFYLAMPFATPMEAELARRSLAQDAPPLPVPGVLLKEFTVSGNILTIRLTAADHRQLQLSISSC
LQQLSLLMWITQCFLPVFLAQPPSGQRR

NY-ESO-1 SEQ ID NO:151의 1-155 (SEQ ID NO: 167)

MQAEGRGTGGSTGDADGPGGPGIPDGPGGNAGGPGEAGATGGRGPRGAGAARASGPGGGAPRGPHGGAASGLNGCC
RCGARGPESRLLEFYLAMPFATPMEAELARRSLAQDAPPLPVPGVLLKEFTVSGNILTIRLTAADHRQLQLSISSC
LQQQRR

도면20g

NY-ESO-1 SEQ ID NO:151의 80-155 (SEQ ID NO: 168)

ARGPESRLLEFYLAMPFATPMEAELARRSLAQDAPPLPVPGVLLKEFTVSGNILTIRLTAADHRQLQLSISSCLQQ
QRR

>AAA75493.1 HER2 수용체 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO:152)

MELAALCRWGLLLALLPPGAASTQVCTGTDMKLRLPASPETHLDMLRHLYQGCQVVQGNLELTYLPTNASLSFLQD
IQEVQGYVLIAHNQVRQVPLQRLRIVRGTQLFEDNYALAVLDNGDPLNNTTPVTGASPGGLRELQLRSLTEILKGG
VLIQRNPQLCYQDTILWKDIFHKNNQLALTLIDTNRSRACHPCSPMCKGSRCWGESSEDCQSLTRTVCAGGCARCK
GPLPTDCCHEQCAAGCTGPKHSDCLACLHFNHSGICELHCPALVTYNTDTFESMPNPEGRYTFGASCVTACPYNYL
STDVGSCTLVCPLHNQEVTAEDGTQRCEKCSKPCARVCYGLGMEHLREVRAVTSANIQEFAGCKKIFGSLAFLPES
FDGDPASNTAPLQPEQLQVFETLEEITGYLYISAWPDSLPDLSVFQNLQVIRGRILHNGAYSLTLQGLGISWLGLR
SLRELGSGLALIHHNTHLCFVHTVPWDQLFRNPHQALLHTANRPEDECVGEGLACHQLCARGHCWGPGPTQCVNCS
QFLRGQECVEECRVLQGLPREYVNARHCLPCHPECQPQNGSVTCFGPEADQCVACAHYKDPPFCVARCPSGVKPDL
SYMPIWKFPDEEGACQPCPINCTHSCVDLDDKGCPAEQRASPLTSIVSAVVGILLVVVLGVVFGILIKRRQQKIRK
YTMRRLLQETELVEPLTPSGAMPNQAQMRILKETELRKVKVLGSGAFGTVYKGIWIPDGENVKIPVAIKVLRENTS
PKANKEILDEAYVMAGVGSPYVSRLLGICLTSTVQLVTQLMPYGCLLDHVRENRGRLGSQDLLNWCMQIAKGMSYL
EDVRLVHRDLAARNVLVKSPNHVKITDFGLARLLDIDETEYHADGGKVPIKWMALESILRRRFTHQSDVWSYGVTV
WELMTFGAKPYDGIPAREIPDLLEKGERLPQPPICTIDVYMIMVKCWMIDSECRPRFRELVSEFSRMARDPQRFVV
IQNEDLGPASPLDSTFYRSLLEDDDMGDLVDAEEYLVPQQGFFCPDPAPGAGGMVHHRHRSSSTRSGGGDLTLGLE
PSEEEAPRSPLAPSEGAGSDVFDGDLGMGAAKGLQSLPTHDPSPLQRYSEDPTVPLPSETDGYVAPLTCSPQPEYV
NQPDVRPQPPSPREGPLPAARPAGATLERAKTLSPGKNGVVKDVFAFGGAVENPEYLTPQGGAAPQPHPPPAFSPA
FDNLYYWDQDPPERGAPPSTFKGTPTAENPEYLGLDVPV

SEQ ID NO:152의 아미노산 23-652 및 690-1255를 포함하는 대표적인 HER2 구축물 (SEQ ID NO:153)

TQVCTGTDMKLRLPASPETHLDMLRHLYQGCQVVQGNLELTYLPTNASLSFLQDIQEVQGYVLIAHNQVRQVPLQR
LRIVRGTQLFEDNYALAVLDNGDPLNNTTPVTGASPGGLRELQLRSLTEILKGGVLIQRNPQLCYQDTILWKDIFH
KNNQLALTLIDTNRSRACHPCSPMCKGSRCWGESSEDCQSLTRTVCAGGCARCKGPLPTDCCHEQCAAGCTGPKHS
DCLACLHFNHSGICELHCPALVTYNTDTFESMPNPEGRYTFGASCVTACPYNYLSTDVGSCTLVCPLHNQEVTAED
GTQRCEKCSKPCARVCYGLGMEHLREVRAVTSANIQEFAGCKKIFGSLAFLPESFDGDPASNTAPLQPEQLQVFET
LEEITGYLYISAWPDSLPDLSVFQNLQVIRGRILHNGAYSLTLQGLGISWLGLRSLRELGSGLALIHHNTHLCFVH
TVPWDQLFRNPHQALLHTANRPEDECVGEGLACHQLCARGHCWGPGPTQCVNCSQFLRGQECVEECRVLQGLPREY
VNARHCLPCHPECQPQNGSVTCFGPEADQCVACAHYKDPPFCVARCPSGVKPDLSYMPIWKFPDEEGACQPCPINC
THSCVDLDDKGCPAEQRASPLTLLQETELVEPLTPSGAMPNQAQMRILKETELRKVKVLGSGAFGTVYKGIWIPDG
ENVKIPVAIAVLRENTSPKANKEILDEAYVMAGVGSPYVSRLLGICLTSTVQLVTQLMPYGCLLDHVRENRGRLGS
QDLLNWCMQIAKGMSYLEDVRLVHRDLAARNVLVKSPNHVKITDFGLARLLDIDETEYHADGGKVPIKWMALESIL
RRRFTHQSDVWSYGVTVWELMTFGAKPYDGIPAREIPDLLEKGERLPQPPICTIDVYMIMVKCWMIDSECRPRFRE
LVSEFSRMARDPQRFVVIQNEDLGPASPLDSTFYRSLLEDDDMGDLVDAEEYLVPQQGFFCPDPAPGAGGMVHHRH
RSSSTRSGGGDLTLGLEPSEEEAPRSPLAPSEGAGSDVFDGDLGMGAAKGLQSLPTHDPSPLQRYSEDPTVPLPSE
TDGYVAPLTCSPQPEYVNQPDVRPQPPSPREGPLPAARPAGATLERAKTLSPGKNGVVKDVFAFGGAVENPEYLTP
QGGAAPQPHPPPAFSPAFDNLYYWDQDPPERGAPPSTFKGTPTAENPEYLGLDVPV

SEQ ID NO:152의 아미노산 23-632를 포함하는 제2의 대표적인 HER2 구축물 (SEQ ID NO:154).

TQVCTGTDMKLRLPASPETHLDMLRHLYQGCQVVQGNLELTYLPTNASLSFLQDIQEVQGYVLIAHNQVRQVPLQR
LRIVRGTQLFEDNYALAVLDNGDPLNNTTPVTGASPGGLRELQLRSLTEILKGGVLIQRNPQLCYQDTILWKDIFH

도면20h

KNNQLALTLIDTNRSRACHPCSPMCKGSRCWGESSEDCQSLTRTVCAGGCARCKGPLPTDCCHEQCAAGCTGPKHS
DCLACLHFNHSGICELHCPALVTYNTDTFESMPNPEGRYTFGASCVTACPYNYLSTDVGSCTLVCPLHNQEVTAED
GTQRCEKCSKPCARVCYGLGMEHLREVRAVTSANIQEFAGCKKIFGSLAFLPESFDGDPASNTAPLQPEQLQVFET
LEEITGYLYISAWPDSLPDLSVFQNLQVIRGRILHNGAYSLTLQGLGISWLGLRSLRELGSGLALIHHNTHLCFVH
TVPWDQLFRNPHQALLHTANRPEDECVGEGLACHQLCARGHCWGPGPTQCVNCSQFLRGQECVEECRVLQGLPREY
VNARHCLPCHPECQPQNGSVTCFGPEADQCVACAHYKDPPFCVARCPSGVKPDLSYMPIWKFPDEEGACQPCPINC
TH

>NP_001973.2 수용체 티로신-단백질 키나제 erbB-3 이소형 1 전구체
[호모 사피엔스] (SEQ ID NO:155)
MRANDALQVLGLLFSLARGSEVGNSQAVCPGTLNGLSVTGDAENQYQTLYKLYERCEVVMGNLEIVLTGHNADLSF
LQWIREVTGYVLVAMNEFSTLPLPNLRVVRGTQVYDGKFAIFVMLNYNTNSSHALRQLRLTQLTEILSGGVYIEKN
DKLCHMDTIDWRDIVRDRDAEIVVKDNGRSCPPCHEVCKGRCWGPGSEDCQTLTKTICAPQCNGHCFGPNPNQCCH
DECAGGCSGPQDTDCFACRHFNDSGACVPRCPQPLVYNKLTFQLEPNPHTKYQYGGVCVASCPHNFVVDQTSCVRA
CPPDKMEVDKNGLKMCEPCGGLCPKACEGTGSGSRFQTVDSSNIDGFVNCTKILGNLDFLITGLNGDPWHKIPALD
PEKLNVFRTVREITGYLNIQSWPPHMHNFSVFSNLTTIGGRSLYNRGFSLLIMKNLNVTSLGFRSLKEISAGRIYI
SANRQLCYHHSLNWTKVLRGPTEERLDIKHNRPRRDCVAEGKVCDPLCSSGGCWGPGPGQCLSCRNYSRGGVCVTH
CNFLNGEPREFAHEAECFSCHPECQPMEGTATCNGSGSDTCAQCAHFRDGPHCVSSCPHGVLGAKGPIYKYPDVQN
ECRPCHENCTQGCKGPELQDCLGQTLVLIGKTHLTMALTVIAGLVVIFMMLGGTFLYWRGRRIQNKRAMRRYLERG
ESIEPLDPSEKANKVLARIFKETELRKLKVLGSGVFGTVHKGVWIPEGESIKIPVCIKVIEDKSGRQSFQAVTDHM
LAIGSLDHAHIVRLLGLCPGSSLQLVTQYLPLGSLLDHVRQHRGALGPQLLLNWGVQIAKGMYYLEEHGMVHRNLA
ARNVLLKSPSQVQVADFGVADLLPPDDKQLLYSEAKTPIKWMALESIHFGKYTHQSDVWSYGVTVWELMTFGAEPY
AGLRLAEVPDLLEKGERLAQPQICTIDVYMVMVKCWMIDENIRPTFKELANEFTRMARDPPRYLVIKRESGPGIAP
GPEPHGLTNKKLEEVELEPELDLDLDLEAEEDNLATTTLGSALSLPVGTLNRPRGSQSLLSPSSGYMPMNQGNLGE
SCQESAVSGSSERCPRPVSLHPMPRGCLASESSEGHVTGSEAELQEKVSMCRSRSRSRSPRPRGDSAYHSQRHSLL
TPVTPLSPPGLEEEDVNGYVMPDTHLKGTPSSREGTLSSVGLSSVLGTEEEDEDEEYEYMNRRRRHSPPHPPRPSS
LEELGYEYMDVGSDLSASLGSTQSCPLHPVPIMPTAGTTPDEDYEYMNRQRDGGGPGGDYAAMGACPASEQGYEEM
RAFQGPGHQAPHVHYARLKTLRSLEATDSAFDNPDYWHSRLFPKANAQRT

SEQ ID NO:155의 아미노산 20-643, 665-1201, 및 1209-1342를 포함하는 대표적인
HER3 구축물 (SEQ ID NO:156)
SEVGNSQAVCPGTLNGLSVTGDAENQYQTLYKLYERCEVVMGNLEIVLTGHNADLSFLQWIREVTGYVLVAMNEFS
TLPLPNLRVVRGTQVYDGKFAIFVMLNYNTNSSHALRQLRLTQLTEILSGGVYIEKNDKLCHMDTIDWRDIVRDRD
AEIVVKDNGRSCPPCHEVCKGRCWGPGSEDCQTLTKTICAPQCNGHCFGPNPNQCCHDECAGGCSGPQDTDCFACR
HFNDSGACVPRCPQPLVYNKLTFQLEPNPHTKYQYGGVCVASCPHNFVVDQTSCVRACPPDKMEVDKNGLKMCEPC
GGLCPKACEGTGSGSRFQTVDSSNIDGFVNCTKILGNLDFLITGLNGDPWHKIPALDPEKLNVFRTVREITGYLNI
QSWPPHMHNFSVFSNLTTIGGRSLYNRGFSLLIMKNLNVTSLGFRSLKEISAGRIYISANRQLCYHHSLNWTKVLR
GPTEERLDIKHNRPRRDCVAEGKVCDPLCSSGGCWGPGPGQCLSCRNYSRGGVCVTHCNFLNGEPREFAHEAECFS
CHPECQPMEGTATCNGSGSDTCAQCAHFRDGPHCVSSCPHGVLGAKGPIYKYPDVQNECRPCHENCTQGCKGPELQ
DCLGQTLVLIGKTHLTYWRGRRIQNKRAMRRYLERGESIEPLDPSEKANKVLARIFKETELRKLKVLGSGVFGTVH
KGVWIPEGESIKIPVCIKVIEDKSGRQSFQAVTDHMLAIGSLDHAHIVRLLGLCPGSSLQLVTQYLPLGSLLDHVR
QHRGALGPQLLLNWGVQIAKGMYYLEEHGMVHRNLAARNVLLKSPSQVQVADFGVADLLPPDDKQLLESEAKTPIK
WMALESIHFGKYTHQSDVWSYGVTVWELMTFGAEPYAGLRLAEVPDLLEKGERLAQPQICTIDVYMVMVKCWMIDE
NIRPTFKELANEFTRMARDPPRYLVIKRESGPGIAPGPEPHGLTNKKLEEVELEPELDLDLDLEAEEDNLATTTLG
SALSLPVGTLNRPRGSQSLLSPSSGYMPMNQGNLGESCQESAVSGSSERCPRPVSLHPMPRGCLASESSEGHVTGS
EAELQEKVSMCRSRSRSRSPRPRGDSAYHSQRHSLLTPVTPLSPPGLEEEDVNGYVMPDTHLKGTPSSREGTLSSV
GLSSVLGTEEEDEDEEYEYMNPHPPRPSSLEELGYEYMDVGSDLSASLGSTQSCPLHPVPIMPTAGTTPDEDYEYM
NRQRDGGGPGGDYAAMGACPASEQGYEEMRAFQGPGHQAPHVHYARLKTLRSLEATDSAFDNPDYWHSRLFPKANA
QRT

도면20i

SEQ ID NO:155의 아미노산 20-643을 포함하는 HER3의 제2의 대표적인 구축물 (SEQ ID NO:157)

SEVGNSQAVCPGTLNGLSVTGDAENQYQTLYKLYERCEVVMGNLEIVLTGHNADLSFLQWIREVTGYVLVAMNEFS
TLPLPNLRVVRGTQVYDGKFAIFVMLNYNTNSSHALRQLRLTQLTEILSGGVYIEKNDKLCHMDTIDWRDIVRDRD
AEIVVKDNGRSCPPCHEVCKGRCWGPGSEDCQTLTKTICAPQCNGHCFGPNPNQCCHDECAGGCSGPQDTDCFACR
HFNDSGACVPRCPQPLVYNKLTFQLEPNPHTKYQYGGVCVASCPHNFVVDQTSCVRACPPDKMEVDKNGLKMCEPC
GGLCPKACEGTGSGSRFQTVDSSNIDGFVNCTKILGNLDFLITGLNGDPWHKIPALDPEKLNVFRTVREITGYLNI
QSWPPHMHNFSVFSNLTTIGGRSLYNRGFSLLIMKNLNVTSLGFRSLKEISAGRIYISANRQLCYHHSLNWTKVLR
GPTEERLDIKHNRPRRDCVAEGKVCDPLCSSGGCWGPGPGQCLSCRNYSRGGVCVTHCNFLNGEPREFAHEAECFS
CHPECQPMEGTATCNGSGSDTCAQCAHFRDGPHCVSSCPHGVLGAKGPIYKYPDVQNECRPCHENCTQGCKGPELQ
DCLGQTLVLIGKTHLT

>NP_003811.2 종양 괴사 인자 수용체 수퍼패밀리 구성원 14 이소형 1 전구체 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO:158)

MEPPGDWGPPPWRSTPKTDVLRLVLYLTFLGAPCYAPALPSCKEDEYPVGSECCPKCSPGYRVKEACGELTGTVCE
PCPPGTYIAHLNGLSKCLQCQMCDPAMGLRASRNCSRTENAVCGCSPGHFCIVQDGDHCAACRAYATSSPGQRVQK
GGTESQDTLCQNCPPGTFSPNGTLEECQHQTKCSWLVTKAGAGTSSSHWVWWFLSGSLVIVIVCSTVGLIICVKRR
KPRGDVVKVIVSVQRKRQEAEGEATVIEALQAPPDVTTVAVEETIPSFTGRSPNH

SEQ ID NO:158의 아미노산 39-202를 포함하는 대표적인 HVEM 구축물 (SEQ ID NO:159)

LPSCKEDEYPVGSECCPKCSPGYRVKEACGELTGTVCEPCPPGTYIAHLNGLSKCLQCQMCDPAMGLRASRNCSRT
ENAVCGCSPGHFCIVQDGDHCAACRAYATSSPGQRVQKGGTESQDTLCQNCPPGTFSPNGTLEECQHQTKCSWLVT
KAGAGTSSSHWV

HPV 구축물

GPGPG 링커에 의해 분리된 대표적인 HPV 16 E6-E7 구축물 (SEQ ID NO:164)

MHQKRTAMFQDPQESGRKLPQLCTELQTTIHDIILECVYCKQQLLRREVYDRDLCIVYRDGNPYAVCDKCLKFYSK
ISEYRHYCYSLYGTTLEQQYNKPLCDLLIRCINCQKPLQRHLDKKQRFHNIRGRWTGRCMSCCRSSRTRRETQL**GP**
GPG*MHGDTPTLHEYMLDLQPETTDLYGYGQLNDSSEEEDEIDGPAGQAEPDRAHYNIVTFCCKCDSTLRLCVQSTH*
VDIRTLEDLLMGTLGIVCPICSQKP

GPGPG 링커에 의해 분리된 대표적인 HPV 18 E6-E7 구축물 (SEQ ID NO:165)

MARFEDPTRSGYKLPDLCTELNTSLQDIEITCVYCKTVLELTEVFEKDLFVVYRDSIPHAACHKCIDFYSRIRELR
HYSDSVYGDTLEKLTNTGLYNLLIRCLRCQKPLLRHLNEKRRFHNIAGHYRGQCHSCCNRARQERLQRRRETQV**GP**
GPG*MHGPKATLQDIVLHLEPQNEIPVDLLGHGQLSDSEEENDEIDGVNHQHLPARRAEPQRHTMLCMCCKCEARIE*
LVVESSADDLRAFQQLFLNTLSFVCPWCASQQ

대표적인 HPV 16 E6 - 링커 - HPV 18 E6 - 링커 - HPV 16 E7 - 링커 - HPV 18 E7 구축물 (SEQ ID NO:166)

MHQKRTAMFQDPQESGRKLPQLCTELQTTIHDIILECVYCKQQLLRREVYDRDLCIVYRDGNPYAVCDKCLKFYSK
ISEYRHYCYSLYGTTLEQQYNKPLCDLLIRCINCQKPLQRHLDKKQRFHNIRGRWTGRCMSCCRSSRTRRETQL***GP***
GPGMARFEDPTRSGYKLPDLCTELNTSLQDIEITCVYCKTVLELTEVFEKDLFVVYRDSIPHAACHKCIDFYSRIR
ELRHYSDSVYGDTLEKLTNTGLYNLLIRCLRCQKPLLRHLNEKRRFHNIAGHYRGQCHSCCNRARQERLQRRRETQ
V***GPGPG***MHGDTPTLHEYMLDLQPETTDLYGYGQLNDSSEEEDEIDGPAGQAEPDRAHYNIVTFCCKCDSTLRLCVQ

도면20j

STHVDIRTLEDLLMGTLGIVCPICSQKP***GPGPG***MHGPKATLQDIVLHLEPQNEIPVDLLGHGQLSDSEEENDEIDG
VNHQHLPARRAEPQRHTMLCMCCKCEARIELVVESSADDLRAFQQLFLNTLSFVCPWCASQQ

상기 구축물을 생성시키는데 사용된 서열

HPV 16 E6 (SEQ ID NO:160) 제16형 인간 유두종바이러스
MHQKRTAMFQDPQESGRKLPQLCTELQTTIHDIILECVYCKQQLLRREVYDRDLCIVYRDGNPYAVCDKCLKFYSK
ISEYRHYCYSLYGTTLEQQYNKPLCDLLIRCINCQKPLQRHLDKKQRFHNIRGRWTGRCMSCCRSSRTRRETQL

HPV 18 E6 (SEQ ID NO: 161) 제18형 인간 유두종바이러스
MARFEDPTRSGYKLPDLCTELNTSLQDIEITCVYCKTVLELTEVFEKDLFVVYRDSIPHAACHKCIDFYSRIRELR
HYSDSVYGDTLEKLTNTGLYNLLIRCLRCQKPLLRHLNEKRRFHNIAGHYRGQCHSCCNRARQERLQRRRETQV

HPV 16 E7 (SEQ ID NO: 162) 제16형 인간 유두종바이러스
MHGDTPTLHEYMLDLQPETTDLYGYGQLNDSSEEEDEIDGPAGQAEPDRAHYNIVTFCCKCDSTLRLCVQSTHVDI
RTLEDLLMGTLGIVCPICSQKP

HPV 18 E7 (SEQ ID NO:163) 제18형 인간 유두종바이러스
MHGPKATLQDIVLHLEPQNEIPVDLLGHGQLSDSEEENDEIDGVNHQHLPARRAEPQRHTMLCMCCKCEARIELVV
ESSADDLRAFQQLFLNTLSFVCPWCASQQ

EBV 항원

EBV EBNA1 전장 핵 항원 EBNA-1 [인간 감마헤르페스바이러스 4] (SEQ
ID NO: 169)
MSDEGPGTGPGNGLGEKGDTSGPEGSGGSGPQRRGGDNHGRGRGRGRGGGRPGAPGGSGSGPRHRDGVRRPQKR
PSCIGCKGTHGGTGAGAGAGGAGAGGAGAGGGAGAGGGAGGAGGAGGAGAGGGAGGAGGAGAGGGAGAGGGAG
GAGGAGAGGGAGGAGGAGAGGGAGAGGGAGGAGAGGGAGGAGGAGAGGAGGAGAGGGAGGAGGAGAGGGAGAG
GAGAGGAGAGGAGAGGAGAGGAGGAGAGGAGGAGAGGAGGAGAGGGAGGAGGAGAGGAGGAGAGGAGGAGAG
AGGAGGAGAGGGAGAGGAGAGGGGGRGRGGSGGRGRGGSGGRGRGGSGGRRGRGRERARGGSRERARGRGRGRGEKR
PRSPSSQSSSSGSPPRRPPPGRRPFFHPVGEADYFEYHQEGGPDGEPDVPPGAIEQGPADDPGEGPSTGPRGQGDG
GRRKKGGWFGKHRGQGGSNPKFENIAEGLRALLARSHVERTTDEGTWVAGVFVYGGSKTSLYNLRRGTALAIPQCR
LTPLSRLPFGMAPGPGPQPGPLRESIVCYFMVFLQTHIFAEVLKDAIKDLVMTKPAPTCNIRVTVCSFDDGVDLPP
WFPPMVEGAAAEGDDGDDGDEGGDGDEGEEGQE

EBV EBNA1 말단절단물 핵 항원 EBNA-1 [인간 감마헤르페스바이러스 4] (SEQ
ID NO: 170)
MSDEGPGTGPGNGLGEKGDTSGPEGSGGSGPQRRGGDNHGRGRGRGRGGGRPGAPGGSGSGPRHRDGVRRPQKR
PSCIGCKGTHRGRGGSGGRGRGGSGGRRGRGRERARGGSRERARGRGRGRGEKRPRSPSSQSSSSGSPPRRPPPGR
RPFFHPVGEADYFEYHQEGGPDGEPDVPPGAIEQGPADDPGEGPSTGPRGQGDGGRRKKGGWFGKHRGQGGSNPKF
ENIAEGLRALLARSHVERTTDEGTWVAGVFVYGGSKTSLYNLRRGTALAIPQCRLTPLSRLPFGMAPGPGPQPGPL
RESIVCYFMVFLQTHIFAEVLKDAIKDLVMTKPAPTCNIRVTVCSFDDGVDLPPWFPPMVEGAAAEGDDGDDGDEG
GDGDEGEEGQE

EBV gp350 ECD 당단백질 350 [인간 감마헤르페스바이러스 4] (SEQ ID NO: 171)
MEAALLVCQYTIQSLIHLTGEDPGFFNVEIPEFPFYPTCNVCTADVNVTINFDVGGKKHQLDLDFGQLTPHTKAVY
QPRGAFGGSENATNLFLLELLGAGELALTMRSKKLPINVTTGEEQQVSLESVDVYFQDVFGTMWCHHAEMQNPVYL
IPETVPYIKWDNCNSTNITAVVRAQGLDVTLPLSLPTSAQDSNFSVKTEMLGNEIDIECIMEDGEISQVLPGDNKF

도면20k

NITCSGYESHVPSGGILTSTSPVATPIPGTGYAYSLRLTPRPVSRFLGNNSILYVFYSGNGPKASGGDYCIQSNIV
FSDEIPASQDMPTNTTDITYVGDNATYSVPMVTSEDANSPNVTVTAFWAWPNNTETDFKCKWTLTSGTPSGCENIS
GAFASNRTFDITVSGLGTAPKTLIITRTATNATTTTHKVIFSKAPESTTTSPTLNTTGFADPNTTTGLPSSTHVPT
NLTAPASTGPTVSTADVTSPTPAGTTSGASPVTPSPSPWDNGTESKAPDMTSSTSPVTTPTPNATSPTPAVTTPTP
NATSPTPAVTTPTPNATSPTLGKTSPTSAVTTPTPNATSPTLGKTSPTSAVTTPTPNATSPTLGKTSPTSAVTTPT
PNATGPTVGETSPQANATNHTLGGTSPTPVVTSQPKNATSAVTTGQHNITSSSTSSMSLRPSSNPETLSPSTSDNS
TSHMPLLTSAHPTGGENITQVTPASISTHHVSTSSPAPRPGTTSQASGPGNSSTSTKPGEVNVTKGTPPQNATSPQ
APSGQKTAVPTVTSTGGKANSTTGGKHTTGHGARTSTEPTTDYGGDSTTPRPRYNATTYLPPSTSSKLRPRWTFTS
PPVTTAQATVPVPPTSQPRFSNLS

EBV LMP2 막 단백질 LMP-2A [인간 감마헤르페스바이러스 4] (SEQ ID NO: 172)
MGSLEMVPMGAGPPSPGGDPDGYDGGNNSQYPSASGSSGNTPTPPNDEERESNEEPPPPYEDPYWGNGDRHSDYQP
LGTQDQSLYLGLQHDGNDGLPPPPYSPRDDSSQHIYEEAGRGSMNPVCLPVIVAPYLFWLAAIAASCFTASVSTVV
TATGLALSLLLLAAVASSYAAAQRKLLTPVTVLTAVVTFFAICLTWRIEDPPFNSLLFALLAAAGGLQGIYVLVML
VLLILAYRRRWRRLTVCGGIMFLACVLVLIVDAVLQLSPLLGAVTVVSMTLLLLAFVLWLSSPGGLGTLGAALLTL
AAALALLASLILGTLNLTTMFLLMLLWTLVVLLICSSCSSCPLSKILLARLFLYALALLLLASALIAGGSILQTNF
KSLSSTEFIPNLFCMLLLIVAGILFILAILTEWGSGNRTYGPVFMCLGGLLTMVAGAVWLTVMSNTLLSAWILTAG
FLIFLIGFALFGVIRCCRYCCYYCLTLESEERPPTPYRNTV

GCP3 글리피칸-3 이소형 2 전구체 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 173)
AQPPPPPPDATCHQVRSFFQRLQPGLKWVPETPVPGSDLQVCLPKGPTCCSRKMEEKYQLTARLNMEQLLQSASME
LKFLIIQNAAVFQEAFEIVVRHAKNYTNAMFKNNYPSLTPQAFEFVGEFFTDVSLYILGSDINVDDMVNELFDSLF
PVIYTQLMNPGLPDSALDINECLRGARRDLKVFGNFPKLIMTQVSKSLQVTRIFLQALNLGIEVINTTDHLKFSKD
CGRMLTRMWYCSYCQGLMMVKPCGGYCNVVMQGCMAGVVEIDKYWREYILSLEELVNGMYRIYDMENVLLGLFSTI
HDSIQYVQKNAGKLTTTIGKLCAHSQQRQYRSAYYPEDLFIDKKVLKVAHVEHEETLSSRRRELIQKLKSFISFYS
ALPGYICSHSPVAENDTLCWNGQELVERYSQKAARNGMKNQFNLHELKMKGPEPVVSQIIDKLKHINQLLRTMSMP
KGRVLDKNLDEEGFESGDCGDDEDECIGGSGDGMIKVKNQLRFLAELAYDLDVDDAPGNSQQATPKDNEISTFHNL
GNVHSPLK

중간 S 단백질 (HBV) 중간 외피 단백질 [B형 간염 바이러스] (SEQ ID
NO: 174)
MQWNSTTFHQTLQDPRVRGLYFPAGGSSSGTVNPVLTTASPLSSIFSRIGDPALNMENITSGTIPQSLDSWWTSLN
FLGGTTVCLGQNSQSPTSNHSPTSCPPTCPGYRWMCLRRDYQGMLPVCPLIPGSSTTSTGPCRTCMTTAQGTSMYP
SCCCTKPSDGNCTCIPIPSSWAFGKFLWEWASARYWGPSX

X 단백질 (HBV) X 단백질 [B형 간염 바이러스] (SEQ ID NO: 175)
MAARLCCQLDPARDVLCLRPVGAESRGRPLSGPLGALPSPSPSAVPADHGAHLSLRGLPVCAFSSAGPCALRFTSA
RRMETTVNAHQILPKVLHKRTFGLSAMSTTDLEAYFKDCVFKDW

TIGIT 부분적 가설 단백질 [호모 사피엔스] 부분적 TIGIT 이소형 6 [폰고
아벨리이]에 대한 99% 상동성 (SEQ ID NO: 176)
MMTGTIETTGNISAEKGGSIILQCHLSSTTAQVTQVNWEQQDQLLAICNADLGWHISPSFKDRVAPGPGLGLTLQS
LTVNDTGEYFCIYHTYPDGTYTGRIFLEVLESSVAEHGARFQIP

TEM8 탄저병 독소 수용체 1 이소형 1 전구체 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO:
177)
EDGGPACYGGFDLYFILDKSGSVLHHWNEIYYFVEQLAHKFISPQLRMSFIVFSTRGTTLMKLTEDREQIRQGLEE
LQKVLPGGDTYMHEGFERASEQIYYENRQGYRTASVIIALTDGELHEDLFFYSEREANRSRDLGAIVYCVGVKDFN
ETQLARIADSKDHVFPVNDGFQALQGIIHSILKKSCIEILAAEPSTICAGESFQVVVRGNGFRHARNVDRVLCSFK
INDSVTLNEKPFSVEDTYLLCPAPILKEVGMKAALQVSMNDGLSFISSSVIITTTHCSDGS

도면201

TEM1 엔도시알린 전구체 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 178)
QDPWAAEPRAACGPSSCYALFPRRRTFLEAWRACRELGGDLATPRTPEEAQRVDSLVGAGPASRLLWIGLQRQARQ
CQLQRPLRGFTWTTGDQDTAFTNWAQPASGGPCPAQRCVALEASGEHRWLEGSCTLAVDGYLCQFGFEGACPALQD
EAGQAGPAVYTTPFHLVSTEFEWLPFGSVAAVQCQAGRGASLLCVKQPEGGVGWSRAGPLCLGTGCSPDNGGCEHE
CVEEVDGHVSCRCTEGFRLAADGRSCEDPCAQAPCEQQCEPGGPQGYSCHCRLGFRPAEDDPHRCVDTDECQIAGV
CQQMCVNYVGGFECYCSEGHELEADGISCSPAGAMGAQASQDLGDELLDDGEDEEDEDEAWKAFNGGWTEMPGILW
MEPTQPPDFALAYRPSFPEDREPQIPYPEPTWPPPLSAPRVPYHSSVLSVTRPVVVSATHPTLPSAHQPPVIPATH
PALSRDHQIPVIAANYPDLPSAYQPGILSVSHSAQPPAHQPPMISTKYPELFPAHQSPMFPDTRVAGTQTTTHLPG
IPPNHAPLVTTLGAQLPPQAPDALVLRTQATQLPIIPTAQPSLTTTSRSPVSPAHQISVPAATQPAALPTLLPSQS
PTNQTSPISPTHPHSKAPQIPREDGPSPKLALWLPSPAPTAAPTALGEAGLAEHSQRDDRWLYCTRCGPHAPNKRI
TDCYRWVIHAGSKSPTEPMPPRGSLTGVQTCRTSV

HER2 ECD+TM v-erb-b2 적혈모구 백혈병 바이러스 종양유전자 호모로그 2,
부분적인 신경모세포종/교모세포종 유래 종양유전자 호모로그 [합성 구축물]
(SEQ ID NO: 179)
TQVCTGTDMKLRLPASPETHLDMLRHLYQGCQVVQGNLELTYLPTNASLSFLQDIQEVQGYVLIAHNQVRQVPLQR
LRIVRGTQLFEDNYALAVLDNGDPLNNTTPVTGASPGGLRELQLRSLTEILKGGVLIQRNPQLCYQDTILWKDIFH
KNNQLALTLIDTNRSRACHPCSPMCKGSRCWGESSEDCQSLTRTVCAGGCARCKGPLPTDCCHEQCAAGCTGPKHS
DCLACLHFNHSGICELHCPALVTYNTDTFESMPNPEGRYTFGASCVTACPYNYLSTDVGSCTLVCPLHNQEVTAED
GTQRCEKCSKPCARVCYGLGMEHLREVRAVTSANIQEFAGCKKIFGSLAFLPESFDGDPASNTAPLQPEQLQVFET
LEEITGYLYISAWPDSLPDLSVFQNLQVIRGRILHNGAYSLTLQGLGISWLGLRSLRELGSGLALIHHNTHLCFVH
TVPWDQLFRNPHQALLHTANRPEDECVGEGLACHQLCARGHCWGPGPTQCVNCSQFLRGQECVEECRVLQGLPREY
VNARHCLPCHPECQPQNGSVTCFGPEADQCVACAHYKDPPFCVARCPSGVKPDLSYMPIWKFPDEEGACQPCPINC
THSCVDLDDKGCPAEQRASPLTSIVSAVVGILLVVVLGVVFGILI

CEA 암배아 항원-관련 세포 부착 분자 5 이소형 1 프리프로프로테인
[호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 180)
KLTIESTPFNVAEGKEVLLLVHNLPQHLFGYSWYKGERVDGNRQIIGYVIGTQQATPGPAYSGREIIYPNASLLIQ
NIIQNDTGFYTLHVIKSDLVNEEATGQFRVYPELPKPSISSNNSKPVEDKDAVAFTCEPETQDATYLWWVNNQSLP
VSPRLQLSNGNRTLTLFNVTRNDTASYKCETQNPVSARRSDSVILNVLYGPDAPTISPLNTSYRSGENLNLSCHAA
SNPPAQYSWFVNGTFQQSTQELFIPNITVNNSGSYTCQAHNSDTGLNRTTVTTITVYAEPPKPFITSNNSNPVEDE
DAVALTCEPEIQNTTYLWWVNNQSLPVSPRLQLSNDNRTLTLLSVTRNDVGPYECGIQNKLSVDHSDPVILNVLYG
PDDPTISPSYTYYRPGVNLSLSCHAASNPPAQYSWLIDGNIQQHTQELFISNITEKNSGLYTCQANNSASGHSRTT
VKTITVSAELPKPSISSNNSKPVEDKDAVAFTCEPEAQNTTYLWWVNGQSLPVSPRLQLSNGNRTLTLFNVTRNDA
RAYVCGIQNSVSANRSDPVTLDVLYGPDTPIISPPDSSYLSGANLNLSCHSASNPSPQYSWRINGIPQQHTQVLFI
AKITPNNNGTYACFVSNLATGRNNSIVKSITVSASGTSPGLSA

TARP TCR 감마 교대 판독 프레임 단백질 이소형 2 [호모 사피엔스] (SEQ
ID NO: 181)
MKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNTSA

프로스테인 용질 운반체 패밀리 45 구성원 3 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 182)
MVQRLWVSRLLRHRKAQLPPLLLEVGVEEKSASDHWRGRYGRRRPLAGLLCPDPRPTPLEALLSDLFRDPDHCRQA
DWDTSALAPYLGTQEECEEAALGPTEPAEGLSAPSLSPHCCPCRARLAFRNLGALLPRLHQLCCRMPRTLRRLVGE
GLYQGVPRAEPGTEARRHYDEGVRRLVQRFGTRASVAVVTASYHREKQVFLPKYRGDTGGASSEDSLMTSFLPGPK
PGAPFPNGHVGAGGSGLLPPPPALCGASACDVSVRVVVGEPTEARVVPGRGICLDLAILDSAFLLSQVAPSLFMGS
IVQLSQSVTFDKSDLAKYSA

PSMA 전립선-특이적 막 항원 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 183)

도면20m

MWNLLHETDSAVATARRPRWLCKSSNEATNITPKHNMKAFLDELKAENIKKFLYNFTQIPHLAGTEQNFQLAKQIQ
SQWKEFGLDSVELAHYDVLLSYPNKTHPNYISIINEDGNEIFNTSLFEPPPPGYENVSDIVPPFSAFSPQGMPEGD
LVYVNYARTEDFFKLERDMKINCSGKIVIARYGKVFRGNKVKNAQLAGAKGVILYSDPADYFAPGVKSYPDGWNLP
GGGVQRGNILNLNGAGDPLTPGYPANEYAYRRGIAEAVGLPSIPVHPIGYYDAQKLLEKMGGSAPPDSSWRGSLKV
PYNVGPGFTGNFSTQKVKMHIHSTNEVTRIYNVIGTLRGAVEPDRYVILGGHRDSWVFGGIDPQSGAAVVHEIVRS
FGTLKKEGWRPRRTILFASWDAEEFGLLGSTEWAEENSRLLQERGVAYINADSSIEGNYTLRVDCTPLMYSLVHNL
TKELKSPDEGFEGKSLYESWTKKSPSPEFSGMPRISKLGSGNDFEVFFQRLGIASGRARYTKNWETNKFSGYPLYH
SVYETYELVEKFYDPMFKYHLTVAQVRGGMVFELANSIVLPFDCRDYAVVLRKYADKIYSISMKHPQEMKTYSVSF
DSLFSAVKNFTEIASKFSERLQDFDKSNPIVLRMMNDQLMFLERAFIDPLGLPDRPFYRHVIYAPSSHNKYAGESF
PGIYDALFDIESKVDPSKAWGEVKRQIYVAAFTVQAAAETLSEVA

BIRC4 서바이빈-베타 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 184)
MGAPTLPPAWQPFLKDHRISTFKNWPFLEGCACTPERMAEAGFIHCPTENEPDLAQCFFCFKELEGWEPDDDPIGP
GTVAYACNTSTLGGRGGRITREEHKKHSSGCAFLSVKKQFEELTLGEFLKLDRERAKNKIAKETNNKKKEFEETAK
KVRRAIEQLAAMD

뮤신-1 뮤신 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 185)
TGSGHASSTPGGEKETSATQRSSVPSSTEKNAVSMTSSVLSSHSPGSGSSTTQGQDVTLAPATEPASGSAATWGQD
VTSVPVTRPALGSTTPPAHDVTSAPDNKPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAP
PAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPG
STAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTR
PAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSA
PDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHG
VTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAP
PAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPG
STAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTR
PAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSA
PDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHG
VTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAPPAHGVTSAPDTRPAPGSTAP
PAHGVTSAPDNRPALGSTAPPVHNVTSASGSASGSASTLVHNGTSARATTTPASKSTPFSIPSHHSDTPTTLASHS
TKTDASSTHHSSVPPLTSSNHSTSPQLSTGVSFFFLSFHISNLQFNSSLEDPSTDYYQELQRDISEMFLQIYKQGG
FLGLSNIKFRPGSVVVQLTLAFREGTINVHDVETQFNQYKTEAASRYNLTISDVSVSDVPFPFSAQSGAGVPG

뮤신-1 이소형 뮤신-1 이소형 11 전구체 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 186)
TGSGHASSTPGGEKETSATQRSSVPSSTEKNALSTGVSFFFLSFHISNLQFNSSLEDPSTDYYQELQRDISEMFLQ
IYKQGGFLGLSNIKFRPGSVVVQLTLAFREGTINVHDVETQFNQYKTEAASRYNLTISDVSVSDVPFPFSAQSGAG
VPGWGIALLVLVCVLVALAIVYLIALAVCQCRRKNYGQLDIFPARDTYHPMSEYPTYHTHGRYVPPSSTDRSPYEK
VSAGNGGSSLSYTNPAVAATSANL

CD40 리간드 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 187)
MKIFMYLLTVFLITQMIGSALFAVYLHRRLDKIEDERNLHEDFVFMKTIQRCNTGERSLSLLNCEEIKSQFEGFVK
DIMLNKEETKKENSFEMQKGDQNPQIAAHVISEASSKTTSVLQWAEKGYYTMSNNLVTLENGKQLTVKRQGLYYIY
AQVTFCSNREASSQAPFIASLCLKSPGRFERILLRAANTHSSAKPCGQQSIHLGGVFELQPGASVFVNVTDPSQVS
HGTGFTSFGLLKL

WT-1 윌름스 종양 단백질 이소형 D [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 188)
MGSDVRDLNALLPAVPSLGGGGGCALPVSGAAQWAPVLDFAPPGASAYGSLGGPAPPPAPPPPPPPPPHSFIKQEP
SWGGAEPHEEQCLSAFTVHFSGQFTGTAGACRYGPFGPPPPSQASSGQARMFPNAPYLPSCLESQPAIRNQGYSTV
TFDGTPSYGHTPSHHAAQFPNHSFKHEDPMGQQGSLGEQQYSVPPPVYGCHTPTDSCTGSQALLLRTPYSSDNLYQ
MTSQLECMTWNQMNLGATLKGVAAGSSSSVKWTEGQSNHSTGYESDNHTTPILCGAQYRIHTHGVFRGIQDVRRVP

도면20n

GVAPTLVRSASETSEKRPFMCAYPGCNKRYFKLSHLQMHSRKHTGEKPYQCDFKDCERRFSRSDQLKRHQRRHTGV
KPFQCKTCQRKFSRSDHLKTHTRTHTGKTSEKPFSCRWPSCQKKFARSDELVRHHNMHQRNMTKLQLAL

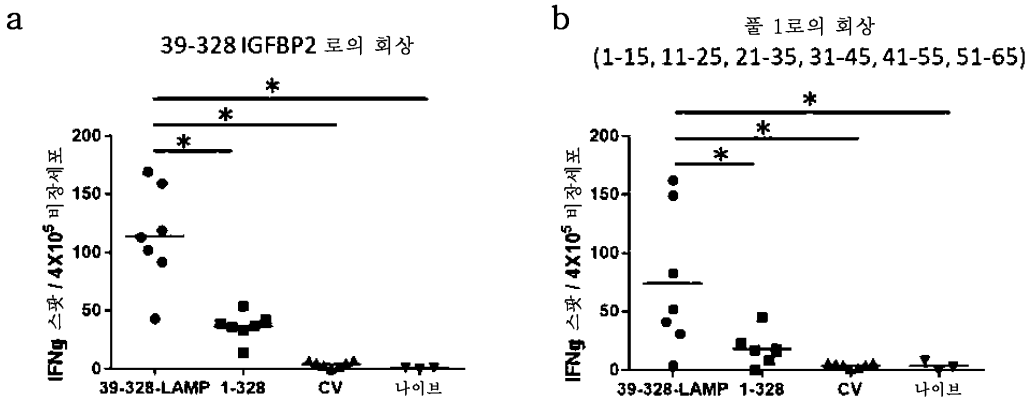
WT-1 말단절단물 윌름스 종양 단백질 이소형 D [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 189)
MGSDVRDLNALLPAVPSLGGGGGCALPVSGAAQWAPVLDFAPPGASAYGSLGGPAPPPAPPPPPPPPPHSFIKQEP
SWGGAEPHEEQCLSAFTVHFSGQFTGTAGACRYGPFGPPPPSQASSGQARMFPNAPYLPSCLESQPAIRNQGYSTV
TFDGTPSYGHTPSHHAAQFPNHSFKHEDPMGQQGSLGEQQYSVPPPVYGCHTPTDSCTGSQALLLRTPYSSDNLYQ
MTSQLECMTWNQMNLGATLKGVAAGSSSSVKWTEGQSNHSTGYESDNHTTPILCGAQYRIHTHGVFRGIQDVRRVP
GVAPTLVRSASETSEKRP

PRAME 흑색종의 우선적으로 발현되는 항원 [호모 사피엔스] (SEQ ID
NO: 190)
MERRRLWGSIQSRYISMSVWTSPRRLVELAGQSLLKDEALAIAALELLPRELFPPLFMAAFDGRHSQTLKAMVQAW
PFTCLPLGVLMKGQHLHLETFKAVLDGLDVLLAQEVRPRRWKLQVLDLRKNSHQDFWTVWSGNRASLYSFPEPEAA
QPMTKKRKVDGLSTEAEQPFIPVEVLVDLFLKEGACDELFSYLIEKVKRKKNVLRLCCKKLKIFAMPMQDIKMILK
MVQLDSIEDLEVTCTWKLPTLAKFSPYLGQMINLRRLLLSHIHASSYISPEKEEQYIAQFTSQFLSLQCLQALYVD
SLFFLRGRLDQLLRHVMNPLETLSITNCRLSEGDVMHLSQSPSVSQLSVLSLSGVMLTDVSPEPLQALLERASATL
QDLVFDECGITDDQLLALLPSLSHCSQLTTLSFYGNSISISALQSLLQHLIGLSNLTHVLYPVPLESYEDIHGTLH
LERLAYLHARLRELLCELGRPSMVWLSANPCPHCGDRTFYDPEPILCPCFMPN

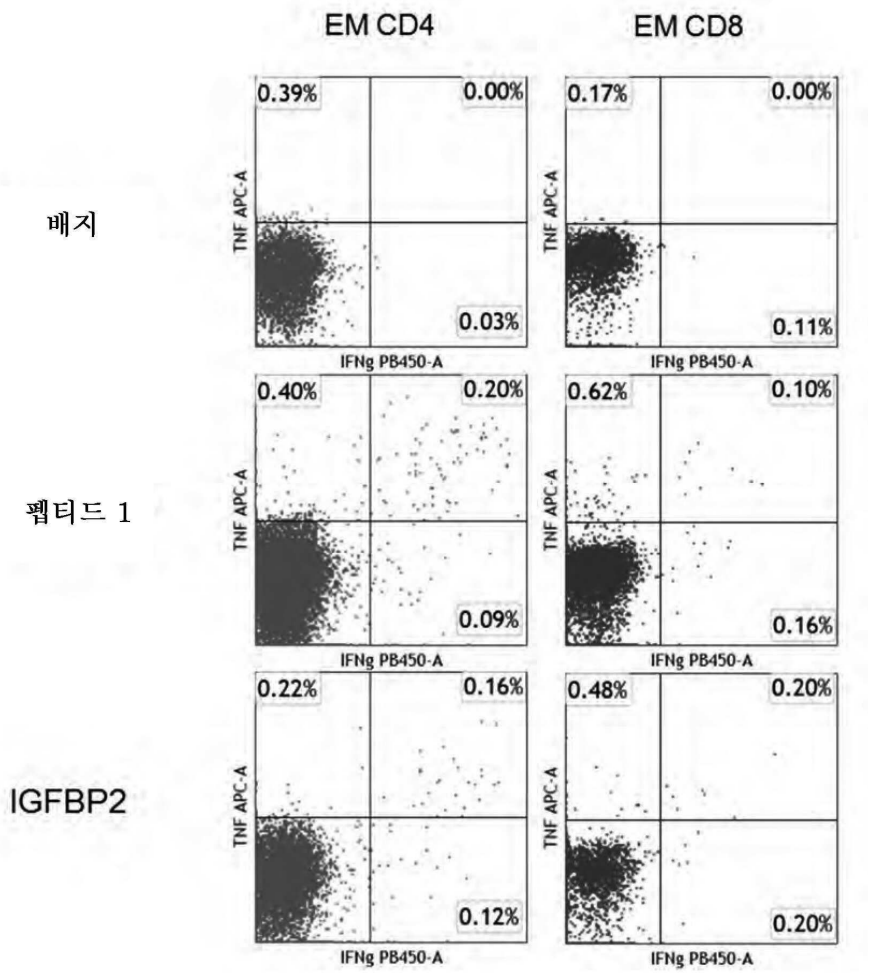
LAGE-1 암/고환 항원 2, 이소형 CRA-a [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 191)
MQAEGQGTGGSTGDADGPGGPGIPDGPGGNAGGPGEAGATGGRGPRGAGAARASGPRGGAPRGPHGGAASAQDGRC
PCGARRPDSRLLQLHITMPFSSPMEAELVRRILSRDAAPLPRPGAVLKDFTVSGNLLFMSVRDQDREGAGRMRVVG
WGLGSASPEGQKARDLRTPKHKVSEQRPGTPGPPPPEGAQGDGCRGVAFNVMFSAPHI

MAGE A3 흑색종-연관 항원 3 [호모 사피엔스] (SEQ ID NO: 192)
MPLEQRSQHCKPEEGLEARGEALGLVGAQAPATEEQEAASSSSTLVEVTLGEVPAAESPDPPQSPQGASSLPTTMN
YPLWSQSYEDSSNQEEEGPSTFPDLESEFQAALSRKVAELVHFLLLKYRAREPVTKAEMLGSVVGNWQYFFPVIFS
KASSSLQLVFGIELMEVDPIGHLYIFATCLGLSYDGLLGDNQIMPKAGLLIIVLAIIAREGDCAPEEKIWEELSVL
EVFEGREDSILGDPKKLLTQHFVQENYLEYRQVPGSDPACYEFLWGPRALVETSYVKVLHHMVKISGGPHISYPPL
HEWVLREGEE

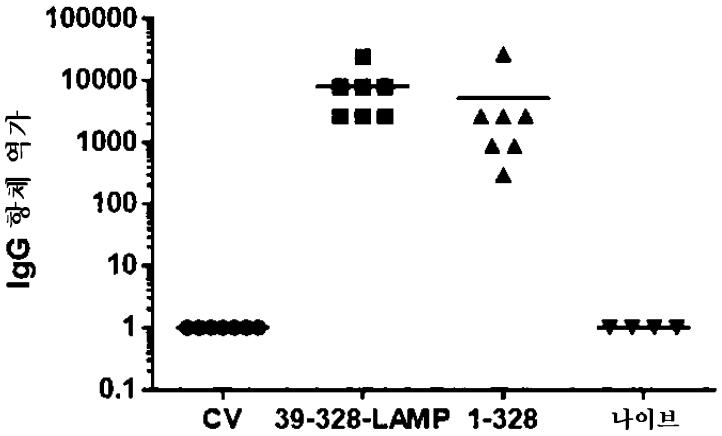
도면21



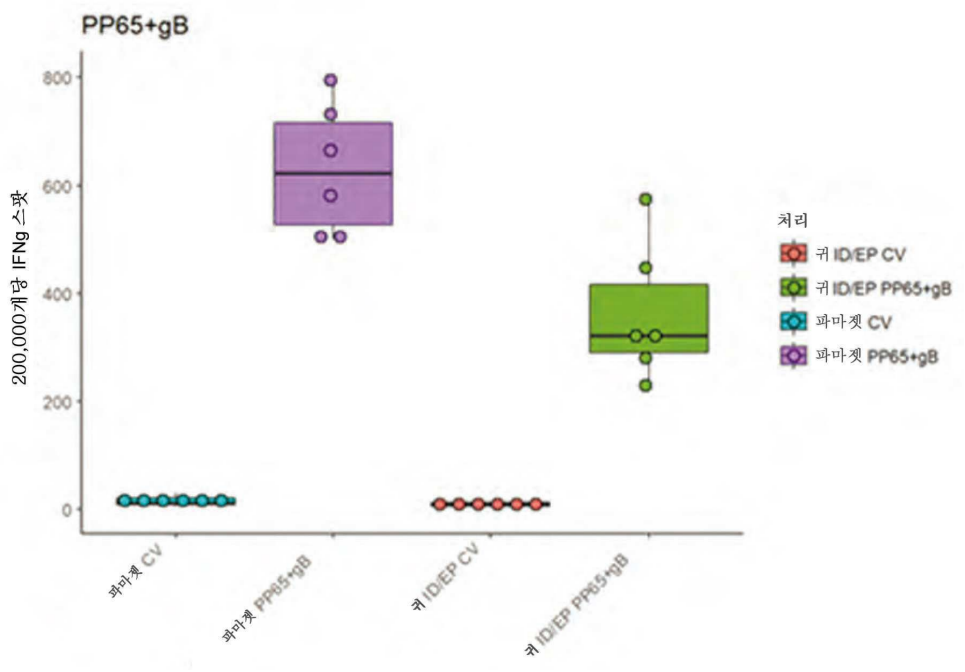
도면22


EM CD4
EM CD8
배지
펩티드 1
IGFBP2
TNF APC-A
IFNg PB450-A
0.39%
0.00%
0.03%
0.17%
0.00%
0.11%
0.40%
0.20%
0.09%
0.62%
0.10%
0.16%
0.22%
0.16%
0.12%
0.48%
0.20%
0.20%

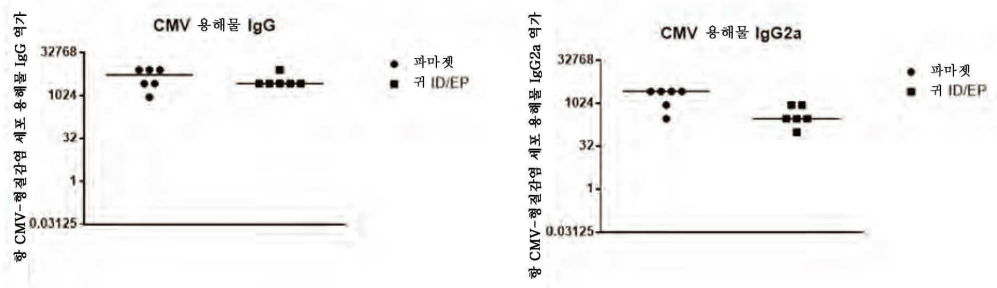
도면23


IgG 항체 역가
100000
10000
1000
100
10
1
0.1
CV
39-328-LAMP
1-328
나이브

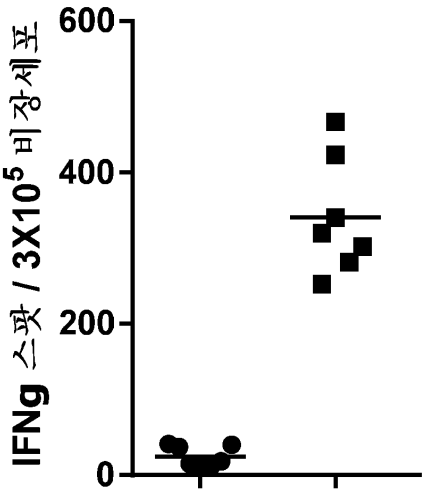
도면24



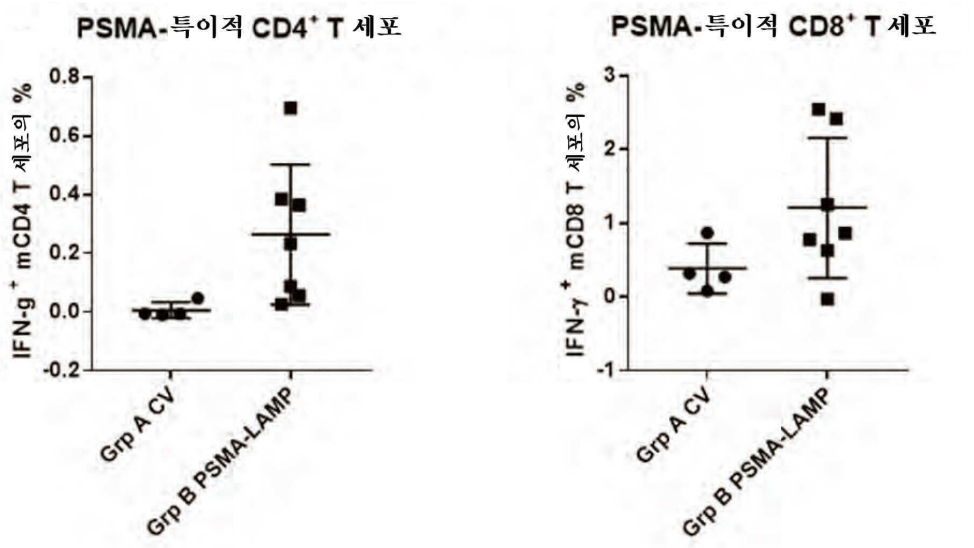
도면25



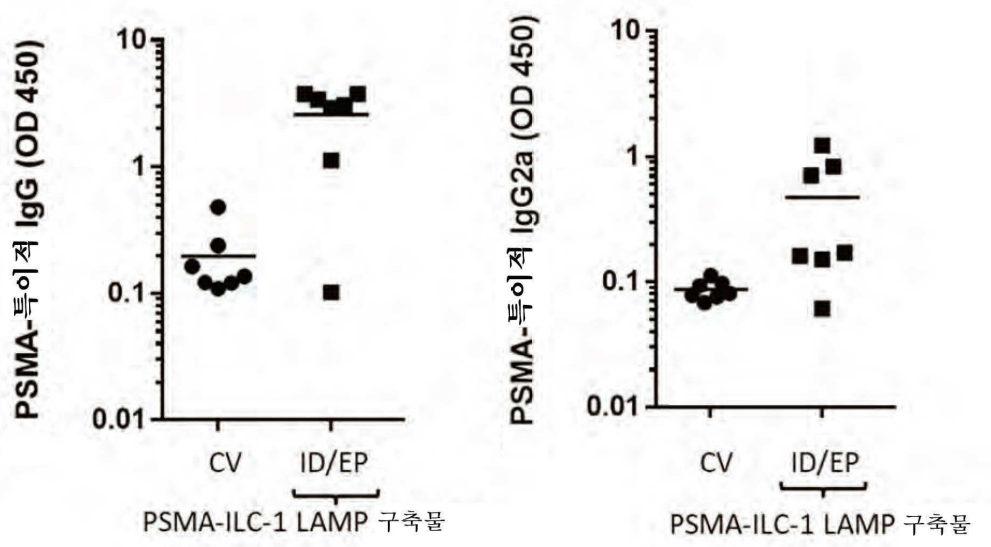
도면26



도면27



도면28



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> Immunomic Therapeutics, Inc

<120> IMPROVED LAMP CONSTRUCTS COMPRISING CANCER ANTIGENS

<130> ITI-08-PCT

<150> US 62/500,053

<151> 2017-05-02

<150> US 62/561,760

<151> 2017-09-22

<160> 701

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 417

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Ala Ala Pro Gly Ser Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15
Leu Leu Leu Leu Gly Leu Met His Cys Ala Ser Ala Ala Met Phe Met

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

85 90 95
Gly His Thr Leu Thr Leu Asn Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Ser
100 105 110
Val Gln Leu Met Ser Phe Val Tyr Asn Leu Ser Asp Thr His Leu Phe
115 120 125
Pro Asn Ala Ser Ser Lys Glu Ile Lys Thr Val Glu Ser Ile Thr Asp
130 135 140
Ile Arg Ala Asp Ile Asp Lys Lys Tyr Arg Cys Val Ser Gly Thr Gln

145 150 155 160
Val His Met Asn Asn Val Thr Val Thr Leu His Asp Ala Thr Ile Gln
165 170 175
Ala Tyr Leu Ser Asn Ser Ser Phe Ser Arg Gly Glu Thr Arg Cys Glu
180 185 190
Gln Asp Arg Pro Ser Pro Thr Thr Ala Pro Pro Ala Pro Pro Ser Pro
195 200 205

Ser Pro Ser Pro Val Pro Lys Ser Pro Ser Val Asp Lys Tyr Asn Val

210 215 220

Ser Gly Thr Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu
225 230 235 240
Asn Leu Thr Tyr Glu Arg Lys Asp Asn Thr Thr Val Thr Arg Leu Leu
245 250 255
Asn Ile Asn Pro Asn Lys Thr Ser Ala Ser Gly Ser Cys Gly Ala His
260 265 270
Leu Val Thr Leu Glu Leu His Ser Glu Gly Thr Thr Val Leu Leu Phe

275 280 285

Gln Phe Gly Met Asn Ala Ser Ser Ser Arg Phe Phe Leu Gln Gly Ile
290 295 300
Gln Leu Asn Thr Ile Leu Pro Asp Ala Arg Asp Pro Ala Phe Lys Ala
305 310 315 320
Ala Asn Gly Ser Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Val Gly Asn Ser Tyr
325 330 335
Lys Cys Asn Ala Glu Glu His Val Arg Val Thr Lys Ala Phe Ser Val

340 345 350

Asn Ile Phe Lys Val Trp Val Gln Ala Phe Lys Val Glu Gly Gly Gln
355 360 365
Phe Gly Ser Val Glu Glu Cys Leu Leu Asp Glu Asn Ser Met Leu Ile
370 375 380
Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu
385 390 395 400
Ile Ala Tyr Leu Val Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr

405 410 415

Ile

<210> 2

<211> 410

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

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

Asn Phe Thr Val Arg Tyr Glu Thr Thr Asn Lys Thr Tyr Lys Thr Val
50 55 60
Thr Ile Ser Asp His Gly Thr Val Thr Tyr Asn Gly Ser Ile Cys Gly
65 70 75 80
Asp Asp Gln Asn Gly Pro Lys Ile Ala Val Gln Phe Gly Pro Gly Phe
85 90 95
Ser Trp Ile Ala Asn Phe Thr Lys Ala Ala Ser Thr Tyr Ser Ile Asp
100 105 110

Ser Val Ser Phe Ser Tyr Asn Thr Gly Asp Asn Thr Thr Phe Pro Asp
115 120 125
Ala Glu Asp Lys Gly Ile Leu Thr Val Asp Glu Leu Leu Ala Ile Arg
130 135 140
Ile Pro Leu Asn Asp Leu Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser Thr Leu Glu
145 150 155 160
Lys Asn Asp Val Val Gln His Tyr Trp Asp Val Leu Val Gln Ala Phe
165 170 175

Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Thr Asn Glu Phe Leu Cys Asp Lys Asp
180 185 190
Lys Thr Ser Thr Val Ala Pro Thr Ile His Thr Thr Val Pro Ser Pro
195 200 205
Thr Thr Thr Pro Thr Pro Lys Glu Lys Pro Glu Ala Gly Thr Tyr Ser
210 215 220
Val Asn Asn Gly Asn Asp Thr Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu Gln
225 230 235 240

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

Leu Val Asn Gly Ser Val Phe Ser Ile Ala Asn Asn Asn Leu Ser Tyr
305 310 315 320
Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln Thr
325 330 335
Val Ser Val Ser Gly Ala Phe Gln Ile Asn Thr Phe Asp Leu Arg Val
340 345 350
Gln Pro Phe Asn Val Thr Gln Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Gln Asp Cys
355 360 365

Ser Ala Asp Asp Asp Asn Phe Leu Val Pro Ile Ala Val Gly Ala Ala
370 375 380
Leu Ala Gly Val Leu Ile Leu Val Leu Leu Ala Tyr Phe Ile Gly Leu
385 390 395 400
Lys His His His Ala Gly Tyr Glu Gln Phe
405 410

<210> 3
<211> 416
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 3
Met Pro Arg Gln Leu Ser Ala Ala Ala Ala Leu Phe Ala Ser Leu Ala
1 5 10 15

Val Ile Leu His Asp Gly Ser Gln Met Arg Ala Lys Ala Phe Pro Glu
20 25 30
Thr Arg Asp Tyr Ser Gln Pro Thr Ala Ala Ala Thr Val Gln Asp Ile

35 40 45

Lys Lys Pro Val Gln Gln Pro Ala Lys Gln Ala Pro His Gln Thr Leu
50 55 60

Ala Ala Arg Phe Met Asp Gly His Ile Thr Phe Gln Thr Ala Ala Thr
65 70 75 80

Val Lys Ile Pro Thr Thr Thr Pro Ala Thr Thr Lys Asn Thr Ala Thr
85 90 95

Thr Ser Pro Ile Thr Tyr Thr Leu Val Thr Thr Gln Ala Thr Pro Asn
100 105 110

Asn Ser His Thr Ala Pro Pro Val Thr Glu Val Thr Val Gly Pro Ser
115 120 125

Leu Ala Pro Tyr Ser Leu Pro Pro Thr Ile Thr Pro Pro Ala His Thr
130 135 140

Thr Gly Thr Ser Ser Ser Thr Val Ser His Thr Thr Gly Asn Thr Thr
145 150 155 160

Gln Pro Ser Asn Gln Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Ile Ala Leu
165 170 175

His Lys Ser Thr Thr Gly Gln Lys Pro Val Gln Pro Thr His Ala Pro
180 185 190

Gly Thr Thr Ala Ala Ala His Asn Thr Thr Arg Thr Ala Ala Pro Ala
195 200 205

Ser Thr Val Pro Gly Pro Thr Leu Ala Pro Gln Pro Ser Ser Val Lys
210 215 220

Thr Gly Ile Tyr Gln Val Leu Asn Gly Ser Arg Leu Cys Ile Lys Ala
225 230 235 240

Glu Met Gly Ile Gln Leu Ile Val Gln Asp Lys Glu Ser Val Phe Ser
245 250 255

Pro Arg Arg Tyr Phe Asn Ile Asp Pro Asn Ala Thr Gln Ala Ser Gly
260 265 270

Asn Cys Gly Thr Arg Lys Ser Asn Leu Leu Leu Asn Phe Gln Gly Gly
275 280 285

Phe Val Asn Leu Thr Phe Thr Lys Asp Glu Glu Ser Tyr Tyr Ile Ser
290 295 300
Glu Val Gly Ala Tyr Leu Thr Val Ser Asp Pro Glu Thr Ile Tyr Gln
305 310 315 320
Gly Ile Lys His Ala Val Val Met Phe Gln Thr Ala Val Gly His Ser
325 330 335

Phe Lys Cys Val Ser Glu Gln Ser Leu Gln Leu Ser Ala His Leu Gln
340 345 350
Val Lys Thr Thr Asp Val Gln Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu Asp Asp
355 360 365
His Phe Gly Asn Val Asp Glu Cys Ser Ser Asp Tyr Thr Ile Val Leu
370 375 380
Pro Val Ile Gly Ala Ile Val Val Gly Leu Cys Leu Met Gly Met Gly
385 390 395 400

Val Tyr Lys Ile Arg Leu Arg Cys Gln Ser Ser Gly Tyr Gln Arg Ile
405 410 415

<210> 4
<211> 478
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 4
Met Gly Arg Cys Cys Phe Tyr Thr Ala Gly Thr Leu Ser Leu Leu Leu
1 5 10 15
Leu Val Thr Ser Val Thr Leu Leu Val Ala Arg Val Phe Gln Lys Ala
20 25 30
Val Asp Gln Ser Ile Glu Lys Lys Ile Val Leu Arg Asn Gly Thr Glu

35 40 45
Ala Phe Asp Ser Trp Glu Lys Pro Pro Leu Pro Val Tyr Thr Gln Phe
50 55 60
Tyr Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Glu Glu Ile Leu Arg Gly Glu Thr
65 70 75 80
Pro Arg Val Glu Glu Val Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Leu Arg Asn

85 90 95

Lys Ala Asn Ile Gln Phe Gly Asp Asn Gly Thr Thr Ile Ser Ala Val

100 105 110

Ser Asn Lys Ala Tyr Val Phe Glu Arg Asp Gln Ser Val Gly Asp Pro

115 120 125

Lys Ile Asp Leu Ile Arg Thr Leu Asn Ile Pro Val Leu Thr Val Ile

130 135 140

Glu Trp Ser Gln Val His Phe Leu Arg Glu Ile Ile Glu Ala Met Leu

145 150 155 160

Lys Ala Tyr Gln Gln Lys Leu Phe Val Thr His Thr Val Asp Glu Leu

165 170 175

Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Glu Ile Leu Ser Leu Ile His Val Phe Arg

180 185 190

Pro Asp Ile Ser Pro Tyr Phe Gly Leu Phe Tyr Glu Lys Asn Gly Thr

195 200 205

Asn Asp Gly Asp Tyr Val Phe Leu Thr Gly Glu Asp Ser Tyr Leu Asn

210 215 220

Phe Thr Lys Ile Val Glu Trp Asn Gly Lys Thr Ser Leu Asp Trp Trp

225 230 235 240

Ile Thr Asp Lys Cys Asn Met Ile Asn Gly Thr Asp Gly Asp Ser Phe

245 250 255

His Pro Leu Ile Thr Lys Asp Glu Val Leu Tyr Val Phe Pro Ser Asp

260 265 270

Phe Cys Arg Ser Val Tyr Ile Thr Phe Ser Asp Tyr Glu Ser Val Gln

275 280 285

Gly Leu Pro Ala Phe Arg Tyr Lys Val Pro Ala Glu Ile Leu Ala Asn

290 295 300

Thr Ser Asp Asn Ala Gly Phe Cys Ile Pro Glu Gly Asn Cys Leu Gly

305 310 315 320

Ser Gly Val Leu Asn Val Ser Ile Cys Lys Asn Gly Ala Pro Ile Ile

325 330 335

Met Ser Phe Pro His Phe Tyr Gln Ala Asp Glu Arg Phe Val Ser Ala
340 345 350
Ile Glu Gly Met His Pro Asn Gln Glu Asp His Glu Thr Phe Val Asp

355 360 365
Ile Asn Pro Leu Thr Gly Ile Ile Leu Lys Ala Ala Lys Arg Phe Gln
370 375 380
Ile Asn Ile Tyr Val Lys Lys Leu Asp Asp Phe Val Glu Thr Gly Asp
385 390 395 400
Ile Arg Thr Met Val Phe Pro Val Met Tyr Leu Asn Glu Ser Val His
405 410 415
Ile Asp Lys Glu Thr Ala Ser Arg Leu Lys Ser Met Ile Asn Thr Thr

420 425 430
Leu Ile Ile Thr Asn Ile Pro Tyr Ile Ile Met Ala Leu Gly Val Phe
435 440 445
Phe Gly Leu Val Phe Thr Trp Leu Ala Cys Lys Gly Gln Gly Ser Met
450 455 460
Asp Glu Gly Thr Ala Asp Glu Arg Ala Pro Leu Ile Arg Thr
465 470 475

<210> 5
<211> 197
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 5

Met Ser Arg Leu Ser Arg Ser Leu Leu Trp Ala Ala Thr Cys Leu Gly

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

Asn Ser Cys Val Ser Cys Phe Asn Val Ser Val Val Asn Thr Thr Cys

65 70 75 80

Phe Trp Ile Glu Cys Lys Asp Glu Ser Tyr Cys Ser His Asn Ser Thr

85 90 95

Val Ser Asp Cys Gln Val Gly Asn Thr Thr Asp Phe Cys Ser Val Ser

100 105 110

Thr Ala Thr Pro Val Pro Thr Ala Asn Ser Thr Ala Lys Pro Thr Val

115 120 125

Gln Pro Ser Pro Ser Thr Thr Ser Lys Thr Val Thr Thr Ser Gly Thr

130 135 140

Thr Asn Asn Thr Val Thr Pro Thr Ser Gln Pro Val Arg Lys Ser Thr

145 150 155 160

Phe Asp Ala Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Val Leu Val Leu Gly Val

165 170 175

Gln Ala Val Ile Phe Phe Leu Tyr Lys Phe Cys Lys Ser Lys Glu Arg

180 185 190

Asn Tyr His Thr Leu

195

<210> 6

<

211> 406

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 6

Met Ala Ala Pro Gly Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ala

1 5 10 15

Gly Leu Ala His Gly Ala Ser Ala Leu Phe Glu Val Lys Asn Asn Gly

20 25 30

Thr Thr Cys Ile Met Ala Ser Phe Ser Ala Ser Phe Leu Thr Thr Tyr

35 40 45

Glu Thr Ala Asn Gly Ser Gln Ile Val Asn Ile Ser Leu Pro Ala Ser

50 55 60

Ala Glu Val Leu Lys Asn Gly Ser Ser Cys Gly Lys Glu Asn Val Ser
65 70 75 80
Asp Pro Ser Leu Thr Ile Thr Phe Gly Arg Gly Tyr Leu Leu Thr Leu
85 90 95
Asn Phe Thr Lys Asn Thr Thr Arg Tyr Ser Val Gln His Met Tyr Phe
100 105 110
Thr Tyr Asn Leu Ser Asp Thr Glu His Phe Pro Asn Ala Ile Ser Lys

115 120 125
Glu Ile Tyr Thr Met Asp Ser Thr Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Asn
130 135 140
Lys Ala Tyr Arg Cys Val Ser Asp Ile Arg Val Tyr Met Lys Asn Val
145 150 155 160
Thr Val Val Leu Arg Asp Ala Thr Ile Gln Ala Tyr Leu Ser Ser Gly
165 170 175
Asn Phe Ser Lys Glu Glu Thr His Cys Thr Gln Asp Gly Pro Ser Pro

180 185 190
Thr Thr Gly Pro Pro Ser Pro Ser Pro Pro Leu Val Pro Thr Asn Pro
195 200 205
Thr Val Ser Lys Tyr Asn Val Thr Gly Asn Asn Gly Thr Cys Leu Leu
210 215 220
Ala Ser Met Ala Leu Gln Leu Asn Ile Thr Tyr Leu Lys Lys Asp Asn
225 230 235 240
Lys Thr Val Thr Arg Ala Phe Asn Ile Ser Pro Asn Asp Thr Ser Ser

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

305 310 315 320

Val Gly Asn Ser Tyr Lys Cys Asn Thr Glu Glu His Ile Phe Val Ser

325 330 335

Lys Met Leu Ser Leu Asn Val Phe Ser Val Gln Val Gln Ala Phe Lys

340 345 350

Val Asp Ser Asp Arg Phe Gly Ser Val Glu Glu Cys Val Gln Asp Gly

355 360 365

Asn Asn Met Leu Ile Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu

370 375 380

Val Leu Ile Val Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His

385 390 395 400

Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

405

<210> 7

<211> 411

<212> PRT

<213> Danio rerio

<400> 7

Met Ala Arg Ala Ala Gly Val Cys Trp Thr Leu Leu Met Gly Cys Val

1 5 10 15

Phe Ala Ala His Ala Val Thr Phe Glu Val Thr Asp Gly Asn Ser Thr

20 25 30

Cys Ile Lys Gly Glu Leu Asn Ala Ser Phe Ser Ile Ser Tyr Asn Thr

35 40 45

Thr Asn Gly Thr Ser Val Ser Val Phe Ala Leu Pro Ala Ser Ala Ser

50 55 60

Val Ser Glu Arg Ser Ser Cys Gly Ser Ala Ala Val Pro Pro Glu Leu

65 70 75 80

Ala Leu Val Phe Gly Asp Thr His Thr His Thr Leu Ser Leu Leu Phe

85 90 95

Ser Arg Asp Gln Arg Leu Tyr Arg Val Ser Asn Ile Ser Leu Gln Tyr

100 105 110

Asn Leu Ser Asp Gly Asp Ile Phe Pro Gln Ser Ser Ser Ala Gly Val
115 120 125
Gln Ser Val Met Ala Ser Val Ser Glu Leu Met Ser Ala Arg Leu Asn
130 135 140
Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Ser Ser Ser Ile Ser Leu Ser Ala Ala

145 150 155 160
Val Asn Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Met Glu Ala Tyr Met Ser Ser
165 170 175
Ala Asn Leu Ser Ala Asp Glu Ser Val Cys Ser Ala Asp Gln Pro Ser
180 185 190
Thr Thr Val Ala Pro Pro Pro Ser Thr Thr Thr Ser Pro Pro Pro Ile
195 200 205
Pro Pro Val Pro Glu Arg Gly Asn Tyr Ser Val Thr Asp Gly Asn Gly

210 215 220
Thr Val Cys Val Leu Ala Leu Met Gly Leu Gln Leu Asn Ile Thr His
225 230 235 240
Thr Thr Thr Gln Asn Gln Ser Val Ser Glu Leu Met Asn Leu Gln Pro
245 250 255
Asn Gln Thr Thr Val Ser Gly Ser Cys Gly Val Thr Glu Ser Ser Leu
260 265 270
Arg Leu Ser Asp Glu Thr Thr Asn Leu Thr Phe Ser Phe Thr Met Asn

275 280 285
Ser Thr Thr Gln Lys Tyr Tyr Leu Ser Ala Val Ser Val Ser Ala Leu
290 295 300
Trp Pro Asp Met Ser Val Val Phe Glu Ala Gly Asn Thr Ser Leu Ser
305 310 315 320
Ala Leu Gln Cys Ser Val Gly Arg Ser Tyr Val Cys Ser Ala Gln Gln
325 330 335
Met Leu Ser Val Thr Pro Val Phe Ser Ile Asn Thr Phe Arg Leu Gln

340 345 350
Leu Gln Pro Phe Asn Ile Thr Ala Asn Arg Phe Ser Thr Ala Glu Glu

355 360 365

Cys Arg Val Asp Gln Glu Asn Met Leu Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala

370 375 380

Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Val Ala Tyr Leu Ile Gly

385 390 395 400

Arg Lys Arg Thr His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

405 410

<210> 8

<211> 417

<212> PRT

<213> Xenopus laevis

<400> 8

Met Ser Trp Arg Gln Val Lys Met Pro Val Tyr Trp Met Ala Val Met

1 5 10 15

Leu Leu Ile Gly Val Val Gln Val Ala Thr Ala Val Gln Phe Glu Val

20 25 30

Lys Asp Gly Lys Thr Asn Ile Thr Cys Ile Leu Ala Asp Leu Ser Ile

35 40 45

Asn Phe Ser Val Ser Tyr Asn Val Ser Ser Lys Met Glu Leu Ala Thr

50 55 60

Phe Val Leu Pro Ser Glu Ala Val Thr Asn Ile Asn Lys Ser Ser Cys

65 70 75 80

Gly Val Glu Asn Thr Thr Ala Pro Val Leu Ala Ile Gln Phe Gly Ser

85 90 95

Asn His Ser Leu Ser Ile His Phe Ala Arg Asn Asn Thr Arg Tyr Glu

100 105 110

Val Ala Glu Leu Val Met Ser Tyr Asn Leu Ser Asp Lys Ile Ile Phe

115 120 125

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

130 135 140

Ala Val Leu Ala Glu Asn Asp Thr Val Tyr Lys Cys Met Asn Pro His

145 150 155 160

Leu Ile Arg Met Asp Asn Ala Asn Ala Thr Phe His Asp Ile Arg Leu
165 170 175
Glu Ala Tyr Leu Lys Gln Ser Asn Phe Ser Gln Lys Val Ser Thr Cys

180 185 190
Ser Glu Asp Ile Thr Pro Thr Ser Ala Pro Ala Pro Val Thr Thr Thr
195 200 205
Ala Pro Val Pro Ala Pro Val Pro Asp Pro Pro Val Val Gln Tyr Ser
210 215 220
Val Asn Arg Ser Ser Glu Pro Cys Leu Leu Ala Lys Val Gly Leu Gln
225 230 235 240
Met Asn Ile Thr Tyr Thr Thr Lys Asp Gly Lys Asn Gly Ser Tyr Val

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

305 310 315 320
Ala Ala Asn Ser Ser Leu Asn Tyr Met Gln Thr Asn Val His Lys Ser
325 330 335
Phe Lys Cys Asn Ser Lys Gln Thr Leu Gln Ile Thr Asp Pro Phe Thr
340 345 350
Val Asn Thr Tyr His Leu Gln Val Gln Ala Phe Asn Ser Asp Asn Thr
355 360 365
Phe Ala Ser Ala Val Glu Cys Ser Leu Asp Glu Asn Gly Met Leu Val

370 375 380
Pro Ile Val Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu
385 390 395 400
Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr

405 410 415

Ile

<210> 9

<211> 417

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<400> 9

Met Ala Ala Pro Gly Ser Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15

Leu Leu Leu Leu Gly Leu Val His Cys Ala Ser Ala Ala Met Phe Met
20 25 30

Val Lys Asn Gly Asn Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asn Phe Ser Ala
35 40 45

Ser Phe Ser Val Asn Tyr Asp Thr Lys Ser Gly Pro Lys Asn Met Thr
50 55 60

Phe Asp Leu Pro Ser Asp Ala Thr Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Cys
65 70 75 80

Gly Lys Glu Asn Thr Ser Asp Pro Ser Leu Val Ile Ala Phe Gly Arg
85 90 95

Gly His Thr Leu Thr Leu Asn Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Ser
100 105 110

Val Gln Leu Met Ser Phe Val Tyr Asn Leu Ser Asp Thr His Leu Phe
115 120 125

Pro Asn Ala Ser Ser Lys Glu Ile Lys Thr Val Glu Ser Ile Thr Asp
130 135 140

Ile Arg Ala Asp Ile Asp Lys Lys Tyr Arg Cys Val Ser Gly Thr Gln
145 150 155 160

Val His Met Asn Asn Val Thr Val Thr Leu His Asp Ala Thr Ile Gln
165 170 175

Ala Tyr Leu Ser Asn Ser Ser Phe Ser Arg Gly Glu Thr Arg Cys Glu
180 185 190

Gln Asp Arg Pro Ser Pro Thr Thr Ala Pro Pro Ala Pro Pro Ser Pro

195 200 205

Ser Pro Ser Pro Val Pro Glu Ser Pro Ser Val Asp Lys Tyr Asn Val
210 215 220
Ser Gly Thr Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu
225 230 235 240
Asn Leu Thr Tyr Glu Arg Lys Asp Asn Thr Thr Val Thr Arg Leu Leu
245 250 255
Asn Ile Asn Pro Asn Lys Thr Ser Ala Ser Gly Ser Cys Gly Ala His
260 265 270

Leu Val Thr Leu Glu Leu His Ser Glu Gly Ser Thr Val Leu Leu Phe
275 280 285
Leu Phe Gly Met Asn Ala Ser Ser Ser Arg Phe Phe Leu Gln Gly Ile
290 295 300
Gln Leu Asn Thr Thr Leu Pro Asp Ala Arg Asp Pro Ala Phe Lys Ala
305 310 315 320
Ala Asn Gly Ser Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Val Gly Asn Ser Tyr
325 330 335

Lys Cys Asn Ala Glu Glu His Val Arg Val Thr Lys Ala Phe Ser Val
340 345 350
Asn Ile Phe Lys Val Trp Val Gln Ala Phe Lys Val Glu Gly Gly Gln
355 360 365
Phe Gly Ser Val Glu Glu Cys Val Leu Asp Glu Asn Asn Met Leu Ile
370 375 380
Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu
385 390 395 400

Ile Ala Tyr Leu Val Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr
405 410 415
Ile

<210> 10
<211> 415
<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<400> 10

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

225 230 235 240

Leu Thr Tyr Glu Arg Lys Asp Asn Thr Thr Val Thr Arg Leu Leu Asn

245 250 255

Ile Asn Pro Asn Lys Thr Leu Ala Ser Gly Ser Cys Gly Ala His Leu

260 265 270

Val Thr Leu Glu Leu His Ser Glu Gly Ser Thr Val Leu Leu Phe Gln

275 280 285

Phe Gly Met Asn Ala Ser Ser Ser Arg Phe Phe Leu Gln Gly Ile Gln

290 295 300

Leu Asn Thr Thr Leu Pro Asp Ala Arg Asp Pro Ala Phe Lys Ala Ala

305 310 315 320

Asn Ser Ser Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Val Gly Asn Ser Tyr Lys

325 330 335

Cys Asn Ala Glu Glu His Val Arg Val Thr Lys Ala Phe Ser Val Asn

340 345 350

Ile Phe Lys Val Trp Val Gln Ala Phe Lys Val Glu Gly Gly Gln Phe

355 360 365

Gly Ser Val Glu Glu Cys Leu Leu Asp Glu Asn Asn Met Leu Ile Pro

370 375 380

Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Ile

385 390 395 400

Ala Tyr Leu Val Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr

405 410 415

<210> 11

<211> 413

<212> PRT

<213> Canis lupus familiaris

<400> 11

Met Ala Ala Phe Gly Gly Ala Arg Pro Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Ala Gly Leu Val His Gly Ala Ala Ala Val Phe Val Val Lys Asp

20 25 30

Ala Asn Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asn Phe Ser Ala Ala Phe Leu
35 40 45
Ala Ser Tyr Glu Thr Arg Ser Gly Pro Lys Asn Val Thr Phe Asp Leu
50 55 60

Pro Ser Asp Ala Val Val Leu Asn Ser Ser Ser Cys Gly Lys Glu Asn
65 70 75 80
Thr Ser Asp Pro Ser Leu Met Ile Ala Phe Gly Lys Gly His Gly Leu
85 90 95
Thr Leu Asn Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Ser Val Gln Leu Met
100 105 110
Ser Phe Ile Tyr Asn Leu Ser Asp Thr Gln Ile Phe Pro Asn Ala Ser
115 120 125

Ser Lys Glu Thr Lys Thr Val Glu Ser Ala Thr Asp Ile Arg Ala Asp
130 135 140
Ile Asn Lys Lys Tyr Arg Cys Val Ser Asn Thr Gln Ile His Met His
145 150 155 160
Asn Val Thr Val Thr Phe His Asp Val Thr Ile Gln Ala Tyr Leu Ala
165 170 175
Asn Ser Asn Phe Ser Lys Glu Glu Thr Arg Cys Glu Gln Asp Gly Pro
180 185 190

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

Asn Lys Thr Thr Ala Gly Gly Ser Cys Gly Ala Gln Leu Val Thr Leu
260 265 270
Glu Leu Arg Ser Glu Ser Val Thr Leu Leu Ala Phe Gln Phe Gly Met

275 280 285

Asn Ala Ser Thr Ser Arg Phe Phe Leu Gln Gly Ile Gln Leu Asn Met

290 295 300

Thr Leu Pro Asp Ala Arg Asp Pro Thr Phe Lys Ala Gly Asn Asn Ser

305 310 315 320

Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Ile Gly Asn Ser Tyr Lys Cys Asn Ala

325 330 335

Gly Glu His Val Gln Val Thr Glu Ala Phe Ser Val Asn Ile Ile Lys

340 345 350

Val Trp Val Gln Ala Phe Gln Val Gln Gly Asp Lys Phe Gly Ser Val

355 360 365

Glu Glu Cys Gln Leu Asp Glu Asn Ser Met Leu Ile Pro Ile Ala Val

370 375 380

Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Ile Ala Tyr Leu

385 390 395 400

Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

405 410

<210> 12

<211> 417

<212> PRT

<213> Oryctolagus cuniculus

<400> 12

Met Glu Ala Pro Gly Gly Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Gly Leu Val His Gly Ala Ser Ala Val Phe Val Val Arg Asn Ser

20 25 30

Asn Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asn Phe Ser Ala Val Phe Ser Val

35 40 45

Ile Tyr Glu Ser Lys Ser Gly Tyr Lys Asn Ala Ser Phe Glu Leu Pro

50 55 60

Ala Thr Ala Glu Val Gln Asn Thr Ser Ser Cys Gly Arg Glu Asn Thr

65 70 75 80

Ser Asn Pro Ser Leu Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly His Val Leu Ala
85 90 95

Leu Asn Phe Thr Arg Asn Ala Thr Leu Tyr Ser Val Pro Leu Leu Ser
100 105 110
Phe Val Tyr Asn Leu Ser Asp Ser Asp Leu Phe Pro Asn Ala Ser Ser
115 120 125
Lys Asp Ile Lys Thr Val Gly Ser Thr Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile
130 135 140
Asp Lys Arg Tyr Arg Cys Val Ser Asp Ser Lys Val Pro Met Gly Asn
145 150 155 160

Val Thr Val Thr Leu Gln Asp Ala Thr Ile Gln Ala Tyr Leu Trp Asn
165 170 175
Asn Ser Phe Ser Gln Ala Glu Ser Arg Cys Arg Gln Asp Met Pro Ser
180 185 190
Pro Thr Thr Ala Pro Pro Ala Pro Pro Val Pro Pro Ser Pro Pro Ser
195 200 205
Pro Ser Pro Pro Pro Lys Pro Glu Ser Pro Ser Val Ser Arg Tyr Asn
210 215 220

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

Phe Gln Phe Gly Met Asn Ala Ser Ser Gly Gln Tyr Phe Leu Gln Gly
290 295 300
Val Leu Leu Asn Thr Thr Leu Pro Asp Ala Arg Glu Pro Ala Phe Ser
305 310 315 320
Ala Ser Asn Ser Ser Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Leu Gly Asn Ser

325 330 335

Tyr Lys Cys Asn Ser Glu Glu His Val Arg Val Thr Pro Ala Phe Ser

340 345 350

Leu Ser Ile Phe Lys Val Trp Val Gln Ala Phe Gln Val Lys Gly Asp

355 360 365

Lys Phe Gly Ser Val Glu Glu Cys Leu Leu Asp Gln Asp Ser Met Leu

370 375 380

Ile Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Val Val

385 390 395 400

Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln

405 410 415

Thr

<210> 13

<211> 409

<212> PRT

<213> Bos taurus

<400> 13

Met Ala Ala Pro Gly Gly Ala Arg Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Phe Ala Gly Leu Val His Gly Ala Ser Ala Val Phe Val Val Lys Asn

20 25 30

Gly Asn Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asp Phe Ser Ala Thr Phe Leu

35 40 45

Thr Ser Tyr Asp Thr Arg Ser Gly Pro Gln Asn Lys Ser Phe Glu Leu

50 55 60

Pro Ala Gly Ala Glu Val Ser Asn Ser Ser Ser Cys Gly Lys Glu Asn

65 70 75 80

Ala Ser Asp Ser Ser Leu Val Ile Thr Phe Gly Arg Gly His Thr Leu

85 90 95

Thr Leu Ile Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Glu Val Gln Leu Met

100 105 110

Arg Phe Ala Tyr Asn Leu Ser Asp Thr Asp Thr Phe Pro Asn Ser Ser

115 120 125

Ser Thr Gly Val Lys Thr Val Glu Ser Ala Thr Asp Ile Lys Ala Asp

130 135 140

Ile Asn Lys Thr Tyr Arg Cys Val Ser Glu Thr Gln Val Asn Met Asp

145 150 155 160

Asn Val Thr Val Thr Leu Arg Asp Ala Ala Ile Gln Ala Tyr Leu Ser

165 170 175

Ser Ser Asn Phe Ser Arg Glu Glu Thr Arg Cys Glu Gln Asp Leu Pro

180 185 190

Thr Pro Thr Thr Pro Pro Gln Pro Ala Pro Thr Pro Ala Pro Ala Ser

195 200 205

Pro Ala Val Phe Arg Tyr Asn Val Ser Gly Ser Asn Gly Thr Cys Leu

210 215 220

Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu Asn Val Thr Tyr Arg Arg Val Asp

225 230 235 240

Asn Lys Thr Val Thr Arg Glu Phe Asn Val Asn Pro Asn Lys Thr Thr

245 250 255

Phe Gly Gly Asn Cys Ser Ala Thr Leu Ala Thr Leu Glu Leu His Ser

260 265 270

Glu Asn Leu Leu Leu Leu Ala Leu Gln Phe Val Met Asn Glu Ser Ser

275 280 285

Ser Arg Val Phe Leu Gln Gly Val Gln Leu Asn Leu Thr Leu Pro Asp

290 295 300

Ala Lys Glu Gly Ser Phe Thr Ala Thr Asn Ser Ser Leu Arg Ala Leu

305 310 315 320

Gln Ala Thr Ala Gly Asn Ser Tyr Lys Cys Asn Ala Glu Gln Arg Leu

325 330 335

Arg Val Thr Ser Ser Phe Ser Leu Asn Met Phe Arg Val Trp Leu Gln

340 345 350

Ala Phe Arg Val Asp Gly Asp Lys Phe Gly Pro Val Glu Glu Cys Gln

355 360 365

Leu Asp Glu Asn Ser Met Leu Ile Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu

370 375 380

Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Leu Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys

385 390 395 400

Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

405

<210> 14

<211> 407

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 14

Met Ala Ala Pro Gly Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ala

1 5 10 15

Gly Leu Ala His Ser Ala Pro Ala Leu Phe Glu Val Lys Asp Asn Asn

20 25 30

Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Ser Phe Ser Ala Ser Phe Leu Thr Thr

35 40 45

Tyr Asp Ala Gly His Val Ser Lys Val Ser Asn Met Thr Leu Pro Ala

50 55 60

Ser Ala Glu Val Leu Lys Asn Ser Ser Ser Cys Gly Glu Lys Asn Ala

65 70 75 80

Ser Glu Pro Thr Leu Ala Ile Thr Phe Gly Glu Gly Tyr Leu Leu Lys

85 90 95

Leu Thr Phe Thr Lys Asn Thr Thr Arg Tyr Ser Val Gln His Met Tyr

100 105 110

Phe Thr Tyr Asn Leu Ser Asp Thr Gln Phe Phe Pro Asn Ala Ser Ser

115 120 125

Lys Gly Pro Asp Thr Val Asp Ser Thr Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile

130 135 140

Asn Lys Thr Tyr Arg Cys Val Ser Asp Ile Arg Val Tyr Met Lys Asn

145 150 155 160

Val Thr Ile Val Leu Trp Asp Ala Thr Ile Gln Ala Tyr Leu Pro Ser

165 170 175

Ser Asn Phe Ser Lys Glu Glu Thr Arg Cys Pro Gln Asp Gln Pro Ser

180 185 190

Pro Thr Thr Gly Pro Pro Ser Pro Ser Pro Pro Leu Val Pro Thr Asn

195 200 205

Pro Ser Val Ser Lys Tyr Asn Val Thr Gly Asp Asn Gly Thr Cys Leu

210 215 220

Leu Ala Ser Met Ala Leu Gln Leu Asn Ile Thr Tyr Met Lys Lys Asp

225 230 235 240

Asn Thr Thr Val Thr Arg Ala Phe Asn Ile Asn Pro Ser Asp Lys Tyr

245 250 255

Ser Gly Thr Cys Gly Ala Gln Leu Val Thr Leu Lys Val Gly Asn Lys

260 265 270

Ser Arg Val Leu Glu Leu Gln Phe Gly Met Asn Ala Thr Ser Ser Leu

275 280 285

Phe Phe Leu Gln Gly Val Gln Leu Asn Met Thr Leu Pro Asp Ala Ile

290 295 300

Glu Pro Thr Phe Ser Thr Ser Asn Tyr Ser Leu Lys Ala Leu Gln Ala

305 310 315 320

Ser Val Gly Asn Ser Tyr Lys Cys Asn Ser Glu Glu His Ile Phe Val

325 330 335

Ser Lys Ala Leu Ala Leu Asn Val Phe Ser Val Gln Val Gln Ala Phe

340 345 350

Arg Val Glu Ser Asp Arg Phe Gly Ser Val Glu Glu Cys Val Gln Asp

355 360 365

Gly Asn Asn Met Leu Ile Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly

370 375 380

Leu Val Leu Ile Val Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser

385 390 395 400

His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

405

<210> 15

<211> 414

<212> PRT

<213> Gallus gallus

<400> 15

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

195 200 205

Ala Ala Pro Ser Ser Pro Ala Val Gly Lys Tyr Asn Val Thr Gly Ala

210 215 220

Asn Gly Thr Cys Val Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu Asn Ile Thr

225 230 235 240

Tyr Val Lys Lys Asp Glu Lys Met Gly Leu Asp Leu Leu Asn Phe Ile

245 250 255

Pro His Asn Thr Ser Ala Ser Gly Met Cys Glu Ser Thr Ser Ala Phe

260 265 270

Leu Asn Leu Ala Phe Glu Lys Thr Lys Ile Thr Phe His Phe Val Leu

275 280 285

Asn Ala Ser Ser Glu Lys Phe Phe Leu Gln Gly Val Asn Val Ser Thr

290 295 300

Thr Leu Pro Ser Glu Ala Lys Ala Pro Thr Phe Glu Ala Ser Asn Asp

305 310 315 320

Ser Met Ser Glu Ser Arg Ala Thr Val Gly Asn Ser Tyr Lys Cys Ser

325 330 335

Ala Glu Glu Asn Phe Gln Val Thr Asp Lys Ala Leu Val Asn Val Phe

340 345 350

Asn Val Gln Val Gln Ala Phe Lys Val Asp Gly Asp Lys Phe Gly Ala

355 360 365

Met Glu Glu Cys Gln Leu Asp Glu Asn Asn Met Leu Ile Pro Ile Ile

370 375 380

Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Ile Ala Tyr

385 390 395 400

Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

405 410

<210> 16

<211> 413

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 16

Met Ala Ala Pro Gly Gly Ala Trp Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15
Leu Leu Leu Gly Leu Ala Arg Gly Ala Ser Ala Val Phe Val Val Ser

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

85 90 95
Leu Thr Leu Ser Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Ser Val Gln Leu
100 105 110
Met Thr Leu Val Tyr Asn Leu Ser Asp Ala Glu Phe Phe Pro Ser Ala
115 120 125
Ser Ser Lys Gly Thr Lys Thr Val Ala Ala Ser Thr Asp Ile Arg Ala
130 135 140
Asp Leu Asn Thr Lys Tyr Arg Cys Val Ser Asn Ser Gln Val His Leu

145 150 155 160
Leu Asn Val Thr Val Thr Leu Gly Asn Ala Thr Ile Gln Ala Tyr Leu
165 170 175
Ala Asn Asn Ser Phe Ser Gln Gln Glu Thr Arg Cys Glu Gln Asp Lys
180 185 190
Pro Ser Pro Pro Thr Pro Thr Ala Pro Pro Thr Pro Thr Pro Thr Pro
195 200 205
Ala Pro Thr Ser Pro Val Val Ser Arg Tyr Asn Val Ser Gly Ala Asn

210 215 220
Gly Thr Cys Leu Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu Asn Val Thr Tyr
225 230 235 240
Arg Thr Lys Asp Asn Thr Thr Val Thr Arg Gly Leu Asn Ile Asn Pro

245 250 255

Asn Lys Thr Thr Phe Gly Gly Ser Cys Ser Ala Gln Leu Val Thr Leu

260 265 270

Glu Leu Gln Gly Glu Ser Leu Arg Leu Leu Ala Leu Gln Phe Ala Leu

275 280 285

Asn Thr Ser Ser Ser Arg Val Phe Leu Gln Gly Val Gln Leu Asn Met

290 295 300

Thr Leu Pro Asp Ala Arg Asp Pro Ser Phe Ser Ala Ala Asn Ser Ser

305 310 315 320

Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Ala Gly Asn Ser Tyr Lys Cys Arg Ser

325 330 335

Glu Gln Arg Leu Gln Val Thr Glu Ala Phe Ala Leu Asn Val Phe Gln

340 345 350

Val Arg Val Gln Ala Phe Arg Val Asp Gly Asp Lys Phe Gly Pro Ala

355 360 365

Glu Glu Cys Gln Leu Asp Glu Asn Ser Met Leu Ile Pro Ile Ala Val

370 375 380

Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Val Val Leu Met Ala Tyr Leu

385 390 395 400

Val Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

405 410

<210> 17

<211> 422

<212> PRT

<213> Monodelphis domestica

<400> 17

Met Ala Glu Pro Gly Gly Ala Arg Thr Pro Gln Arg Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Leu Gly Leu Ile His Val Ala Ser Ser Ile Phe Val Val Lys Asn

20 25 30

Gly Thr Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asn Phe Ser Ala Thr Phe Ser

35 40 45

Met Asn Tyr Thr Thr Lys Ser Gly Leu Glu Ser Thr Thr Phe Arg Leu
50 55 60
Pro Gln Asn Ala Ser Val Met Asn Ser Ser Ser Cys Gly Lys Glu Asn
65 70 75 80
Thr Ser Asn Pro Ile Leu Glu Ile Gly Phe Gly Gly Gly His Thr Leu
85 90 95
Thr Met Asn Phe Ser Ser Thr Thr Gln Ser Tyr Gln Val Glu Leu Leu
100 105 110

Ser Phe Ser Tyr Asn Leu Ser Asp Ala Thr Leu Phe Pro Asn Ala Ser
115 120 125
Lys Gly Ser Glu Glu Ser Ser Val Lys Ser Lys Thr Asp Ile Gln Ala
130 135 140
Asp Ile His Lys Lys Tyr Arg Cys Val Ser Ser Asn Arg Ile Thr Met
145 150 155 160
Ser Asn Val Thr Ile Val Leu Ser Asp Val Thr Ile Gln Ala Tyr Leu
165 170 175

Ser Asn Asn Thr Phe Ser Lys Glu Glu Thr Arg Cys Ser Gln Asp Thr
180 185 190
Pro Ser Pro Ser Pro Val Pro Thr Thr His Pro Thr Thr Ile Pro Val
195 200 205
Pro Thr Pro Thr Pro Thr Arg Pro Pro Thr Pro Ala Glu Ile Pro Pro
210 215 220
Ile Phe Lys Tyr Asn Val Ser Asp Ala Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala
225 230 235 240

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

Ser Thr Leu Ala Phe Ser Phe Gly Met Asn Ala Thr Thr Ser Lys Phe
290 295 300

Phe Leu Arg Glu Ile Arg Phe His Lys Phe Phe Pro Asp Ala Lys Asp
305 310 315 320
Pro Ala Phe Gly Ala Val Asn Ser Ser Leu Lys Glu Leu Gln Ala Thr
325 330 335
Val Gly Asn Ser Tyr Lys Cys Asn Ala Glu Glu Asn Val His Val Thr
340 345 350
Asp Gly Phe Ser Val Asn Ile Phe Arg Val Arg Val Gln Ala Phe Lys
355 360 365

Val Glu Gly Asp Lys Phe Gly Ser Val Glu Glu Cys Leu Leu Asp Glu
370 375 380
Asn Asn Met Leu Ile Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu
385 390 395 400
Val Leu Ile Val Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His
405 410 415
Ala Gly Tyr Gln Thr Ile
420

<210> 18
<211> 415
<212> PRT
<213> Meleagris gallopavo
<400
> 18
Met Ala Arg Ala Leu Leu Ala Ala Val Leu Leu Gly Phe Leu Gln Ala
1 5 10 15
Ser Ser Ser Phe Asp Val Arg Asp Ser Thr Gly Lys Val Cys Ile Ile
20 25 30
Ala Asn Leu Thr Val Ala Phe Ser Val Glu Tyr Lys Ser Asn Gly Gln
35 40 45
Lys Gln Phe Ala His Phe Phe Leu Pro Gln Asn Ala Thr Ser Gln Ser
50 55 60

```
His Ser Ser Cys Gly Glu Gly Asn Thr Ser His Pro Ile Leu Ala Leu
65                  70                  75                  80
Ser Phe Gly Ala Gly His Leu Leu Ser Leu Asn Phe Ser Lys Thr Leu
                85                  90                  95
Asp Lys Tyr Gln Val Glu Glu Leu Thr Phe His Tyr Asn Leu Ser Asp
            100                 105                 110
Glu Thr Leu Phe Pro Asn Ala Ser Glu Gly Lys Val Met Glu Val Thr
        115                 120                 125

Gln Lys Ser Val Ile Gln Ala Arg Ile Gly Thr Glu Tyr Arg Cys Ile
    130                 135                 140
Asn Ser Lys Tyr Ile Tyr Ile Arg His Val Asn Ile Thr Phe Ser Asn
145                 150                 155                 160
Val Thr Leu Glu Ala Tyr Pro Thr Asn Gly Thr Phe Ser Thr Asn Lys
                165                 170                 175
Thr Glu Cys Ser Glu Asp Met Val Ser Thr Thr Thr Val Ala Pro Thr
            180                 185                 190

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

Val Pro His Asn Thr Asn Ala Ser Gly Thr Cys Glu Asn Thr Ser Ala
            260                 265                 270
Phe Leu Asn Leu Ala Phe Glu Lys Thr Lys Ile Thr Phe His Phe Val
        275                 280                 285
Leu Asn Ala Ser Ser Glu Lys Phe Phe Leu Gln Gly Val Asn Val Ser
    290                 295                 300
Thr Thr Leu Pro Ser Glu Ala Lys Ala Pro Met Phe Glu Ala Ser Asn
```

305 310 315 320

Asp Ser Met Ser Glu Leu Arg Ala Thr Val Gly Asn Ser Tyr Lys Cys
325 330 335
Ser Ala Glu Glu Asn Leu Gln Val Thr Asp Lys Ala Leu Val Asn Val
340 345 350
Phe Asn Val Gln Val Gln Ala Phe Lys Val Asp Gly Asp Lys Phe Gly
355 360 365
Ala Val Glu Glu Cys Gln Leu Asp Glu Asn Asn Met Leu Ile Pro Ile
370 375 380

Ile Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Ile Ala
385 390 395 400
Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile
405 410 415

<210> 19
<211> 415
<212> PRT
<213> Taeniopygia guttata
<400> 19

Met Ala Arg Gly Leu Leu Ala Ala Ala Ala Leu Leu Gly Phe Leu Gln
1 5 10 15
Ala Ser Ser Ser Phe Glu Val Lys Asp Ser Ser Gly Lys Val Cys Ile

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

85 90 95
Ala Asp Lys Tyr Gln Val Glu Glu Leu Val Phe His Tyr Asn Leu Ser

100 105 110

Asp Ala Thr Leu Phe Pro Asn Ser Ser Thr Gly Gly Met Lys Thr Val

115 120 125

Ser His Lys Ser Ile Ile Gln Ala His Met Gly Thr Gln Tyr Arg Cys

130 135 140

Ile Asn Ser Lys His Ile Asn Met Lys Asn Val Asn Val Thr Phe Ser

145 150 155 160

Asn Val Thr Leu Glu Ala Tyr Leu Thr Asn Gly Thr Leu Ser Val Asn

165 170 175

Lys Thr Glu Cys Ala Glu Asp Arg Val Ser Thr Thr Thr Met Val Pro

180 185 190

Thr Thr Pro Lys Gln Thr Thr Ser Gln Ser Pro Thr Thr Gly Pro Ala

195 200 205

Pro Thr Ser Pro Pro Asn Pro Thr Val Gly Lys Tyr Asn Val Thr Gly

210 215 220

Pro Asn Gly Thr Cys Val Leu Ala Tyr Met Gly Leu Gln Leu Asn Ile

225 230 235 240

Thr Tyr Gln Gln Lys Asp Glu Lys Met Gly Leu Asp Leu Leu Asn Phe

245 250 255

Val Pro His Asn Thr Thr Ser Ser Gly Arg Cys Asp Asn Thr Ser Ala

260 265 270

Leu Leu Asn Leu Thr Phe Glu Lys Thr Arg Val Ile Phe Gln Phe Ala

275 280 285

Leu Asn Ala Thr Ala Glu Lys Phe Phe Leu Gln Gly Val Ser Val Ser

290 295 300

Thr Thr Leu Pro Ser Glu Ala Lys Asn Pro Lys Phe Glu Ala Thr Asn

305 310 315 320

Asn Ser Met Ser Glu Leu Arg Ala Ser Val Gly Asn Ser Tyr Lys Cys

325 330 335

Ser Ser Glu Glu Asn Leu Gln Val Thr Asp Gln Ala Leu Val Asn Val

340 345 350

Phe Asn Val Gln Val Gln Ile Phe Lys Ile Asp Gly Asp Lys Phe Gly
355 360 365
Pro Val Glu Glu Cys Gln Leu Asp Glu Asn Asn Met Leu Ile Pro Ile
370 375 380
Ile Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Ile Ala
385 390 395 400
Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

405 410 415

<210> 20
<211> 418
<212> PRT
<213> Anolis carolinensis
<400> 20
Met Val Ser Ser Ser Ser Cys Arg Arg Gly Leu Leu Leu Ala Ala Val
1 5 10 15
Leu Leu Gly Phe Leu Gln Ala Ser Ser Thr Phe Glu Val Arg Asp Lys
20 25 30
Thr Gly Lys Ile Cys Ile Leu Ala Asn Phe Ser Ala Glu Phe Thr Val
35 40 45

Asp Tyr Ser Thr Lys Ala Lys Val Glu Arg Lys Thr Phe Gln Leu Pro
50 55 60
Ser Ser Ala His Ile Asn Lys Glu Ser Ser Ser Cys Gly Lys Glu Lys
65 70 75 80
Glu Thr Ser Gln Val Leu Val Val Glu Phe Gly Thr Gly Asn Ser Leu
85 90 95
Thr Phe Thr Phe Glu Lys Ser Asn Asp Phe Tyr His Val Ser Asn Leu
100 105 110

Thr Phe Ser Tyr Asn Leu Ser Asp Ser Ser Phe Phe Pro Asn Ser Ser
115 120 125
Gly Gly Gln Arg Glu Val Ser Arg Ala Gly Asp Ile Gln Ala Asn Ile
130 135 140
Asn Thr Thr Tyr Arg Cys Arg Ser Asn His Arg Val Asn Met Thr Asn

145 150 155 160

Val Thr Val Leu Phe Ser Asn Val Thr Leu Glu Ala Tyr Leu Pro Asn

165 170 175

Asn Ala Phe Ser Lys Asn Asp Ser Val Cys Ala Glu Asp Lys Thr Ser

180 185 190

Thr Val Ala Pro Pro Ile Thr Thr His Ile Pro Thr Thr Thr Ser Leu

195 200 205

Ala Pro Pro Thr Pro Pro Pro Thr Asp Thr Pro Lys Ile Gly Arg Tyr

210 215 220

Asn Val Thr Gly Leu His Gly Ile Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu

225 230 235 240

Gln Val Asn Val Thr Tyr Ser Thr Lys Asn Lys Thr Ser Lys Ser Glu

245 250 255

Leu Leu Asn Leu Pro Pro Thr Ala Glu Val Ser Gly Thr Cys Glu Asn

260 265 270

Ser Ser Ile Thr Leu Asn Leu Thr Ser Glu Ser Thr Ser Leu Ser Phe

275 280 285

Gln Phe Ser Gln Asn Thr Ser Thr Glu Lys Tyr Phe Leu Gln Gly Ile

290 295 300

Ile Val Thr Ala Asn Leu Pro Pro Glu Ala Thr Glu Lys Asn Ile Ser

305 310 315 320

Tyr Ser Asn His Thr Leu Asn Ala Leu Lys Thr Ser Val Gly Lys Ser

325 330 335

Tyr Lys Cys Ile Ala Glu Glu Ser Ile Trp Ile Ser Gly Lys Ala Ala

340 345 350

Val Asn Ile Phe Asn Ile Gln Leu Gln Ala Phe Lys Ile Pro Gly Asp

355 360 365

Lys Phe Gly Ala Val Glu Glu Cys Gln Leu Asp Glu Asn Asn Met Leu

370 375 380

Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val

385 390 395 400

Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln

405 410 415

Thr Ile

<210> 21

<211> 418

<212> PRT

<213> Oryzias latipes

<400> 21

Met Lys Ser Phe Pro Ser Phe Val Ala Leu Phe Ile Val Cys Ser Ala

1 5 10 15

Val Leu Ala Asp Thr Gln Ala Val Val Thr Leu Glu Val Lys Glu Gly

20 25 30

Asn Ser Thr Cys Ile Lys Ala Glu Phe Ser Ala Val Phe Ser Ile Thr

35 40 45

Tyr Asn Thr Thr Asn Asp Thr Arg Thr Val Ser Val Phe Leu Pro Asn

50 55 60

Ser Thr Thr Val Asp Ser Ala Asn Ser Ser Cys Gly Ser Asn Gly Ser

65 70 75 80

Thr Pro Gly Leu Met Ala Lys Phe Gly Pro Gly His Tyr Phe Gly Met

85 90 95

Asn Phe Ser Thr Asn Gly Ser Leu Tyr Ser Val Asp Thr Leu Phe Leu

100 105 110

Arg Tyr Asn Leu Ser Asp Ala Ser Leu Phe Pro Glu Ala Asn Ser Ser

115 120 125

Gly Pro Val Asp Phe Glu Leu Ser Ala Ser Val Gly Ile Trp Ala Pro

130 135 140

Thr Asn Thr Thr Tyr Arg Cys Leu Ser Pro Thr Thr Ile Thr Ile Thr

145 150 155 160

Arg Pro Ser Val Thr Phe Ser Glu Met Lys Leu Glu Ala Tyr Met Pro

165 170 175

Gly Asn Asp Phe Ser Pro Ala Glu Arg Val Cys Ala Ala Asp Gln Thr

180 185 190

Thr Thr Gly Ala Pro Thr Thr Thr Thr Ser Ala Ala Thr Pro Thr Thr

195 200 205

Pro Ser Pro Thr Pro Ala Gly Thr Pro Glu Gln Gly Ser Tyr Ser Val

210 215 220

Lys Asn Ala Ser Gly Thr Val Cys Leu Met Ala Lys Met Gly Val Gln

225 230 235 240

Leu Asn Val Ser Tyr Phe Ser Gln Ser Gln Asn Lys Thr Val Gln Glu

245 250 255

Leu Leu Asn Leu Thr Pro Asn Leu Thr Ser Ser Ser Gly Leu Cys Gly

260 265 270

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

275 280 285

Ser Phe Leu Phe Thr Val Asn Ser Thr Ser Asn Lys Tyr His Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Thr Leu Gln Ala Asn Trp Thr Asp Met Met Ser Pro Phe Ser

305 310 315 320

Ala Ser Asn Thr Ser Leu Asp Tyr Leu Arg Ser Ser Leu Gly His Ser

325 330 335

Tyr Met Cys Asn Ala Glu Gln Thr Leu Phe Val Val Ser Thr Phe Ser

340 345 350

Ile Asn Met Phe Glu Leu Gln Val Gln Pro Phe Gly Val Thr Ser Thr

355 360 365

Gln Phe Ala Ser Ala Glu Val Cys Gln Ile Asp Gln Asp Gln Met Leu

370 375 380

Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val

385 390 395 400

Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln

405 410 415

Thr Ile

<210> 22

<211> 420

<212> PRT

<213> Takifugu rubripes

<400> 22

Met Lys Arg Ser His Ala Leu Val Val Leu Ile Ile Ala Trp Phe Ser
1 5 10 15

Leu Ser Gly Cys Ile Gln Ala Val Ser Leu Glu Val Lys Glu Gly Asn
20 25 30

Ser Thr Cys Ile Lys Ala Asn Leu Ser Ala Tyr Phe Ser Ile Thr Tyr
35 40 45

Asn Thr Ser Ser Ser Thr Arg Thr Ala Gln Phe Ile Leu Pro Asp Ser
50 55 60

Ala Thr Val Asp Pro Asp Ser Ser Thr Cys Gly Gly Asn Gly Ser Ser
65 70 75 80

Pro Trp Leu Val Ala Val Phe Gly Ala Gly His Ala Leu Gly Leu Gly
85 90 95

Phe Ser Thr Asn Gly Ser Phe Tyr Ser Val Ala Asn Leu Thr Leu Gln
100 105 110

Tyr Asn Leu Ser Asp Ala Ser Val Phe Pro Asp Ala Asn Ser Ser Gly
115 120 125

Val Val Thr Val Val Ser Ser Ser Val Gly Ile Trp Ala Ala Val Asn
130 135 140

Thr Thr Tyr Arg Cys Leu Ser Ser Val Leu Phe Gln Val Gly Gly Ala
145 150 155 160

Thr Val Thr Phe Ser Asp Met Arg Leu Glu Ala Tyr Met Pro Gly Asn
165 170 175

Asp Leu Ser Pro Arg Glu Ser Phe Cys Ala Ala Asp Gln Thr Thr Thr
180 185 190

Ala Pro Pro Thr Thr Thr Ala Ala Pro Thr Thr Thr Ala Ala Thr Thr
195 200 205

Met Ala Pro Pro Ala Pro Thr Pro Pro Gly Thr Pro Val Arg Gly Thr
210 215 220

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

Ile Leu Ile Phe Thr Phe Ser Leu Asn Ser Thr Ser Ser Lys Tyr His
290 295 300
Leu Ser Gly Leu Ser Leu Gln Ala Asn Trp Ser Asp Met Ala Ala Ala
305 310 315 320
Phe Ser Ala Ser Asn Ala Ser Leu Ser Tyr Leu Arg Ser Thr Phe Gly
325 330 335
His Ser Tyr Met Cys Asn Ala Glu Gln Ile Leu Ala Val Thr Pro Val
340 345 350

Phe Ser Leu Asn Thr Phe Ser Leu Gln Ile Gln Pro Phe Gly Val Thr
355 360 365
Thr Asn Gln Phe Ala Ala Ala Glu Glu Cys Gln Met Asp Gln Asp Gln
370 375 380
Met Leu Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala Ser Leu Ala Gly Leu Val Leu
385 390 395 400
Ile Val Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Lys Ser His Ala Gly
405 410 415

Tyr Gln Thr Ile
420

<210> 23
<211> 419
<212> PRT
<213> Salmo salar
<400> 23
Met Thr Arg Thr Cys Pro Phe Val Val Gly Ile Ala Cys Phe Ala Ile

1 5 10 15

Leu Gly Cys Val Thr Val Val Gln Ser Gln Val Thr Leu Glu Val Thr

20 25 30

Glu Gly Asn Ser Thr Cys Ile Lys Ala Glu Leu Ser Ala Ser Phe Ser

35 40 45

Ile Thr Tyr Asp Thr Ala Asn Gly Thr Arg Thr Val Met Val Pro Leu

50 55 60

Pro Gly Ser Ala Val Val Gly Val Ala Ser Ser Cys Gly Gly Asp Gly

65 70 75 80

Arg Ser Pro Trp Leu Val Ala Leu Phe Gly Asp Gly His Ala Leu Gly

85 90 95

Leu Gly Phe Ser Ser Asn Asp Ser Leu Tyr Ser Val Ala Lys Leu Thr

100 105 110

Leu Gln Tyr Asn Leu Ser Asp Val Ser Asn Phe Pro Glu Ala Asn Ser

115 120 125

Thr Asp Val Val Thr Val Glu Thr Thr Ser Val Gly Met Val Ala Arg

130 135 140

Val Asn Thr Thr Tyr Arg Cys Ile Ser Ala Ser Pro Val Ile Val Gly

145 150 155 160

Gly Ala Thr Val Thr Phe Ser Asn Val Thr Met Glu Ala Phe Met Thr

165 170 175

Gly Glu Asp Leu Ser Pro Asn Glu Ser Val Cys Thr Ala Asp Gln Ser

180 185 190

Phe Thr Thr Ala Pro Pro Pro Pro Pro Ser Thr Thr Thr Ala Ala Pro

195 200 205

Ala Pro Val Pro Thr Pro Pro Gly Thr Pro Ser Gln Gly Ser Tyr Ser

210 215 220

Val Ser Asn Ser Asn Gly Thr Val Cys Leu Leu Ala Arg Met Ala Leu

225 230 235 240

Gln Leu Asn Ile Ser His Phe Ser Ala Ser Gln Asn Lys Thr Ile Gln

245 250 255

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

305 310 315 320
Asn Thr Ser Asn Ser Ser Leu Asp Tyr Gln Arg Gly Ser Leu Gly Arg
325 330 335
Ser Tyr Met Cys Ile Ser Glu Gln Thr Leu Val Val Asp Gln Asn Phe
340 345 350
Ser Leu Asn Thr Phe Gln Leu Gln Val Gln Pro Phe Gly Ile Thr Arg
355 360 365
Gly Gln Phe Ala Gln Ala Glu Glu Cys Gln Leu Asp Gln Asp Asn Met

370 375 380
Leu Ile Pro Ile Val Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile
385 390 395 400
Val Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr
405 410 415
Gln Thr Ile

<210> 24
<211> 247
<212> PRT
<213> Oreochromis niloticus
<400> 24
Met Val Gln Ile Cys Arg Val Gln Ser Trp Phe Val Gly Val Thr Pro
1 5 10 15

Leu Leu Ile Phe Ala Thr Val Leu His Gln Gly Phe Ala Thr Val Ala
20 25 30
Pro Pro Thr Pro Ala Pro His Lys Glu Pro Gly Arg Pro Glu Arg Gly
35 40 45

Tyr Tyr Asn Val Thr Asn His Asn Gly Thr Ile Cys Leu Met Ala Tyr
50 55 60
Met Gly Leu Gln Leu Asn Ile Ser Tyr Asn Ser Thr Ser Gln Lys Lys
65 70 75 80

Val Val Gln Asp Val Met Asn Leu Gln Pro Asn Leu Thr Lys His Ser
85 90 95
Gly Leu Cys Asp Ser Asp Ile Ala Ser Leu Asn Leu Thr Val Asp Ala
100 105 110
Val Lys Thr Asn Leu Thr Phe Val Phe Thr Met Asn Ser Thr Ser Asn
115 120 125
Lys Tyr His Leu Ser Glu Val Thr Val Ser Ala Ala Trp Pro Glu Met
130 135 140

Lys Glu Pro Val Ser Val His Asn Ser Ser Leu Asp Tyr Leu Arg Gly
145 150 155 160
Thr Val Gly Tyr Ser Tyr Phe Cys Arg Asp Glu Gln Thr Leu Asn Val
165 170 175
Ala Gln Asn Leu Ser Ile Asn Thr Phe Gln Leu Gln Val Gln Pro Phe
180 185 190
Ala Val Lys Gly Asp Gln Phe Gly Ala Ala Glu Glu Cys Gln Leu Asp
195 200 205

Glu Asp Asp Met Leu Ile Pro Ile Val Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly
210 215 220
Leu Val Val Ile Val Leu Leu Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys Arg Ser
225 230 235 240
His Ala Gly Tyr Gln Ser Ile
245

<210> 25
<211> 415
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 25
Met Cys Leu Ser Pro Val Lys Gly Ala Lys Leu Ile Leu Ile Phe Leu

1 5 10 15

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

Ser Ala Lys Ile Met Ile Gln Phe Gly Phe Ala Val Ser Trp Ala Val
85 90 95
Asn Phe Thr Lys Glu Ala Ser His Tyr Ser Ile His Asp Ile Val Leu
100 105 110
Ser Tyr Asn Thr Ser Asp Ser Thr Val Phe Pro Gly Ala Val Ala Lys
115 120 125
Gly Val His Thr Val Lys Asn Pro Glu Asn Phe Lys Val Pro Leu Asp
130 135 140

Val Ile Phe Lys Cys Asn Ser Val Leu Thr Tyr Asn Leu Thr Pro Val
145 150 155 160
Val Gln Lys Tyr Trp Gly Ile His Leu Gln Ala Phe Val Gln Asn Gly
165 170 175
Thr Val Ser Lys Asn Glu Gln Val Cys Glu Glu Asp Gln Thr Pro Thr
180 185 190
Thr Val Ala Pro Ile Ile His Thr Thr Ala Pro Ser Thr Thr Thr Thr
195 200 205

Leu Thr Pro Thr Ser Thr Pro Thr Pro Thr Pro Thr Pro Thr Pro Thr
210 215 220
Val Gly Asn Tyr Ser Ile Arg Asn Gly Asn Thr Thr Cys Leu Leu Ala
225 230 235 240
Thr Met Gly Leu Gln Leu Asn Ile Thr Glu Glu Lys Val Pro Phe Ile
245 250 255

Phe Asn Ile Asn Pro Ala Thr Thr Asn Phe Thr Gly Ser Cys Gln Pro
260 265 270

Gln Ser Ala Gln Leu Arg Leu Asn Asn Ser Gln Ile Lys Tyr Leu Asp
275 280 285

Phe Ile Phe Ala Val Lys Asn Glu Lys Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val
290 295 300

Asn Val Tyr Met Tyr Leu Ala Asn Gly Ser Ala Phe Asn Ile Ser Asn
305 310 315 320

Lys Asn Leu Ser Phe Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys
325 330 335

Asn Lys Glu Gln Val Leu Ser Val Ser Arg Ala Phe Gln Ile Asn Thr
340 345 350

Phe Asn Leu Lys Val Gln Pro Phe Asn Val Thr Lys Gly Gln Tyr Ser
355 360 365

Thr Ala Gln Glu Cys Ser Leu Asp Asp Asp Thr Ile Leu Ile Pro Ile
370 375 380

Ile Val Gly Ala Gly Leu Ser Gly Leu Ile Ile Val Ile Val Ile Ala
385 390 395 400

Tyr Leu Ile Gly Arg Arg Lys Thr Tyr Ala Gly Tyr Gln Thr Leu
405 410 415

<210> 26

<211> 415

<212> PRT

<213> Xenopus laevis

<400> 26

Met Gly Asp Thr Gly Ala Met Glu Arg Cys Ala Cys Pro Ala Ala Val
1 5 10 15

Leu Leu Leu Ser Leu Val Leu Met Gly Ala Thr Ala Phe Glu Val Glu
20 25 30

Ile Lys Asp Asp Lys Asn Ala Thr Cys Ile Tyr Ala Lys Leu Ser Val

35 40 45

Asn Ile Thr Val Gln Tyr Glu Thr Asp Thr Ser Ser Ser Lys Asn Ile
50 55 60
Thr Phe Pro Val Pro Ser Asp Val Thr Thr Asn Gly Ser Ser Cys Gly
65 70 75 80
Ser Asp Gly Lys Ala Pro Leu Leu Val Ile Asn Phe Gly Asn Ser Gln
85 90 95
Ser Trp Ser Leu Asn Phe Thr Arg Asn Asn Ser Thr Tyr Ser Gly Ser

100 105 110
Ala Leu Ile Phe Thr Tyr Asn Thr Asn Asp Thr Ile Leu Phe Pro Asp
115 120 125
Ala Leu Arg Lys Gly Leu Ile Ser Ser Thr Ala Met Phe Leu Gly Pro
130 135 140
Val Pro Leu Asn Ser Thr Tyr Lys Cys Ile Ser Arg Glu Val Val Val
145 150 155 160
Ser Glu Asn Val Thr Gln Ile Ile Tyr Asp Val Lys Leu Glu Ala Phe

165 170 175
Met Ala Asn Gly Thr Leu Gly Lys Glu Ile Ile Cys Asp Ala Asp Lys
180 185 190
Pro Ser Pro Val Pro Ser Pro Thr Gln Pro Ser Thr Thr Ala Ser Thr
195 200 205
Ala Ile Pro Ala Pro Thr Ser Lys Pro Leu Asp Lys Pro Thr Met Gly
210 215 220
Asn Tyr Thr Val Ser Asp Ala Ser Gly Ile Cys Leu Leu Ala Ser Met

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

290 295 300

Val Asn Ile Thr Leu Ile Asn Gly Ser Ala Phe Ser Ser Arg Gln Asn

305 310 315 320

Gln Asn Leu Ser Thr Trp Glu Ala Ser Val Asp Ser Ser Tyr Met Cys

325 330 335

His Lys Glu Gln Gln Ile Lys Val Ser Glu Asp Leu Phe Ile Asn Ala

340 345 350

Phe Asp Val Arg Val Gln Pro Phe Gly Val Asn Asn Gly Thr Phe Ala

355 360 365

Thr Ala Glu Asp Cys Phe Ala Asp Gln Asn Phe Ile Val Pro Ile Val

370 375 380

Val Gly Ala Ala Leu Gly Val Leu Val Val Leu Val Met Val Ala Tyr

385 390 395 400

Phe Ile Gly Arg Arg Lys Gln Ser Ser Ala Gly Tyr Glu Gln Met

405 410 415

<210> 27

<211> 355

<212> PRT

<213> Danio rerio

<400> 27

Met Ala Val Arg Gly Phe Leu Pro Leu Leu Phe Ile Leu Leu Ser Gly

1 5 10 15

Ile Val His Ala Asp Asp Met Met Thr Ser Pro Leu Pro Ser Thr Ala

20 25 30

Glu Leu Lys Thr Ala Asn Leu Pro Leu Val Ile Gln Thr Thr Ser Ser

35 40 45

Thr Thr Ser Thr Thr Thr Thr Ser Arg Pro Ser Ser Thr Ser Thr His

50 55 60

Ser Thr Leu Thr Thr Glu Pro Ala Ala Lys Thr Thr Thr Ala Arg Thr

65 70 75 80

Thr Val Thr Thr Ser Ala Pro Thr Ser Thr Gln Ser Thr Ser Ser Ser

85 90 95

Ser Thr Ser Ala Thr Val Thr Thr Leu Ala Pro Thr Thr Thr Gly His
100 105 110
Asn Thr Thr Asn Ser Thr Thr Glu Pro Pro Thr Thr Thr Gly His Asn
115 120 125

Thr Thr Asn Ser Thr Thr Asp Ala Pro Thr Thr Thr His Thr Asn Ala
130 135 140
Thr Val Ala Pro Thr Pro Pro Pro Thr Thr Pro Ser Val Pro Lys Pro
145 150 155 160
Thr Val Gly Asn Tyr Ser Val Lys Thr Asp Asn Val Ser Asp Cys Leu
165 170 175
Leu Ala Lys Met Gly Leu Gln Phe Ser Phe Lys Ile Ser Gly Asn Ala
180 185 190

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

Asn Asp Ser Asn Thr Asn Leu Ser Leu Trp Glu Ala Ser Val Gly Ser
260 265 270
Ser Tyr Met Cys Arg Lys Glu Gln Ser Tyr Asn Ile Ser Asp Lys Leu
275 280 285
Thr Leu Asn Thr Phe Glu Leu Gln Val Gln Pro Phe Asp Val Lys Lys
290 295 300
Asn Ser Phe Ser Thr Ala His Glu Cys Ser Leu Asp Asp Thr Ser Leu
305 310 315 320

Leu Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Ile Phe Ile
325 330 335
Val Val Ile Ala Tyr Val Ile Gly Arg Arg Arg Thr Tyr Val Gly Tyr

340 345 350

Gln Thr Leu

355

<210> 28

<211> 411

<212> PRT

<213> Papio anubis

<400> 28

Met Val Cys Phe Arg Leu Phe Pro Val Pro Gly Ser Gly Leu Val Leu

1 5 10 15

Val Cys Leu Val Leu Gly Ala Val Gln Ser Tyr Ala Leu Glu Leu Asn

20 25 30

Leu Thr Asp Ser Gly Lys Ala Thr Cys Leu Tyr Ala Lys Trp Gln Met

35 40 45

Asn Phe Thr Val Arg Tyr Glu Thr Thr Asn Lys Thr Tyr Lys Thr Val

50 55 60

Thr Ile Ser Asp Arg Gly Thr Val Thr Tyr Asn Gly Ser Ile Cys Gly

65 70 75 80

Asp Asp Gln Asn Gly Pro Lys Ile Ala Val Gln Phe Gly Pro Gly Phe

85 90 95

Ser Trp Ile Ala Asn Phe Ser Lys Ala Ala Ser Thr Tyr Ser Ile Asp

100 105 110

Ser Ile Ser Phe Ser Tyr Asn Thr Gly Asp Asn Thr Thr Phe Pro Asp

115 120 125

Ala Glu Asp Lys Gly Ile Ile Thr Val Asp Glu Leu Leu Ala Ile Lys

130 135 140

Ile Pro Leu Asn Asp Leu Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser Thr Leu Glu

145 150 155 160

Lys Asn Asp Val Val Gln Asn Tyr Trp Asp Val Leu Val Gln Ala Phe

165 170 175

Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Thr Asn Glu Phe Leu Cys Asp Glu Asp

180 185 190

Lys Thr Ser Thr Val Ala Pro Thr Ile His Thr Thr Val Pro Ser Pro
195 200 205
Thr Thr Thr Pro Thr Pro Lys Glu Lys Pro Glu Ala Gly Thr Tyr Ser

210 215 220
Val Asn Asn Gly Asn Asp Thr Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu Gln
225 230 235 240
Leu Asn Ile Thr Gln Asp Lys Val Ala Ser Val Ile Asn Ile Asn Pro
245 250 255
Asn Thr Thr His Ser Thr Gly Ser Cys Arg Ser His Thr Ala Leu Leu
260 265 270
Arg Leu Asn Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Leu Asp Phe Val Phe Ala Val

275 280 285
Lys Asn Glu Asn Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val Asn Val Ser Met Tyr
290 295 300
Leu Val Asn Gly Ser Val Phe Ser Ile Ala Asn Asn Asn Leu Ser Tyr
305 310 315 320
Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln Thr
325 330 335
Val Ser Val Ser Gly Ala Phe Gln Ile Asn Thr Phe Asp Leu Arg Val

340 345 350
Gln Pro Phe Asn Val Thr Gln Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Glu Glu Cys
355 360 365
Ser Ala Asp Ser Asp Leu Asn Phe Leu Ile Pro Val Ala Val Gly Val
370 375 380
Ala Leu Gly Phe Leu Ile Ile Val Val Phe Ile Ser Tyr Met Ile Gly
385 390 395 400
Arg Arg Lys Ser Arg Thr Gly Tyr Gln Ser Val
405 410

<210> 29
<211> 410
<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<400> 29

Met Val Cys Phe Arg Leu Phe Pro Val Pro Gly Ser Gly Leu Val Leu
1 5 10 15

Val Cys Leu Val Leu Gly Ala Val Gln Ser Tyr Ala Leu Glu Leu Asn
20 25 30

Leu Thr Asp Ser Gly Lys Ala Thr Cys Leu Tyr Ala Lys Trp Gln Met
35 40 45

Asn Phe Thr Val Arg Tyr Glu Thr Thr Asn Lys Thr Tyr Lys Thr Val
50 55 60

Thr Ile Ser Asp Arg Gly Thr Val Thr Tyr Asn Gly Ser Ile Cys Gly
65 70 75 80

Asp Asp Gln Asn Gly Pro Lys Ile Ala Val Gln Phe Gly Pro Gly Phe
85 90 95

Ser Trp Ile Ala Asn Phe Ser Lys Ala Ala Ser Thr Tyr Ser Ile Asp
100 105 110

Ser Ile Ser Phe Ser Tyr Asn Thr Gly Asp Asn Thr Thr Phe Pro Asp
115 120 125

Ala Glu Asp Lys Gly Ile Ile Thr Val Asp Glu Leu Leu Ala Ile Lys
130 135 140

Ile Pro Leu Asn Asp Leu Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser Thr Leu Glu
145 150 155 160

Lys Asn Asp Val Val Gln Asn Tyr Trp Asp Val Leu Val Gln Ala Phe
165 170 175

Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Thr Asn Glu Phe Leu Cys Asp Glu Asp
180 185 190

Lys Thr Ser Thr Val Ala Pro Thr Ile His Thr Thr Val Pro Ser Pro
195 200 205

Thr Thr Thr Pro Thr Pro Lys Glu Lys Pro Glu Ala Gly Thr Tyr Ser
210 215 220

Val Asn Asn Gly Asn Glu Thr Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu Gln
225 230 235 240

Leu Asn Ile Thr Gln Asp Lys Val Ala Ser Val Ile Asn Ile Asn Pro

245 250 255

Asn Thr Thr His Ser Thr Gly Ser Cys Arg Ser His Thr Ala Leu Leu

260 265 270

Arg Leu Asn Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Leu Asp Phe Val Phe Ala Val

275 280 285

Lys Asn Glu Asn Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val Asn Val Ser Met Tyr

290 295 300

Leu Val Asn Gly Ser Val Phe Ser Ile Ala Asn Asn Asn Leu Ser Tyr

305 310 315 320

Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln Thr

325 330 335

Val Ser Val Ser Gly Ala Phe Gln Ile Asn Thr Phe Asp Leu Arg Val

340 345 350

Gln Pro Phe Asn Val Thr Gln Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Gln Asp Cys

355 360 365

Ser Ala Asp Asp Asp Asn Phe Leu Val Pro Ile Ala Val Gly Ala Ala

370 375 380

Leu Ala Gly Val Leu Ile Leu Val Leu Leu Ala Tyr Phe Ile Gly Leu

385 390 395 400

Lys Arg His His Ala Gly Tyr Glu Gln Phe

405 410

<210> 30

<211> 364

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<220><221> SITE

<222> (200)..(200)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 30

Met Val Cys Phe Arg Leu Phe Pro Val Pro Gly Ser Gly Leu Val Leu

1 5 10 15

Val Cys Leu Val Leu Gly Ala Val Arg Ser His Ala Leu Glu Leu Asn

20 25 30

Glu Ala Asp Ser Ala Ile Asn Cys Ser Lys Cys Lys Thr Val Thr Ile

35 40 45

Ser Asp His Gly Thr Val Thr Tyr Asn Gly Ser Ile Cys Gly Asp Asp

50 55 60

Gln Asn Gly Pro Lys Ile Ala Val Gln Phe Gly Pro Gly Phe Ser Trp

65 70 75 80

Ile Ala Asn Phe Thr Lys Ala Ala Ser Thr Tyr Ser Ile Asp Ser Ile

85 90 95

Ser Phe Ser Tyr Asn Thr Gly Asp Asn Thr Thr Phe Pro Asp Ala Glu

100 105 110

Asp Lys Gly Ile Leu Thr Val Asp Glu Leu Leu Ala Ile Lys Ile Pro

115 120 125

Leu Asn Asp Leu Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser Thr Leu Glu Lys Asn

130 135 140

Asp Val Val Gln His Tyr Trp Asp Val Leu Val Gln Ala Phe Val Gln

145 150 155 160

Asn Gly Thr Val Ser Thr Asn Glu Phe Leu Cys Asp Lys Asp Lys Thr

165 170 175

Ser Thr Val Ala Pro Thr Val His Thr Thr Val Pro Ser Pro Thr Thr

180 185 190

Thr Pro Thr Arg Ile Pro Pro Xaa Val Ala Ser Val Ile Asn Ile Asn

195 200 205

Pro Asn Thr Thr His Ser Thr Gly Ser Cys Arg Ser His Thr Ala Leu

210 215 220

Leu Arg Leu Asn Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Leu Asp Phe Val Phe Ala

225 230 235 240

Val Lys Asn Glu Asn Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val Asn Ile Ser Met

245 250 255

Tyr Leu Val Asn Gly Ser Val Phe Ser Ile Ala Asn Asn Asn Leu Ser

260 265 270

Tyr Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln

275 280 285

Thr Val Ser Val Ser Gly Ala Phe Gln Ile Asn Thr Phe Asp Leu Arg

290 295 300

Val Gln Pro Phe Asn Val Thr Gln Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Glu Glu

305 310 315 320

Cys Ser Ala Asp Ser Asp Leu Asn Phe Leu Ile Pro Val Ala Val Gly

325 330 335

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

340 345 350

Gly Arg Arg Lys Ser Arg Thr Gly Tyr Gln Ser Val

355 360

<210> 31

<211> 411

<212> PRT

<213> Canis lupus familiaris

<400> 31

Met Val Cys Phe Arg Leu Ser Pro Ala Pro Gly Ser Gly Leu Val Leu

1 5 10 15

Leu Cys Leu Val Leu Gly Ala Val Ser Ser Tyr Ala Leu Glu Val Asn

20 25 30

Val Thr Asp Ser Glu Lys Ala Thr Cys Leu Tyr Ala Lys Trp Gln Met

35 40 45

Asn Phe Thr Ile Gln Tyr Asn Thr Thr Ser Lys Asn Phe Lys Thr Ala

50 55 60

Thr Ile Ser Asp Phe Ser Thr Ala Thr Tyr Asn Gly Ser Val Cys Gly

65 70 75 80

Asn Asp Gln Asn Asn Pro Lys Ile Val Val Gln Phe Gly Ser Gly Phe

85 90 95

Ser Trp Ile Val Asn Phe Thr Lys Lys Glu Ser Ala Tyr Leu Ile Asp
100 105 110
Ser Ile Ser Phe Ser Tyr Asn Leu Ser Asp Asn Ala Thr Phe Pro Asp
115 120 125
Ala Lys Glu Lys Gly Ile Leu Thr Val His Asp Leu Val Gly Phe Arg
130 135 140
Ile Pro Leu Asn Asn Ile Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser Thr Leu Glu

145 150 155 160
Lys Asn Gly Val Val Gln Tyr Tyr Trp Asp Val His Val Gln Ala Phe
165 170 175
Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Thr Lys Glu Phe Leu Cys Glu Lys Asp
180 185 190
Lys Thr Ser Thr Thr Val Val Pro Thr Ile Ser Thr Thr Thr Pro Ser
195 200 205
Pro Thr Thr Thr Pro Thr Pro Lys Glu Lys Pro Glu Val Gly Ser Tyr

210 215 220
Ser Val Asn Asn Ser Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu
225 230 235 240
Gln Leu Asn Ile Thr His Asn Lys Val Ala Ser Val Ile Asn Ile Asn
245 250 255
Pro Asn Thr Thr Asp Phe Thr Gly Ser Cys Gln Pro Gln Thr Ala Leu
260 265 270
Leu Arg Leu Asn Ser Ser Asn Ile Lys Tyr Leu Asp Phe Val Phe Ala

275 280 285
Val Lys Asn Glu Asn Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val Asn Val Ser Met
290 295 300
Tyr Leu Val Asn Gly Ser Val Phe Ser Ile Ala Asn Asn Asn Leu Ser
305 310 315 320
Tyr Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln
325 330 335
Thr Val Ser Val Ser Gly Ala Phe Gln Ile Asn Thr Phe Asp Leu Arg

340 345 350

Val Gln Pro Phe Asn Val Met Glu Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Gln Glu

355 360 365

Cys Ser Leu Asp Asp Asp Thr Ile Leu Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala

370 375 380

Gly Leu Ser Gly Leu Ile Ile Val Ile Val Ile Ala Tyr Leu Ile Gly

385 390 395 400

Arg Arg Lys Ser Tyr Ala Gly Tyr Gln Thr Leu

405 410

<210> 32

<211> 417

<212> PRT

<213> Equus caballus

<400> 32

Met Val Cys Phe Arg Leu Ser Pro Val Pro Gly Ser Gly Leu Val Leu

1 5 10 15

Leu Cys Leu Val Leu Gly Ala Val Ser Ser Tyr Ala Leu Glu Leu Asn

20 25 30

Leu Thr Asp Ser Glu Lys Ala Leu Cys Leu Tyr Ala Lys Trp Gln Met

35 40 45

Asn Phe Thr Ile Pro Tyr Glu Thr Thr Ser Lys Ser Tyr Lys Thr Val

50 55 60

Thr Ile Ser Asn Phe Gly Thr Pro Thr Tyr Asn Gly Ser Ile Cys Gly

65 70 75 80

Asp Asn Gln Asn Gly Ser Arg Ile Ala Val Gln Phe Gly Ser Gly Phe

85 90 95

Ser Trp Ile Val Asn Phe Thr Lys Ser Val Ser Val Tyr Ser Ile Asp

100 105 110

Ser Ile Ser Phe Ser Tyr Asn Thr Gly Asp Asn Thr Thr Phe Pro Asp

115 120 125

Ala Lys Asp Lys Gly Ile Leu Thr Val Asn Glu Ser Val Ala Phe Lys

130 135 140

Ile Pro Leu Asn Asp Ile Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser Ser Leu Val
145 150 155 160
Lys Asn Gly Val Val Gln Asn Tyr Trp Asp Val His Val Gln Ala Phe
165 170 175
Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Thr Asn Glu Tyr Leu Cys Glu Lys Asp

180 185 190
Asn Thr Thr Thr Thr Val Ala Pro Ile Val Pro Thr Thr Val Pro Ser
195 200 205
Pro Thr Thr Thr Ser Ser Pro Thr Thr Thr Pro Ser Pro Lys Glu Lys
210 215 220
Pro Asp Val Gly Ser Tyr Leu Val Lys Asn Gly Ser Asp Thr Cys Leu
225 230 235 240
Leu Ala Thr Met Gly Leu Gln Leu Asn Val Thr His Asp Lys Val Ala

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

305 310 315 320
Ala Asn Asn Asn Leu Ser Tyr Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr
325 330 335
Met Cys Asn Lys Glu Gln Thr Val Ser Val Ser Gly Glu Phe Gln Ile
340 345 350
Asn Thr Phe Asp Leu Arg Val Gln Pro Phe Asn Val Lys Asp Gly Lys
355 360 365
Tyr Ser Thr Ala Gln Asp Cys Arg Ala Asp Asp Asp Asn Phe Leu Val

370 375 380
Pro Ile Ala Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Val Leu Ile Leu Val Leu

385 390 395 400

Leu Ala Tyr Phe Ile Gly Leu Lys Arg His His Ala Gly Tyr Glu Gln

405 410 415

Phe

<210> 33

<211> 407

<212> PRT

<213> Bos taurus

<400> 33

Met Val Cys Phe Arg Leu Ala Pro Val Pro Gly Ser Gly Phe Leu Leu

1 5 10 15

Leu Cys Leu Val Leu Gly Ala Val Ser Ser Tyr Ala Leu Glu Leu Asn

20 25 30

Leu Thr Asp Ser Ser Asn Ala Thr Cys Leu Tyr Ala Lys Trp Gln Met

35 40 45

Asn Phe Thr Ile Arg Tyr Glu Thr Thr Asp Lys His Asn Lys Thr Val

50 55 60

Pro Ile Ser Asp Leu Gly Ala Ala Thr Tyr Asn Gly Ser Phe Cys Gly

65 70 75 80

Asp Asp Gln Asn Gly Pro Lys Ile Ala Val Gln Phe Gly Ser Gly Phe

85 90 95

Ser Trp Ile Val Asn Phe Thr Lys Glu Ala Ala Ser Pro Ser Thr Tyr

100 105 110

Leu Val Asp Thr Ile Ser Phe Ser Tyr Asn Thr Asn Asp Asn Lys Thr

115 120 125

Phe Pro Asp Ala Lys Glu Lys Glu Val Phe Thr Val Asn Asn Arg Val

130 135 140

Ala Leu Lys Ile Pro Leu Asn Asp Ile Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser

145 150 155 160

Thr Leu Glu Asn Arg Asp Val Val Gln His Tyr Trp Asp Val His Val

165 170 175

Gln Ala Phe Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Thr Thr Glu Phe Leu Cys

180 185 190

Asp Lys Asp Lys Thr Val Thr Thr Ala Val Pro Ile Val Pro Thr Thr

195 200 205

Leu Pro Ser Pro Thr Lys Pro Val Val Gly Ser Tyr Ser Val Val Asn

210 215 220

Ser Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu Gln Leu Asn Ile

225 230 235 240

Thr His Asp Lys Val Ala Ser Val Phe Asn Ile Asn Pro Asn Thr Thr

245 250 255

Asn Ala Thr Gly Ser Cys Gln Pro Gln Thr Ala Leu Leu Arg Leu Ser

260 265 270

Ser Ser Asn Ile Lys Tyr Leu Asp Phe Val Phe Ala Val Lys Asn Glu

275 280 285

Asn Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val Asn Val Ser Met Ile Leu Val Asn

290 295 300

Gly Ser Val Tyr Ser Ile Ser Asn Thr Asn Leu Ser Tyr Trp Asp Ala

305 310 315 320

Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln Thr Val Ser Val

325 330 335

Ser Gly Ala Phe Gln Ile Asn Thr Phe Asp Leu Arg Val Gln Pro Phe

340 345 350

Ser Val Thr Glu Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Gln Glu Cys Ser Leu Asp

355 360 365

Asp Asp Thr Ile Leu Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala Gly Leu Ser Gly

370 375 380

Leu Ile Ile Val Ile Val Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Arg Lys Ser

385 390 395 400

Tyr Ala Gly Tyr Gln Thr Leu

405

<210> 34

<211> 411

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 34

Met Val Cys Phe Arg Leu Ser Pro Val Pro Gly Ser Gly Leu Leu Met
1 5 10 15

Leu Cys Leu Val Leu Gly Ala Val Ser Ser Tyr Ala Leu Glu Leu Asn
20 25 30

Leu Thr Asn Ser Glu Lys Ala Thr Cys Leu Tyr Ala Lys Trp Gln Met
35 40 45

Asn Phe Thr Ile Arg Tyr Glu Thr Thr Asn Asn Ser His Lys Thr Val
50 55 60

Ser Ile Ser Asp Phe Gly Ala Ala Thr Tyr Asn Gly Ser Phe Cys Gly
65 70 75 80

Asp Asp His Asn Asp Pro Gln Ile Val Met Gln Phe Gly Ser Gly Phe
85 90 95

Ser Trp Ile Val Asn Phe Ala Lys Glu Ser Ser Ser Tyr Leu Ile Asn
100 105 110

Ser Ile Ser Phe Ser Tyr Asn Thr Ser Asp Thr Thr Thr Phe Pro Asp
115 120 125

Ala Lys Lys Lys Gly Val Leu Thr Val Asn Asp Ser Val Gly Phe Gln
130 135 140

Val Pro Leu Asn Asp Ile Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser Thr Leu Glu
145 150 155 160

Lys Asp Asn Val Val Gln His Tyr Trp Asp Val His Val Gln Ala Phe
165 170 175

Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Thr Lys Glu Phe Leu Cys Asp Lys Asp
180 185 190

Lys Thr Leu Thr Thr Thr Val Pro Val Ile Pro Thr Ser Val Pro Ser
195 200 205

Pro Thr Thr Thr Pro Thr Pro Lys Glu Lys Pro Glu Thr Gly Ser Tyr
210 215 220

Ser Val Thr Ser Ser Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Asn Met Gly Leu

225 230 235 240

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

Tyr Leu Val Asn Gly Ser Val Phe Ser Ile Ala Asn Asn Asn Leu Ser
305 310 315 320
Tyr Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln
325 330 335
Thr Val Ser Val Ser Gly Ala Phe Gln Ile Asn Thr Phe Asn Leu Arg
340 345 350
Val Gln Pro Phe Ser Val Met Glu Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Gln Asp
355 360 365

Cys Ser Ala Asp Asp Asp Asn Phe Ile Val Pro Ile Ala Val Gly Ala
370 375 380
Ala Leu Ala Gly Val Leu Ile Leu Val Leu Leu Ala Tyr Phe Ile Gly
385 390 395 400
Leu Lys Arg His His Ala Gly Tyr Glu Gln Phe
405 410

<210> 35
<211> 408
<212> PRT
<213> Ovis aries
<400> 35
Met Val Cys Phe Arg Leu Ala Pro Val Pro Gly Cys Gly Phe Leu Leu
1 5 10 15

Phe Cys Leu Val Leu Gly Thr Val Ser Ser Tyr Ala Leu Glu Leu Asn

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

Asp Asp Gln Asn Gly Pro Lys Ile Ala Val Gln Phe Gly Ser Gly Phe
                85                  90                  95
Ser Trp Ile Val Asn Phe Thr Lys Glu Ala Ser Ser Thr Ser Thr Tyr
            100                 105                 110
Leu Val Asp Ser Ile Ser Phe Ser Tyr Asn Thr Asn Asp Asn Ala Thr
        115                 120                 125
Phe Pro Asp Ala Lys Glu Lys Gly Val Phe Thr Val Asn Asn Arg Val
    130                 135                 140

Ala Leu Lys Ile Pro Leu Asn Asp Ile Phe Arg Cys Asn Ser Leu Ser
145                 150                 155                 160
Thr Leu Glu Lys Ser Asp Val Val Gln His Tyr Trp Asp Val His Val
                165                 170                 175
Gln Ala Phe Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Thr Thr Glu Phe Leu Cys
            180                 185                 190
Asp Lys Asp Lys Thr Val Thr Thr Ala Met Pro Ile Val Pro Thr Thr
        195                 200                 205

Ala Pro Ser Pro Thr Lys Pro Val Val Gly Ser Tyr Ser Val Val Asn
    210                 215                 220
Ser Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu Gln Leu Asn Ile
225                 230                 235                 240
Thr His Asp Lys Val Ala Ser Val Phe Asn Ile Asn Pro Asn Thr Thr
                245                 250                 255
Asn Ala Thr Gly Ser Cys Gln Pro Gln Thr Ala Leu Leu Arg Leu Ser
            260                 265                 270
```

Ser Ser Asn Ile Lys Tyr Leu Asp Phe Val Phe Ala Val Lys Asn Glu
275 280 285

Asn Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val Asn Val Ser Met Ile Leu Val Asn
290 295 300

Gly Ser Val Tyr Ser Ile Ser Asn Thr Asn Leu Ser Tyr Trp Asp Ala
305 310 315 320

Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln Thr Val Ser Val
325 330 335

Ser Gly Ala Leu Gln Ile Asn Thr Phe Asp Leu Arg Val Gln Pro Phe
340 345 350

Ser Val Thr Glu Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Glu Glu Cys Ser Ala Asp
355 360 365

Ser Asp Leu Asn Phe Leu Ile Pro Val Ala Val Gly Val Ala Leu Gly
370 375 380

Phe Leu Ile Ile Val Val Phe Ile Ser Tyr Met Ile Gly Arg Arg Lys
385 390 395 400

Ser Arg Thr Gly Tyr Gln Ser Val
405

<210> 36

<211> 411

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 36

Met Arg Leu Leu Ser Pro Val Thr Gly Ser Lys Leu Val Leu Leu Phe
1 5 10 15

Leu Phe Leu Gly Ala Val Arg Ser Asp Ala Leu Lys Leu Asn Leu Thr
20 25 30

Asp Ser Lys Gly Thr Cys Leu Tyr Ala Glu Trp Glu Met Asn Phe Thr
35 40 45

Ile Thr Tyr Glu Ala Leu Lys Val Asn Glu Thr Val Thr Ile Thr Val
50 55 60

Pro Asp Lys Val Thr Tyr Asn Gly Ser Ser Cys Gly Asp Asp Lys Asn

65 70 75 80

Gly Ala Lys Ile Met Ile Gln Tyr Gly Ser Thr Leu Ser Trp Ala Val

85 90 95

Asn Phe Thr Lys Glu Ala Ser Gln Tyr Phe Ile Asn Asn Ile Thr Leu

100 105 110

Ser Tyr Asn Thr Asn Asp Thr Lys Thr Phe Pro Gly Ala Val Pro Lys

115 120 125

Gly Ile Leu Thr Val Ile Ile Pro Val Gly Ser Gln Leu Pro Leu Gly

130 135 140

Val Ile Phe Lys Cys Ser Ser Val Leu Thr Phe Asn Leu Ser Pro Val

145 150 155 160

Val Gln His Tyr Trp Gly Ile His Leu Gln Ala Phe Val Gln Asn Gly

165 170 175

Thr Val Ser Lys His Glu Gln Val Cys Lys Glu Asp Lys Thr Ala Thr

180 185 190

Thr Val Ala Pro Ile Ile His Thr Thr Val Pro Ser Pro Thr Thr Thr

195 200 205

Leu Thr Pro Thr Ser Ile Pro Val Pro Thr Pro Thr Val Gly Asn Tyr

210 215 220

Thr Ile Ser Asn Gly Asn Ala Thr Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu

225 230 235 240

Gln Leu Asn Ile Thr Glu Glu Lys Val Pro Phe Ile Phe Asn Ile Asn

245 250 255

Pro Ala Thr Thr Asn Phe Thr Gly Ser Cys Gln Pro Gln Thr Ala Gln

260 265 270

Leu Arg Leu Asn Asn Ser Gln Ile Lys Tyr Leu Asp Phe Ile Phe Ala

275 280 285

Val Lys Asn Glu Lys Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val Asn Val Asn Met

290 295 300

Tyr Leu Ala Asn Gly Ser Ala Phe His Val Ser Asn Asn Asn Leu Ser

305 310 315 320

Phe Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln
325 330 335
Val Val Ser Val Ser Arg Thr Phe Gln Ile Asn Thr Phe Asn Leu Lys
340 345 350
Val Gln Pro Phe Asn Val Thr Lys Gly Glu Tyr Ser Thr Ala Gln Asp
355 360 365

Cys Ser Ala Asp Glu Asp Asn Phe Leu Val Pro Ile Ala Val Gly Ala
370 375 380
Ala Leu Gly Gly Val Leu Ile Leu Val Leu Leu Ala Tyr Phe Ile Gly
385 390 395 400
Leu Lys Arg His His Thr Gly Tyr Glu Gln Phe
405 410

<210> 37
<211> 570
<212> PRT
<213> Ornithorhynchus anatinus
<400> 37
Met Ala Met Lys Asn Phe Thr Leu Gln Gln Glu Arg Asp Thr Ser Val
1 5 10 15

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

Val Gln Lys Tyr His Pro Phe Ser Leu His Ser Glu Cys Gln Lys Thr
85 90 95
Asn Gln Glu Gly Thr Gly Gly Val Ala Thr Val Ile Ala Asp Glu Cys
100 105 110
Leu Leu Trp Pro Ser Ile Pro Phe Ser Thr Leu Ala Gln Lys Val Asn

115 120 125

Leu Gly Ser Cys Glu Ala Phe Ser Ile Ile Gly Tyr Ser Val Phe Ala

130 135 140

Leu Phe Ile Tyr Leu Lys Pro Asn Met Leu Asp Phe Ile Glu Leu Ala

145 150 155 160

Glu Leu Met Leu Ser Thr Glu Thr Gln Leu Leu Glu Pro Thr Arg Val

165 170 175

Cys Cys Gly Ile Cys Gln Ser Tyr Ala Leu Glu Ile Asn Leu Thr Asp

180 185 190

Ser Lys Asn Ala Thr Cys Leu Tyr Ser Lys Trp Gln Met Thr Phe Thr

195 200 205

Ile Asn Tyr Glu Thr Thr Gly Asn Glu Thr Lys Asn Val Thr Val Thr

210 215 220

Val Pro Glu Asn Val Thr Tyr Asp Gly Ser Ser Cys Gly Asp Asn Gln

225 230 235 240

Thr Val Pro Gln Ile Ala Val Gln Phe Gly Leu Gly Tyr Ser Trp His

245 250 255

Leu Asn Phe Thr Lys Lys Glu Asn Asn Ser Tyr Ser Phe Asp Thr Ile

260 265 270

Val Phe Thr Tyr Asn Thr Ser Asp Asn Glu Thr Phe Pro Glu Ala Lys

275 280 285

Glu Lys Gly Gln Val Leu Ser Val Phe Glu Phe Arg Tyr Ala Arg Ile

290 295 300

Pro Leu Asn Lys Ile Phe Arg Cys His Ser Glu Glu Ser Leu Ile Gly

305 310 315 320

Asp Lys Ala Thr His His Tyr Trp Glu Thr Val Val Gln Ala Phe Ile

325 330 335

Gln Asn Gly Thr Ile Ser Lys Glu Glu Phe Ile Cys Ser Lys Asp Arg

340 345 350

Ala Ser Thr Thr Val Ala Pro Val Thr Thr Gln Val Val Pro Ser Thr

355 360 365

Thr Ala Thr Pro Val Pro Gln Asp Lys Pro Tyr Pro Gly Lys Tyr Ala
370 375 380
Val Lys Asn Gly Asn Asp Thr Cys Leu Leu Ala Thr Met Gly Leu Gln
385 390 395 400

Leu Asn Val Thr Gln Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Asn Ile Asn Pro
405 410 415
Asn Val Thr Asp Phe Thr Gly Ser Cys Ser Asn Glu Thr Ala Glu Leu
420 425 430
Arg Leu Ser Gly Ser Asn Val Lys Tyr Ile Asp Phe Ile Phe Ala Val
435 440 445
Lys Asn Gly Asn Arg Phe Tyr Leu Lys Glu Val Asn Val Ser Ile Ser
450 455 460

Phe Val Asn Ala Ser Asp Leu Asn Val Ala Asn Asn Asn Leu Ser Tyr
465 470 475 480
Trp Asp Ala Pro Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln Thr
485 490 495
Leu Ala Leu Ala Asp Ser Leu Gln Ile Asn Thr Phe Asn Leu Arg Val
500 505 510
Gln Pro Phe Ser Val Val Ala Gly Lys Tyr Ser Thr Ala Glu Asp Cys
515 520 525

Ser Ala Asp Asp Asp Asn Phe Ile Val Pro Ile Ala Val Gly Ala Ala
530 535 540
Leu Gly Gly Leu Val Ile Leu Val Leu Met Ala Tyr Phe Val Gly Arg
545 550 555 560
Lys Arg Arg Ala Thr Gly Tyr Glu Gln Phe
565 570

<210> 38
<211> 425
<212> PRT
<213> Gallus gallus
<400> 38
Met Ala Pro Pro Arg Cys Pro Ala Gly Leu Ala Leu Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

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

Asp Thr Gln Ala Ala Leu Leu Ala Val Gln Phe Gly Asp Gly His Ser
85 90 95
Trp Ser Ile Asn Phe Thr Lys Asn Asn Glu Thr Tyr Arg Ala Glu Phe
100 105 110
Ile Thr Phe Thr Tyr Asn Thr Asn Asp Thr Ala Val Phe Pro Asp Ala
115 120 125
Arg Arg Gln Gly Pro Val Thr Ile Val Val Lys Asp Ala Met His Pro
130 135 140

Ile Gln Leu Asn Asn Val Phe Val Cys His His Thr Thr Ser Leu Glu
145 150 155 160
Ala Glu Asn Val Thr Gln Ile Phe Trp Asn Val Thr Met Gln Pro Phe
165 170 175
Val Gln Asn Gly Thr Ile Ser Lys Lys Glu Ser Arg Cys Tyr Ala Asp
180 185 190
Thr Pro Thr Ala Ala Pro Thr Val Leu Pro Thr Val Ala Asn Val Thr
195 200 205

Thr Ala Ser Thr Thr Ile Ser Pro Ala Pro Thr Thr Ala Pro Lys Pro
210 215 220
Ala Glu Asn Pro Val Thr Gly Asn Tyr Ser Leu Lys Thr Gly Asn Lys
225 230 235 240
Thr Cys Leu Leu Ala Thr Val Gly Leu Gln Leu Asn Ile Ser Gln Asp
245 250 255

Lys Pro Leu Leu Ile Asn Ile Asp Pro Lys Thr Thr His Ala Asp Gly
260 265 270

Thr Cys Gly Asn Thr Ser Ala Thr Leu Lys Leu Asn Asp Gly Asn Arg
275 280 285
Thr Leu Ile Asp Phe Thr Phe Ile Val Asn Ala Ser Ala Ser Val Gln
290 295 300
Lys Phe Tyr Leu Arg Glu Val Asn Val Thr Leu Leu Asn Tyr Gln Asn
305 310 315 320
Gly Ser Val Ile Leu Ser Ala Asp Asn Asn Asn Leu Ser Lys Trp Asp
325 330 335

Ala Ser Leu Gly Asn Ser Tyr Met Cys Arg Lys Glu Gln Thr Leu Glu
340 345 350
Ile Asn Glu Asn Leu Gln Val His Thr Phe Asn Leu Trp Val Gln Pro
355 360 365
Phe Leu Val Lys Glu Asn Lys Phe Ser Ile Ala Glu Glu Cys Phe Ala
370 375 380
Asp Ser Asp Leu Asn Phe Leu Ile Pro Val Ala Val Gly Met Ala Leu
385 390 395 400

Gly Phe Leu Ile Ile Leu Val Phe Ile Ser Tyr Ile Ile Gly Arg Arg
405 410 415
Lys Ser Arg Thr Gly Tyr Gln Ser Val
420 425

<210> 39
<211> 556
<212> PRT
<213> Taeniopygia guttata
<400> 39
Met Glu Cys Arg Glu Gly Glu Val Thr Arg Cys Lys Gln Lys Asn Asn
1 5 10 15
Leu Phe Ser Gly Ile Asn Asp Asp Ile Ser Gly Ala Lys Gln Ala Lys
20 25 30

Gln Arg Gln Cys Thr Pro Gln Lys Pro Pro Lys Arg Ala Thr Ala Thr
35 40 45
Leu Pro Leu Gln Arg Pro Pro Arg Gly Ile Pro Gly Pro Ala Pro Ala
50 55 60
Ala Val Ala Ala Ala Val Ala Ala Asp Arg Ile Thr Pro Ser Gly Ser
65 70 75 80
His Gln Thr Arg Pro Pro Glu Ala Ala Arg Asp Glu Arg Pro Val Arg
85 90 95

Asp Pro Arg Asn Arg Ala Ala Ala Pro Ser Gly His Trp Arg Arg Ala
100 105 110
Gly Gly Pro Gln Arg His Arg His His Arg His Arg Arg His Gly Pro
115 120 125
Ala Pro Leu Arg Arg Leu Leu Leu Arg Pro Pro Pro Pro Ala Ala Ala
130 135 140
Ala Ala Arg Phe Leu Gly Phe Phe Gln Ser Tyr Ala Val Glu Val Asp
145 150 155 160

Ile Lys Asp Ala Ser Asn Ala Thr Cys Leu Tyr Ala Asp Trp Met Met
165 170 175
Arg Phe Leu Ile Lys Tyr Glu Ser Asn Ser Gly Asp Tyr Lys Thr Thr
180 185 190
Thr Leu Asn Leu Ser Ser Ser Val Thr His Asn Gly Ser Val Cys Gly
195 200 205
Asn Asp Thr Gln Ala Ala Leu Val Ala Val Gln Phe Gly Glu Gly His
210 215 220

Ser Trp Ser Ile Asn Ile Thr Lys Asn Asn Glu Thr Tyr Gln Gly Asp
225 230 235 240
Phe Ile Thr Leu Thr Tyr Asn Thr Asn Asp Thr Ala Val Phe Pro Asp
245 250 255
Ala Lys Arg Lys Gly Pro Ile Thr Val Leu Val Arg Asp Pro Ser Arg
260 265 270
Pro Ile Gln Leu Asn Thr Val Phe Val Cys His Asn Ser Phe Val Ile

275 280 285

Glu Ala Glu Asn Thr Thr Gln Ile Phe Trp Asn Val Thr Met Gln Ala
290 295 300
Phe Val Gln Asn Gly Thr Val Ser Lys Lys Glu Ser Arg Cys Pro Ala
305 310 315 320
Asp Thr Pro Thr Ser Glu Pro Thr Val Pro Pro Thr Ile Ala Asn Val
325 330 335
Thr Thr Ala Ser Thr Thr Thr Leu Ser Pro Ala Pro Thr Thr Ala Pro
340 345 350

Lys Pro Val Glu Asn Pro Val Thr Gly Asn Tyr Ser Leu Lys Ser Gly
355 360 365
Asn Lys Thr Cys Phe Leu Ala Thr Val Gly Leu Gln Leu Asn Val Ser
370 375 380
Gln Glu Lys Pro Leu Leu Ile Asn Ile Asn Pro Lys Thr Thr Val Ala
385 390 395 400
Asp Gly Ala Cys Gly Asn Thr Thr Ala Thr Leu Lys Leu Asn Asp Gly
405 410 415

Asn Ser Thr Leu Ile Gly Phe Thr Phe Ala Val Lys Asn Thr Ser Ala
420 425 430
Ser Val Gln Lys Phe Tyr Leu Arg Glu Val Asn Val Thr Leu Leu Asn
435 440 445
Arg Leu Asn Gly Ser Val Ile Ser Ser Ala Asp Asn Ser Asn Leu Ser
450 455 460
Lys Trp Asp Ala Phe Leu Gly Ser Ser Tyr Met Cys Arg Lys Glu Gln
465 470 475 480

Thr Leu Gln Ile Asn Glu Asn Val Gln Val His Thr Phe Asn Leu Trp
485 490 495
Ile Gln Pro Phe Leu Val Glu Ala Asn Lys Phe Ala Thr Ala Glu Glu
500 505 510
Cys Ile Ala Asp Ser Asp Leu Asn Phe Leu Ile Pro Ile Ala Val Gly
515 520 525

Val Ala Leu Gly Phe Leu Ile Ile Leu Val Phe Ile Ser Tyr Ile Ile
530 535 540

Gly Arg Arg Lys Ser Arg Thr Gly Tyr Gln Ser Val
545 550 555

<210> 40

<211> 408

<212> PRT

<213> Xenopus tropicalis

<400> 40

Met Glu Arg Cys Ala Cys Pro Ala Ala Leu Leu Leu Leu Ser Leu Val
1 5 10 15

Leu Met Gly Ala Met Ala Phe Asp Val Glu Ile Lys Asp Asp Lys Asn
20 25 30

Ala Thr Cys Ile Tyr Ala Lys Leu Ser Val Asn Val Thr Val Gln Tyr
35 40 45

Glu Thr Asn Thr Ser Ser Thr Lys Asn Val Thr Phe Ser Val Pro Ser
50 55 60

Glu Val Thr Thr Asn Gly Ser Ser Cys Gly Ser Asn Gly Lys Ala Pro
65 70 75 80

Ile Leu Val Ile Asn Phe Gly Asn Gly His Ser Trp Ser Leu Asn Phe
85 90 95

Thr Arg Asn Asp Ser Met Tyr Ser Gly Gly Ala Leu Ile Phe Thr Tyr
100 105 110

Asn Thr Asn Asp Ser Thr Leu Phe Pro Asp Ala Leu Lys Glu Gly Leu
115 120 125

Ile Ser Ser Thr Ala Ala Phe Leu Gly Pro Ile Pro Leu Asn Ser Thr
130 135 140

Tyr Lys Cys Ile Ser Ser Glu Val Val Val Ser Glu Asn Val Thr Gln
145 150 155 160

Ile Ile Ser Asp Val Lys Leu Glu Ala Phe Met Gln Asn Gly Thr Leu
165 170 175

Gly Lys Glu Val Ser Cys Asp Ala Asp Lys Pro Ser Pro Thr Pro Thr
180 185 190
Thr Asn Pro Ser Thr Thr Ala Ser Thr Thr Thr Pro Thr Pro Thr Ser
195 200 205
Lys Pro Leu Asp Asn Pro Thr Thr Gly Asn Tyr Ser Val Ser Asp Val
210 215 220
Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Ile Asn Thr Ser
225 230 235 240

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

Gly Ser Ala Ser Ser Thr Arg Gln Asn Gln Asn Leu Ser Ala Trp Glu
305 310 315 320
Ala Ser Val Gly Ser Ser Tyr Met Cys His Lys Glu Gln Gln Ile Lys
325 330 335
Val Ser Glu Asp Leu Val Ile Asn Ser Phe Asp Val Arg Val Gln Leu
340 345 350
Phe Gly Val Lys Asn Glu Thr Phe Ala Thr Ala Gln Gln Cys Ser Leu
355 360 365

Asp Asp Asp Ser Ile Val Ile Pro Ile Val Val Gly Ala Ala Leu Ala
370 375 380
Gly Leu Ile Val Ile Ile Val Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Arg Lys
385 390 395 400
Gly Tyr Ser Gly Tyr Gln Thr Leu
405

<210> 41

<211> 404

<212> PRT

<213> Salmo salar

<400> 41

Met Phe Arg Cys Ala Phe Leu Ile Leu Phe Leu Ala Leu Gly Asn Glu
1 5 10 15

Leu His Leu Ser His Gly Thr Glu Val Ser Val Asn Asn Thr Glu Asn
20 25 30

Lys Leu Cys Leu Tyr Ala Asn Leu Met Val Asn Phe Ser Val Thr Tyr
35 40 45

Glu Val Gly Val Asn Lys Asn Glu Thr Val Ile Phe Val Leu Pro Glu
50 55 60

Asn Val Thr Thr Glu Gly Ser Thr Cys Asp Asn Thr Thr Ser Thr Leu
65 70 75 80

Lys Leu Ser Phe Gly His Gly His Ser Trp Thr Val Glu Phe Thr Lys
85 90 95

Lys Asn Lys Thr Tyr Gln Val Asp Thr Ile Val Phe Ser Tyr Asn Leu
100 105 110

Asn Asp Ser Ser Val Phe Pro Asn Ser Thr Ser Lys Glu Thr Lys Phe
115 120 125

Val Thr Val Lys Ser Ile Ile Thr Asn Val Ser Val Asp Thr Tyr Tyr
130 135 140

Ser Cys Lys Ser Glu Asn Val Leu Thr Val Glu Ser Val Ile Gln Thr
145 150 155 160

Leu Tyr Asp Val Ala Leu Gln Ala Phe Val Ile Asn Gly Ser Lys Ser
165 170 175

Asp Thr Asp Thr Val Cys Ser Ala Asp Met Thr Ser Thr Thr Val Ala
180 185 190

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

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

Ser Thr Ala Cys Leu Met Ala Thr Phe Gly Leu Gln Ile Gly Tyr Lys
225 230 235 240
Gln Gly Asp Lys Glu Glu Thr Ile Asn Leu Val Pro Asn Ile Thr Glu
245 250 255
Val Gly Gly Ala Cys Gly Ala Asn Ser Ser Asp Leu Ile Leu Thr Ser
260 265 270

Asp Thr Ile Thr Ile Met Phe Thr Phe Ser Asn Asp Gly Lys Lys Phe
275 280 285
His Leu His Ala Leu Lys Val Thr Val Lys Pro Ala Thr Gly Asp Pro
290 295 300
Val Ile Ala Val Asn Asn Asn Met Ser Ile Trp Ala Ala Ala Val Gly
305 310 315 320
Ser Ser Tyr Met Cys Asn Lys Glu Gln Thr Leu Asn Val Thr Asp Thr
325 330 335

Leu Thr Leu Tyr Thr Phe Glu Leu Arg Val Gln Pro Phe Glu Val Asn
340 345 350
Lys Gly Glu Phe Ala Thr Ala His Glu Cys Ser Leu Asp Asp Thr Ser
355 360 365
Ile Leu Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Ile Leu
370 375 380
Ile Val Val Ile Ala Tyr Val Ile Gly Arg Arg Lys Thr Tyr Val Gly
385 390 395 400

Tyr Gln Thr Leu

<210> 42

<211> 410

<212> PRT

<213> Oreochromis niloticus

<400> 42

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

Thr Cys Ile Lys Ala Asp Leu Ser Ala Ser Phe Ser Ile Ile Tyr Asn

35 40 45

Thr Thr His Ala Glu Arg Thr Val Gln Val Leu Leu Pro Asn Ser Thr

50 55 60

Thr Val Asp Thr Ala Asn Ser Thr Cys Gly Lys Asp Gly Ser Ser Pro

65 70 75 80

Arg Leu Val Ala Val Phe Gly Ser Gly Tyr Thr Leu Gly Leu Asn Phe

85 90 95

Ser Thr Asn Gly Thr Leu Tyr Gln Val Ser Ser Leu Thr Leu Gln Tyr

100 105 110

Asn Leu Ser Asp Thr Ser Val Phe Pro Asn Ala Thr Ile Ser Gly Val

115 120 125

Val Thr Leu Val Ser Ala Ser Val Gly Ile Glu Ala Asn Val Asn Thr

130 135 140

Thr Tyr Lys Cys Ala Ser Pro Thr Val Ile Asp Val Ala Thr Ala Lys

145 150 155 160

Val Asn Phe Thr Asp Met Arg Leu Glu Ala Tyr Met Pro Gly Asn Glu

165 170 175

Leu Ser Pro Asn Glu Thr Val Cys Phe Ala Asp Gln Thr Ser Thr Thr

180 185 190

Pro Ser Pro Thr Thr Val Ser Thr Thr Ala Val Pro Thr Gln Thr Pro

195 200 205

Pro Gly Thr Pro Gln Gln Gly Asn Tyr Thr Val Lys Asp Ala Asn Asp

210 215 220

Thr Ile Cys Leu Leu Ala Lys Met Gly Leu Gln Leu Asn Val Ser Tyr

225 230 235 240

Thr Ser Gln Asn Lys Thr Val Gln Asp Val Leu Asn Leu Asn Pro Asn

245 250 255

Val Thr Asn Ser Thr Gly Ser Cys Gly Ala Ser Ser Ala Thr Leu Val

260 265 270

Leu Thr Gln Thr Gln Ser Thr Ile Leu Thr Phe Asn Phe Thr Leu Asn

275 280 285

Ser Thr Thr Asn Lys Tyr His Leu Ser Gly Val Thr Leu Ile Ala Asn

290 295 300

Trp Phe Asp Ser Ala His Phe Ser Met Ser Asn Asn Ser Leu Asn Tyr

305 310 315 320

Leu Arg Ser Thr Leu Gly Tyr Ser Tyr Met Cys Asn Ala Glu Gln Thr

325 330 335

Leu Phe Val Thr Pro Ser Phe Ser Leu Asn Thr Phe Asp Leu Gln Val

340 345 350

Gln Pro Phe Gly Val Lys Ser Gly Arg Phe Ala Thr Ala Glu Glu Cys

355 360 365

Gln Met Asp Gln Asn Gln Met Ile Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala Ala

370 375 380

Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Thr Leu Ile Ala Tyr Leu Ile Gly Lys

385 390 395 400

Arg Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Ala Ile

405 410

<210> 43

<211> 249

<212> PRT

<213> Takifugu rubripes

<400> 43

Met Thr Gln Ile Gly Gly Val Gln Pro Val Phe Leu Ala Val Thr Val

1 5 10 15

His Leu Ile Leu Ala Thr Val Leu His Gln Thr Phe Ala Thr Val Thr

20 25 30

Pro Pro Val Thr Thr Ala Val Pro His Lys Glu Pro Gly Arg Pro Asp

35 40 45

Gln Gly Asp Tyr Gln Val Thr Ser Ser Asn Gly Thr Val Cys Phe Leu

50 55 60

Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu Asn Ile Thr Phe Asn Ser Thr Ser Gln

65 70 75 80

Asn Lys Thr Leu Gln Glu Val Ile Asn Ile Gln Pro Asn Arg Thr Lys

85 90 95

Ser Ser Gly Ser Cys Asp Thr Ser Ser Ala Leu Leu Thr Leu Thr Thr

100 105 110

Asp Ala Glu Lys Thr Asn Leu Thr Phe Val Phe Ala Leu Asn Thr Thr

115 120 125

Ser Asn Lys Tyr His Leu Ser Glu Val Ser Leu Ser Ala Ala Leu Ser

130 135 140

Asp Met Lys Glu Thr Phe Val Ala Gln Asn His Ser Leu Asp Tyr Leu

145 150 155 160

Arg Gly Thr Leu Gly Phe Ser Tyr Met Cys Arg Glu Arg Gln Thr Leu

165 170 175

Gly Val Thr Pro Asp Phe Ala Ile Asn Thr Phe Gln Val Gln Val Gln

180 185 190

Pro Phe Gly Val Thr Gly Lys Gln Phe Ala Ala Ala Glu Glu Cys Gln

195 200 205

Leu Asp Lys Asp Asp Met Leu Ile Pro Ile Ile Val Gly Ala Ala Leu

210 215 220

Ala Ala Leu Val Leu Ile Val Leu Ser Ala Tyr Leu Ile Gly Arg Lys

225 230 235 240

Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Ser Ile

245

<210> 44

<211> 418

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<400> 44

Met Pro Arg Gln Leu Ser Ala Ala Ala Ala Leu Phe Ala Ser Leu Ala

1 5 10 15

Val Ile Leu His Asp Gly Ser Gln Met Arg Ala Lys Ala Phe Pro Glu

20 25 30

Thr Arg Asp Tyr Ser Gln Pro Ser Ala Ala Ala Thr Val Gln Asp Ile
35 40 45
Lys Lys Pro Val Gln Gln Pro Ala Lys Gln Ala Pro His Gln Thr Leu
50 55 60
Ala Ala Arg Phe Met Asp Gly His Ile Thr Phe Gln Thr Ala Ala Thr
65 70 75 80
Val Lys Thr Pro Thr Thr Thr Pro Ala Thr Thr Lys Asn Thr Ala Thr

85 90 95
Thr Ser Pro Ile Thr Tyr Thr Leu Val Thr Thr Gln Ala Thr Pro Asn
100 105 110
Asn Ser His Thr Ala Pro Pro Val Thr Glu Val Thr Val Gly Pro Ser
115 120 125
Leu Val Pro Tyr Ser Leu Pro Pro Thr Ile Thr Pro Pro Ala His Thr
130 135 140
Thr Gly Thr Ser Ser Ser Thr Val Ser His Thr Thr Gly Asn Thr Thr

145 150 155 160
Gln Pro Ser Asn Gln Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Ile Ala Leu
165 170 175
His Lys Ser Thr Thr Gly Gln Lys Pro Val Gln Pro Thr His Ala Pro
180 185 190
Gly Thr Thr Ala Ala Ala His Asn Thr Thr Arg Thr Ala Ala Pro Ala
195 200 205
Ser Thr Val Pro Gly Pro Thr Leu Ala Pro Gln Pro Ser Ser Val Lys

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

275 280 285

Lys Gly Pro Pro Ser Val Thr Gln Ala Glu Asp Glu Glu Ser Tyr Tyr

290 295 300

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

305 310 315 320

Tyr Gln Gly Ile Lys His Ala Val Val Met Phe Gln Thr Ala Val Gly

325 330 335

His Ser Phe Lys Cys Val Ser Glu Gln Ser Leu Gln Leu Ser Ala His

340 345 350

Leu Gln Leu Lys Thr Thr Asp Val Gln Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu

355 360 365

Asp Asp His Phe Gly Asn Val Asp Glu Cys Ser Ser Asp Tyr Thr Ile

370 375 380

Val Leu Pro Val Ile Gly Ala Ile Val Val Gly Leu Cys Leu Met Gly

385 390 395 400

Met Gly Val Tyr Lys Ile Arg Leu Arg Cys Gln Ser Ser Gly Tyr Gln

405 410 415

Arg Ile

<210> 45

<211> 416

<212> PRT

<213> Papio anubis

<400> 45

Met Pro Arg Gln Leu Ser Ala Ala Ala Val Leu Phe Ala Ser Leu Ala

1 5 10 15

Val Ile Leu His Asp Gly Ser Gln Met Arg Ala Lys Ala Phe Pro Lys

20 25 30

Thr Arg Asp Tyr Ser Gln Pro Thr Ala Ala Ala Thr Gly Gln Asp Ile

35 40 45

Ala Lys Pro Val Gln Gln Pro Ala Asn Gln Ala Pro His Gln Thr Leu

50 55 60

Ala Ala Arg Leu Met Asp Gly His Ile Thr Phe Gln Thr Ala Ala Thr

65 70 75 80

Ile Lys Thr Pro Thr Thr Thr Pro Val Thr Thr Lys Asn Thr Pro Thr

85 90 95

Thr Ser Pro Ile Ile Tyr Thr Leu Val Thr Thr Gln Ala Thr Ser Asn

100 105 110

Asn Ser His Thr Ala Pro Pro Leu Thr Lys Val Thr Val Gly Pro Ser

115 120 125

Leu Ala Pro Tyr Ser Leu Pro Pro Thr Ile Thr Pro Pro Ala His Thr

130 135 140

Thr Gly Thr Ser Ser Ser Thr Val Asn His Thr Thr Gly Asn Ala Thr

145 150 155 160

Gln Pro Ser Asn Gln Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Ile Ala Leu

165 170 175

His Lys Ser Thr Thr Gly Gln Lys Pro Val Gln Pro Thr His Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Thr Ala Ala Ala His Asn Thr Thr Arg Thr Ala Ala Pro Ala

195 200 205

Ser Thr Val Pro Gly Ser Thr Leu Ala Pro Gln Pro Ser Ser Val Lys

210 215 220

Thr Gly Ile Tyr Gln Val Leu Asn Gly Ser Arg Leu Cys Ile Lys Ala

225 230 235 240

Glu Met Gly Ile Gln Leu Ile Val Gln Asp Lys Glu Ser Val Phe Ser

245 250 255

Pro Arg Arg Tyr Phe Asn Leu Asp Pro Asn Ala Thr Gln Ala Ser Gly

260 265 270

Asn Cys Gly Thr Arg Asn Ser Asn Leu Leu Leu Asn Phe Gln Gly Gly

275 280 285

Phe Val Asn Leu Thr Phe Thr Lys Asp Glu Gly Ser Tyr Tyr Ile Ser

290 295 300

Glu Val Gly Ala Cys Leu Thr Val Ser Asp Pro Glu Thr Ile Tyr Gln

305 310 315 320

Gly Met Lys His Ala Val Val Met Phe Gln Thr Ala Val Gly His Ser
325 330 335
Phe Lys Cys Val Ser Glu Gln Ser Leu Gln Leu Ser Ala His Leu Gln
340 345 350
Leu Lys Thr Thr Asn Val Gln Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu Asp Asp
355 360 365

His Phe Gly Asn Val Asp Glu Cys Ser Ser Asp Tyr Thr Ile Val Leu
370 375 380
Pro Val Ile Gly Ala Ile Val Val Gly Leu Cys Leu Val Gly Ile Gly
385 390 395 400
Val Tyr Lys Ile Arg Leu Arg Cys Gln Ser Ser Gly Tyr Gln Arg Ile
405 410 415

<210> 46
<211> 416
<212> PRT
<213> Macaca mulatta
<400> 46

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

115 120 125

Leu Ala Pro Tyr Ser Leu Pro Pro Thr Ile Thr Pro Pro Ala His Thr

130 135 140

Thr Gly Thr Ser Ser Ser Thr Val Asn His Thr Thr Gly Asn Ala Thr

145 150 155 160

Gln Pro Ser Asn Gln Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Ile Ala Pro

165 170 175

His Lys Ser Thr Thr Gly Gln Lys Pro Val Gln Pro Thr His Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Thr Ala Ala Ala His Asn Thr Thr Arg Thr Ala Ala Pro Ala

195 200 205

Ser Thr Val Pro Gly Ser Thr Leu Ala Pro Gln Pro Ser Ser Ile Lys

210 215 220

Thr Gly Ile Tyr Gln Val Leu Asn Gly Ser Arg Leu Cys Ile Lys Ala

225 230 235 240

Glu Met Gly Ile Gln Leu Ile Val Gln Asp Lys Glu Ser Val Phe Ser

245 250 255

Pro Arg Arg Tyr Phe Asn Leu Asp Pro Asn Ala Thr Gln Ala Ser Gly

260 265 270

Asn Cys Gly Thr Arg Asn Ser Asn Leu Leu Leu Asn Phe Gln Gly Gly

275 280 285

Phe Val Asn Leu Thr Phe Thr Lys Asp Glu Gly Ser Tyr Tyr Ile Ser

290 295 300

Glu Val Gly Ala Cys Leu Thr Val Ser Asp Pro Glu Thr Ile Tyr Gln

305 310 315 320

Gly Met Lys His Ala Val Val Met Phe Gln Thr Val Val Gly His Ser

325 330 335

Phe Lys Cys Val Ser Glu Gln Ser Leu Gln Leu Ser Ala His Leu Gln

340 345 350

Leu Lys Thr Thr Asn Val Gln Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu Asp Asp

355 360 365

His Phe Gly Asn Val Asp Glu Cys Ser Ser Asp Tyr Thr Ile Val Leu
370 375 380
Pro Val Ile Gly Ala Ile Val Val Gly Leu Cys Leu Val Gly Met Gly

385 390 395 400
Val Tyr Lys Ile Arg Leu Arg Cys Gln Ser Ser Gly Tyr Gln Arg Ile
405 410 415

<210> 47
<211> 428
<212> PRT
<213> Canis lupus familiaris
<400> 47

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

Thr Val Asp Phe Gln Pro Thr Thr Ala Ala Thr Val Arg Ala Thr Ala
35 40 45
Lys Pro Phe Leu His Leu Thr Asn Gln Val Pro Ser Gln Thr Leu Ala
50 55 60
Ala Arg Ser Met Asp Gly His Ile Ala Ser Gln Arg Ala Ala Thr Thr
65 70 75 80
Ser Ser Ser Glu Pro Pro Thr Thr His Thr Thr Val Lys Thr Leu Val
85 90 95

Thr Thr Ser Leu Val Thr Ala Asn Ser Thr Pro Ser Ser Ser Pro Ile
100 105 110
Ile Tyr Thr Leu Val Thr Thr Ile Val Thr Pro Asn Asn Ser Asn Thr
115 120 125
Ala Ala Pro Val Thr Glu Ala Thr Ile Gly Pro Ser Ala Asp Pro Gly
130 135 140
Ser Leu Pro Thr Thr Ser Thr Pro Leu Ala His Thr Thr Arg Thr Asn
145 150 155 160

Pro Ser Thr Leu Ser His Lys Thr Arg Lys Thr Thr His Phe Gly Asn
165 170 175
Gln Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Thr Ser Thr His Lys Ser Thr
180 185 190
Ser Ser His Lys Ser Ala Gln Ser Thr His Ala Pro Gly Pro Thr Thr
195 200 205
Ala Ala His Asn Thr Thr Gln Thr Ala Ser Pro Ala Thr Pro Ala Ser
210 215 220

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

Gln Lys Ser Asn Leu Leu Leu Asn Phe Gln Gly Gly Phe Val Asn Leu
290 295 300
Thr Phe Leu Lys Asp Glu Asn Ser Tyr Tyr Ile Asn Glu Val Gly Ala
305 310 315 320
Tyr Leu Ala Val Ser Asn Pro Glu Lys Ile Tyr Gln Gly Met Lys Ser
325 330 335
Ser Val Val Met Phe Glu Thr Gly Val Gly His Ser Phe Lys Cys Val
340 345 350

Ser Glu Gln Ser Ile Gln Leu Ser Thr His Leu Gln Leu Lys Thr Met
355 360 365
Asn Val Gln Phe Gln Ala Phe Asp Phe Glu Asp Asp His Phe Gly Asn
370 375 380
Val Asp Glu Cys Ser Ser Asp Tyr Thr Val Val Leu Pro Val Ile Gly
385 390 395 400
Ala Ile Val Leu Gly Leu Cys Ala Val Gly Leu Ile Val Tyr Gly Ile

405 410 415

His Leu Arg Arg Glu Ser Ser Gly Tyr Gln Arg Ile
420 425

<210> 48

<211> 430

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 48

Met Ser Trp Arg Leu Ser Ala Val Leu Val Ser Phe Val Ser Leu Ala
1 5 10 15

Val Phe Leu His Tyr Gly His His Met Lys Ala Lys Val Phe Pro Glu
20 25 30

Ile Thr Asp Ser Ser Ser Pro Thr Thr Ala Ala Thr Val Gln Ala Thr
35 40 45

Ala Glu Pro Ser Leu Trp Lys Pro Thr Asn His Thr Pro His Lys Thr
50 55 60

Leu Ala Ala Lys Ser Thr Asp Gly His Val Thr Ser Gln Ile Ala Thr
65 70 75 80

Thr Val Thr Asp Ser Glu Thr Leu Thr Thr His Thr Thr Ile Thr Thr
85 90 95

Leu Ala Ala Thr Ser Leu Ala Ala Thr Asn Ser Thr Pro Ser Thr Ser
100 105 110

Pro Thr Thr His Thr Leu Phe Thr Thr Leu Ala Thr Pro Asn Thr Ser
115 120 125

His Met Ala Ala Pro Val Thr Glu Ala Ala Ile Ser Pro Ser Ala Gly
130 135 140

Leu Ser Ser Leu Leu Pro Thr Ile Ile Pro Pro Ala His Thr Thr Gly
145 150 155 160

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

Ser Asn Gln Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Thr Ser Pro His Asn

180 185 190

Ser Thr Ala Ser Gln Lys Pro Thr His Pro Asn His Thr Pro Gly Pro

195 200 205

Thr Thr Gly Ala His Asn Thr Thr Gln Thr Ala Ser Pro Ala Thr Ile

210 215 220

Ala Pro Gly Pro Thr Leu Ala Pro Gln Pro Ser Ser Ala Lys Thr Gly

225 230 235 240

Ile Tyr Gln Val Leu Asn Gly Ser Lys Leu Cys Ile Lys Ala Glu Met

245 250 255

Gly Ile Glu Leu Thr Val Gln Asp Thr Gln Ser Val Phe Ser Pro Gln

260 265 270

Arg Tyr Phe Asn Ile Asp Pro Asn Thr Thr Gln Ala Ser Gly Asn Cys

275 280 285

Gly Ser Arg Lys Ser Lys Leu Leu Leu Asn Phe Gln Gly Gly Phe Val

290 295 300

Asn Leu Thr Phe Thr Lys Asp Glu Asn Ser Tyr Tyr Val Ser Gly Val

305 310 315 320

Gly Ala Tyr Leu Thr Val Ser Asn Pro Glu Lys Val Tyr Gln Gly Met

325 330 335

Lys Asn Ala Val Val Met Phe Glu Thr Met Ile Gly His Ser Phe Lys

340 345 350

Cys Val Ser Glu Gln Ser Ile Gln Leu Ser Pro His Leu Gln Leu Asn

355 360 365

Thr Met Asn Val Gln Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu Asp Asp His Phe

370 375 380

Gly Asn Val Asp Glu Cys Ser Ser Asp Tyr Thr Ile Val Leu Pro Val

385 390 395 400

Ile Gly Ala Ile Val Leu Gly Leu Cys Ala Val Gly Leu Ile Val Tyr

405 410 415

Gly Ile Arg Leu Lys Arg Glu Ser Ser Glu Tyr Gln Arg Ile

420 425 430

<210> 49

<211> 259

<212> PRT

<213> Danio rerio

<400> 49

Met Thr Gln Ser Ser Arg Ser Val Leu Leu Leu Met Leu Ser Ser Leu
1 5 10 15

His Cys Leu Gly Ser Ser Leu Glu Ser Asn Pro Lys Asp Pro Ser Val
20 25 30

Leu Ala Glu Ala Pro Gly Gln Asn Lys Arg Asp Ser Asp Ile Ser Leu
35 40 45

Val Pro Gln Met Pro Val Leu Gln Pro Lys Glu Thr Ala Pro Pro Leu
50 55 60

Val Thr Tyr Thr Ile Arg Asn Pro Gln Gly Lys Val Cys Val Arg Ala
65 70 75 80

Ser Phe Gly Val Glu Phe Val Val Arg Glu Asn Lys Lys Lys Tyr Tyr
85 90 95

Phe Asn Leu Thr Pro Asn Ser Ala Arg Ala Thr Gly Tyr Cys Ala Asn
100 105 110

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

Thr Phe Ile Lys Asp Gly Asp Gln Ser Tyr Val Lys Thr Val Lys Gly
130 135 140

Ser Leu Arg Ala Ala Pro Pro Cys Lys Asn Cys Pro Ser Lys Ile Tyr
145 150 155 160

Val Gly Leu Val Asp Asn Glu Lys Leu Phe Lys Ala Lys Asn Gly Leu
165 170 175

Ser Phe Asn Cys Lys Ser Glu Thr Met Leu Ile Leu Ala Asp Tyr Phe
180 185 190

Arg Leu Lys Leu Val Pro Leu Gln Ile Gln Ala Phe Asp Leu Val Asn
195 200 205

Gly Ala Phe Gly Lys Glu Val Glu Cys Trp Ala Asp Tyr Asn Lys Arg

210 215 220

Met Ile Pro Ile Ile Leu Gly Ala Val Ala Ala Ala Ile Cys Leu Ile

225 230 235 240

Ala Ile Leu Thr Tyr Val Leu Val Arg Glu His Arg Asn Gln Gly Tyr

245 250 255

Glu Gln Leu

<210> 50

<211> 432

<212> PRT

<213> Equus caballus

<400> 50

Met Ala Trp Gln Leu Ser Ala Val Val Val Leu Phe Val Ser Leu Ala

1 5 10 15

Val Ile Leu Tyr Tyr Gly Ser His Val Arg Ala Asn Val Phe Pro Glu

20 25 30

Ile Thr Asp Tyr Ser Gln Pro Thr Thr Ala Ala Thr Ile Gln Thr Arg

35 40 45

Ala Gln Pro Ser Leu Ser Gln Pro Thr Asn Gln Val Pro His Lys Thr

50 55 60

Leu Ala Thr Arg Ser Met Asp Gly Gln Val Thr Ser Gln Thr Ala Ala

65 70 75 80

Thr Thr Val Asn Pro Glu Thr Pro Val Thr His Thr Thr Ile Lys Thr

85 90 95

Ala Ala Ala Thr Ser Leu Val Thr Thr Asn Ser Thr Leu Ser Thr Ser

100 105 110

Pro Ile Thr Asn Thr Leu Leu Thr Thr Leu Ala Thr Pro Asp Asn Thr

115 120 125

His Thr Thr Thr Pro Val Thr Glu Ala Thr Ile Gly Pro Ser Ala Gly

130 135 140

Pro Gly Ser Pro Pro Thr Thr Ile Thr Thr Thr Ser Ser Ala Tyr Thr

145 150 155 160

Thr Gly Thr Arg Ser Ser Thr Val Ser His Thr Thr Gly Lys Thr Thr

165 170 175

Gln Leu Ser Asn Gln Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Thr Ser Pro
180 185 190
His Asn Ser Thr Thr Ser Gln Asn Pro Ala His Ser Thr His Thr Pro
195 200 205
Gly Pro Thr Thr Gly Thr Cys Asn Thr Thr Gln Thr Ala Ser Pro Thr
210 215 220
Thr Thr Ala Pro Gly Pro Thr Leu Ala Pro Gln Pro Ser Ser Ala Lys
225 230 235 240

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

Phe Val Asn Leu Thr Phe Thr Lys Asp Glu Asn Ser Tyr Tyr Ile Ser
305 310 315 320
Glu Val Gly Ala Tyr Leu Thr Val Ser Asn Pro Glu Lys Thr Tyr Gln
325 330 335
Gly Met Lys Ser Pro Val Val Met Phe Glu Thr Val Ile Gly His Ser
340 345 350
Phe Lys Cys Val Ser Glu Gln Ser Leu Glu Leu Ser Thr Gln Leu His
355 360 365

Leu Lys Thr Thr Asn Val Gln Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu Asp Asp
370 375 380
Asn Phe Gly Asn Val Asp Glu Cys Ser Ser Asp Tyr Thr Val Val Leu
385 390 395 400
Pro Val Ile Gly Ala Ile Val Leu Gly Leu Phe Ala Val Gly Leu Ile
405 410 415

Val Tyr Gly Val Arg Val Arg Arg Glu Ala Ser Gly Tyr Gln Arg Ile
420 425 430

<210> 51
<211> 433
<212> PRT
<213> Bos taurus
<400> 51
Met Ser Trp Gln Ile Pro Ala Val Val Met Ser Phe Met Ala Leu Val
1 5 10 15
Ala Ile Trp Tyr Tyr Asp Ser His Tyr Asn Ser His Met Gln Ala Lys
20 25 30
Val Phe Pro Glu Ile Thr Gly Tyr Ser Ser Pro Thr Thr Gly Gln Ala
35 40 45
Thr Val Lys Pro Ser Leu Leu Gln Pro Thr Asn Tyr Val Pro His Lys

50 55 60
Thr Ala Ala Ala Arg Ser Thr Asp Gly His Val Thr Ser Gln Thr Val
65 70 75 80
Ala Lys Thr Ser Ser Ser Glu Thr Leu Thr Thr Asn Thr Thr Ile Asp
85 90 95
Val Leu Ala Thr Thr Ser Pro Val Thr Thr Lys Ser Thr Leu Pro Thr
100 105 110
Thr Pro Thr Thr His Thr Leu Val Thr Thr Leu Ala Thr Pro Asn Lys

115 120 125
Ser His Val Thr Phe Pro Val Thr Glu Ala Lys Val Gly Leu Ser Val
130 135 140
Gly Pro Ser Ser Pro Pro Val Thr Val Asn Pro Thr Ala His Thr Thr
145 150 155 160
Gly Asn Arg Pro Ser Thr Ala Ser His Thr Thr Gly Lys Thr Thr Gln
165 170 175
Leu Ser Asn Gln Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Thr Ser Pro His

180 185 190

Asn Ile Thr Thr Ser Gln Lys Pro Thr Gln Pro Thr His Thr Pro Gly
195 200 205
Pro Thr Thr Ala Thr Tyr Asn Thr Thr Gln Thr Ala Ser Pro Ala Thr
210 215 220
Ile Ala Pro Arg Pro Thr Leu Ala Pro Gln Pro Leu Ser Pro Lys Thr
225 230 235 240
Gly Ile Tyr Gln Val His Asn Gly Ser Lys Leu Cys Ile Lys Ala Glu

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

305 310 315 320
Val Glu Ala Tyr Leu Thr Val Ser Asn Pro Ala Lys Val Tyr Gln Gly
325 330 335
Leu Lys His Ala Met Met Met Phe Glu Thr Val Val Gly His Ser Phe
340 345 350
Lys Cys Val Ser Glu Gln Ser Ile Gln Leu Ser Thr Tyr Leu Gln Leu
355 360 365
Lys Thr Met Asn Val Gln Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu Asp Asp His

370 375 380
Phe Gly Asn Ala Asp Glu Cys Ile Ser Asp Arg Asn Arg Arg Glu Ile
385 390 395 400
Pro Val Ala Val Gly Leu Ser Ile Ala Val Leu Leu Ala Val Leu Leu
405 410 415
Thr Ala Cys Leu Val Thr Arg Lys Arg Pro Ser Arg Gly Tyr Glu Arg
420 425 430
Met

<210> 52

<211> 429

<212> PRT

<213

> Ovis aries

<400> 52

Met Ser Trp Gln Ile Ser Ala Val Val Leu Phe Phe Val Ser Leu Ala
1 5 10 15

Val Ile Trp Tyr Tyr Asp Ser His Met Lys Ala Asn Val Phe Pro Glu
20 25 30

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

Ser Leu Leu Gln Pro Thr Asn His Val Pro Cys Asn Thr Ala Ala Ala
50 55 60

Lys Ser Thr Asp Gly His Val Thr Ser Gln Thr Val Ala Lys Thr Ser
65 70 75 80

Ser Pro Glu Thr Leu Thr Thr Asn Thr Thr Ile Glu Val Leu Val Thr
85 90 95

Thr Ser Pro Val Thr Thr Gln Ser Thr Leu Pro Thr Thr Pro Thr Thr
100 105 110

His Thr Leu Val Thr Thr Leu Ala Thr Pro Ser Lys Ser His Val Thr
115 120 125

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

Pro Pro Val Thr Ile Asn Pro Ala Ala His Thr Thr Gly Asn Arg Pro
145 150 155 160

Ser Thr Ala Ser His Thr Thr Gly Lys Thr Thr Gln Leu Ser Asn Gln
165 170 175

Thr Thr Leu Pro Ala Thr Leu Ser Thr Ser Pro His Asn Ile Thr Thr
180 185 190

Ser Gln Lys Pro Thr Gln Pro Thr His Thr Pro Gly Pro Thr Thr Ala
195 200 205

Ala Asn Asn Thr Thr His Thr Ala Ser Pro Ala Thr Ile Ala Pro Arg

210 215 220

Pro Thr Leu Ala Pro Gln Pro Leu Ser Pro Lys Thr Gly Leu Tyr Gln
225 230 235 240

Val Leu Asn Gly Ser Lys Leu Cys Ile Lys Ala Glu Met Gly Ile Gln
245 250 255

Leu Thr Val Gln Asp Ser Val Ser Val Phe Ser Pro Gln Lys Tyr Phe
260 265 270

Asn Ile Asp Pro Asn Ala Thr Gln Ala Ser Gly Asn Cys Gly Ser Arg
275 280 285

Lys Ser Asn Leu Leu Leu Asn Phe Gln Gly Gly Phe Val Asn Leu Thr
290 295 300

Phe Ile Lys Asp Glu Asn Ser Tyr Tyr Ile Ser Glu Val Glu Ala Tyr
305 310 315 320

Leu Thr Val Ser Asn Pro Ala Lys Val Tyr Gln Gly Met Lys Tyr Ala
325 330 335

Met Met Met Phe Glu Thr Val Val Gly His Ser Phe Lys Cys Val Ser
340 345 350

Glu Gln Ser Ile Gln Leu Ser Asn His Leu Gln Leu Lys Thr Val Asn
355 360 365

Val Gln Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu Asp Asp Arg Phe Gly Asn Ala
370 375 380

Asp Glu Cys Ile Ser Asp Arg Asn Arg Arg Glu Ile Pro Val Ala Val
385 390 395 400

Gly Leu Ser Ile Ala Val Leu Leu Ala Val Leu Leu Thr Ala Cys Leu
405 410 415

Val Thr Arg Lys Arg Pro Ser Arg Gly Tyr Glu Arg Met
420 425

<210> 53

<211> 408

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 53

Met Pro Gly Gln Thr Ser Ala Val Ala Val Leu Leu Cys Leu Ala Val
1 5 10 15

Ile Leu His Gly Tyr Gln Ile Arg Glu Lys Glu Phe Pro Glu Ala Arg
20 25 30
Gly Tyr Leu Gln Tyr Thr Ala Thr Thr Thr Glu Gln Ile Thr Ala Lys
35 40 45
Pro Pro Leu Pro Leu Thr Asn Gln Thr Ser His Ala Thr Leu Ala Ser
50 55 60
Arg Ser Lys Asp Asp Tyr Ile Gln Thr Ala Ala Glu Thr Ser Thr Phe
65 70 75 80

Glu Asp Thr Ala His Ile Thr Met Lys Thr Ala Ile Pro Val Thr Thr
85 90 95
Lys Ser Leu Leu Pro Ile Ser Ser Thr Ser Tyr Thr Phe Val Arg Thr
100 105 110
Asn Asn Ser His Met Thr Ala Ser Ser Thr Glu Asp Thr Ile Gly Ser
115 120 125
Gly Ser Ile Thr His Leu Pro Phe Pro Thr Thr Arg Ala Ser Leu Ala
130 135 140

Ala Val Asn His Ile Thr Gly Arg Ser Thr Gln Leu Gly Gly Gln Thr
145 150 155 160
Thr Leu Pro Lys Ala Leu Phe Thr Pro Ser His Glu Ser Thr Thr Thr
165 170 175
Gln Arg Pro Thr Leu Ser Thr Ile Val Ser Glu Leu Thr Pro Thr Gly
180 185 190
Lys Asp Arg Ser Thr Thr Ser Ser Val Pro Leu Val Pro Arg Pro Thr
195 200 205

Phe Val Thr Trp Ser Ser Pro Ala Lys Ile Gly Thr Tyr Glu Val Leu
210 215 220
Asn Gly Ser Arg Leu Cys Ile Lys Ala Glu Met Gly Ile Ala Leu Ile
225 230 235 240
Val Gln Glu Lys Gly Leu Asp Ser Ala Thr Gln Arg His Phe Asn Ile

245 250 255

Asp Pro Ser Leu Thr His Ala Ser Gly Lys Cys Gly Ser Gln Asn Ser

260 265 270

Asn Leu Phe Leu Asn Phe Gln Gly Gly Ser Val Asn Val Thr Phe Thr

275 280 285

Lys Glu Glu Asn Leu Tyr Tyr Val Ser Glu Val Gly Ala Tyr Leu Thr

290 295 300

Ile Ser Asn Thr Glu Lys Thr Tyr Gln Gly Lys Ser Thr Met Met Met

305 310 315 320

Phe Glu Thr Val Val Gly His Ser Phe Lys Cys Val Ser Glu Gln Ser

325 330 335

Ile Gln Leu Ser Ala Gln Leu Gln Met Lys Thr Met Asn Ile His Leu

340 345 350

Gln Ala Phe Asp Phe Glu Gly Asp Ser Phe Gly Ile Val Asp Glu Cys

355 360 365

Leu Ser Asp Tyr Thr Val Val Leu Pro Val Val Gly Ile Ile Val Val

370 375 380

Val Leu Cys Val Val Gly Leu Gly Ile Tyr Lys Ile Arg Gln Arg Arg

385 390 395 400

Gln Ser Ser Ala Tyr Gln Arg Ile

405

<210> 54

<211> 411

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 54

Met Pro Gly Gln Ile Ser Ala Val Ala Val Leu Phe Leu Ser Leu Thr

1 5 10 15

Val Ile Leu His Gly Tyr Gln Ile Arg Glu Lys Glu Phe Pro Lys Ala

20 25 30

Arg Gly Tyr Leu Gln Tyr Thr Ala Thr Ser Ala Glu Gln Ile Thr Thr

35 40 45

Lys Pro Leu Leu Gln Leu Ile Asn Gln Arg Ser His Ile Thr Leu Ala
50 55 60
Ser Arg Phe Lys Asp Asp Tyr Ile Gln Met Ala Ala Glu Thr Ser Ala
65 70 75 80
Ile Glu Asn Thr Ala His Ile Thr Met Lys Thr Val Thr Pro Val Thr
85 90 95
Thr Lys Ser Leu Pro Pro Ile Ser Ser Ala Ser Tyr Thr Phe Val Arg
100 105 110

Ser Asn Asn Ala His Met Thr Ala Ser Ser Thr Asp Asp Thr Ile Gly
115 120 125
Ser Gly Ser Ile Ala His Leu Pro Val Pro Thr Thr Arg Ala Ser Leu
130 135 140
Ala Ile Val Asn Tyr Ile Thr Gly Arg Ala Thr Gln Leu Gly Gly Gln
145 150 155 160
Thr Thr Leu Pro Lys Thr Phe Phe Thr Ala Ser His Lys Ser Thr Thr
165 170 175

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

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

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

Leu Thr Ile Ser Asn Thr Glu Lys Thr Tyr Gln Gly Lys Lys Asn Thr
305 310 315 320
Leu Met Met Phe Glu Thr Val Val Gly His Ser Phe Lys Cys Val Ser
325 330 335
Glu Gln Ser Ile Gln Leu Ser Ala Gln Leu Gln Met Lys Thr Met Asn
340 345 350
Ile His Leu Gln Ala Phe Asp Phe Glu Gly Asp Ser Phe Gly Asn Val
355 360 365

Asn Glu Cys Leu Ser Asp Tyr Thr Val Val Leu Pro Met Val Ala Ile
370 375 380
Ile Val Val Val Ile Cys Val Val Gly Leu Ser Val Tyr Lys Ile Arg
385 390 395 400
Gln Arg His Gln Ser Ser Ala Tyr Gln Arg Ile
405 410

<210> 55
<211> 314
<212> PRT
<213> Xenopus tropicalis
<400> 55
Met Asp Arg Val Ser Leu Leu Ser Thr Ile Leu Leu Leu Tyr Gly Leu
1 5 10 15

Leu Tyr Ile Asn Asp Ala Tyr Ser Glu Asn Thr Phe Ala Gln Pro Ser
20 25 30
Asn Thr Thr Thr Pro Ala Pro Asn Thr Thr Thr Thr His Val Thr Ser
35 40 45
Asn Thr Thr Thr Leu Ala Pro Asn Thr Thr Thr Thr His Val Thr Ser
50 55 60
Asn Thr Thr Thr Leu Ala Pro Asn Thr Thr Thr Thr His Ile Thr Ser
65 70 75 80

Asn Thr Thr Thr Leu Ala Pro Asn Thr Thr Thr Thr Leu Ala Pro Asn
85 90 95
Thr Thr Thr Thr His Ser Val Thr Thr Thr Lys Thr Ala Ser Thr Thr
100 105 110
Thr Pro Thr Pro Thr Leu Glu Pro Lys Pro Ser Pro Pro Glu Thr Gly
115 120 125
Asn Tyr Thr Val Lys Ile Lys Asn Glu Phe Cys Ile Glu Ala Leu Met
130 135 140

Gly Leu Glu Leu Glu Leu Thr Asn Ser Thr Lys Thr Gln Gln Tyr Phe
145 150 155 160
Asn Ile Val Pro Ser Gln Ile Asn Ser Asn Gly Thr Cys Glu Lys Ser
165 170 175
Lys Ala Asn Leu Asn Leu Thr Phe Ala Asn Ser Tyr Ile Asn Phe Val
180 185 190
Phe Ala Gln Asp Asp Asn Ser Tyr Tyr Leu Asp Asn Val Thr Val Tyr
195 200 205

Phe Asn Leu Thr Arg Ser Glu Ser Trp Tyr Gly Asn Ala Thr Asn Gln
210 215 220
Lys Leu Leu Lys Thr Glu Asn Gly Tyr Ser Val Lys Cys Lys Asn Thr
225 230 235 240
Pro Lys Ile Gln Leu Gly Asp Thr Met Asn Leu Val Met Thr Asn Val
245 250 255
Lys Leu Gln Val Phe Asn Phe Lys Asp Asn Ser Phe Gly Lys Glu Thr
260 265 270

Thr Cys Lys Tyr Asp His Asn Phe Gly Leu Met Ile Ala Gly Ile Val
275 280 285
Ile Val Val Ile Val Val Leu Gly Val Ile Ile Tyr Phe Ile Trp His
290 295 300
Lys Arg Lys Ser Ser Gly Tyr Gln Arg Ile
305 310
<210> 56
<211> 478

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<400> 56

Met Gly Arg Cys Cys Phe Tyr Thr Ala Gly Thr Leu Ser Leu Leu Leu
1 5 10 15

Leu Val Thr Ser Val Thr Leu Leu Val Ala Arg Val Phe Gln Lys Ala
20 25 30

Val Asp Gln Ser Ile Glu Lys Lys Ile Val Leu Arg Asn Gly Thr Glu
35 40 45

Ala Phe Asp Ser Trp Glu Lys Pro Pro Leu Pro Val Tyr Thr Gln Phe
50 55 60

Tyr Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Glu Glu Ile Leu Arg Gly Glu Thr
65 70 75 80

Pro Arg Val Glu Glu Val Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Leu Arg Asn
85 90 95

Lys Ala Asn Ile Gln Phe Gly Asp Asn Gly Thr Thr Ile Ser Ala Val
100 105 110

Ser Asn Lys Ala Tyr Val Phe Glu Arg Asp Gln Ser Val Gly Asp Pro
115 120 125

Lys Ile Asp Leu Ile Arg Thr Leu Asn Ile Pro Val Leu Thr Val Ile
130 135 140

Glu Trp Ser Gln Val Arg Phe Leu Arg Glu Ile Ile Glu Ala Met Leu
145 150 155 160

Lys Ala Tyr Gln Gln Lys Leu Phe Val Thr His Thr Val Asp Glu Leu
165 170 175

Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Glu Ile Leu Ser Leu Ile His Val Phe Arg
180 185 190

Pro Asp Ile Ser Pro Tyr Phe Gly Leu Phe Tyr Glu Lys Asn Gly Thr
195 200 205

Asn Asp Gly Asp Tyr Val Phe Leu Thr Gly Glu Asp Ser Tyr Leu Asn
210 215 220

Phe Thr Lys Ile Val Glu Trp Asn Gly Lys Thr Ser Leu Asp Trp Trp
225 230 235 240
Ile Thr Asp Lys Cys Asn Met Ile Asn Gly Thr Asp Gly Asp Ser Phe
245 250 255
His Pro Leu Ile Thr Lys Asp Glu Val Leu Tyr Val Phe Pro Ser Asp
260 265 270

Phe Cys Arg Ser Val Tyr Ile Thr Phe Ser Asp Tyr Glu Ser Val Gln
275 280 285
Gly Leu Pro Ala Phe Arg Tyr Lys Val Pro Ala Glu Ile Leu Ala Asn
290 295 300
Thr Ser Asp Asn Ala Gly Phe Cys Ile Pro Glu Gly Asn Cys Leu Gly
305 310 315 320
Ser Gly Val Leu Asn Val Ser Ile Cys Lys Asn Gly Ala Pro Ile Ile
325 330 335

Met Ser Phe Pro His Phe Tyr Gln Ala Asp Glu Arg Phe Val Ser Ala
340 345 350
Ile Glu Gly Met His Pro Asn Lys Glu Asp His Glu Thr Phe Val Asp
355 360 365
Ile Asn Pro Leu Thr Gly Ile Ile Leu Lys Ala Ala Lys Arg Phe Gln
370 375 380
Ile Asn Ile Tyr Val Lys Lys Leu Asp Asp Phe Val Glu Thr Gly Asp
385 390 395 400

Ile Arg Thr Met Val Phe Pro Val Met Tyr Leu Asn Glu Ser Val His
405 410 415
Ile Asp Lys Glu Thr Ala Ser Arg Leu Lys Ser Met Ile Asn Thr Thr
420 425 430
Leu Ile Ile Thr Asn Ile Pro Tyr Ile Ile Met Ala Leu Gly Val Phe
435 440 445
Phe Gly Leu Val Phe Thr Trp Leu Ala Cys Lys Gly Gln Gly Ser Met
450 455 460

Asp Glu Gly Thr Ala Asp Glu Arg Ala Pro Leu Ile Arg Thr

465 470 475

<210> 57

<211> 478

<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<400> 57

Met Gly Arg Cys Cys Phe Tyr Thr Ala Gly Thr Leu Ser Leu Leu Leu
1 5 10 15

Leu Val Thr Ser Val Thr Leu Leu Val Ala Arg Val Phe Gln Lys Ala
20 25 30

Val Asp Gln Ser Ile Glu Lys Lys Ile Val Leu Arg Asn Gly Thr Glu
35 40 45

Ala Phe Asp Ser Trp Glu Lys Pro Pro Leu Pro Val Tyr Thr Gln Phe
50 55 60

Tyr Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Glu Glu Ile Leu Arg Gly Glu Thr
65 70 75 80

Pro Arg Val Glu Glu Val Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Leu Arg Asn
85 90 95

Lys Ala Asn Val Gln Phe Gly Asp Asn Gly Thr Thr Ile Ser Ala Val
100 105 110

Ser Asn Lys Ala Tyr Val Phe Glu Arg Asp Gln Ser Val Gly Asp Pro
115 120 125

Lys Ile Asp Leu Ile Arg Thr Leu Asn Ile Pro Val Leu Thr Val Ile
130 135 140

Glu Trp Ser Gln Val His Phe Leu Arg Glu Ile Ile Glu Ala Met Leu
145 150 155 160

Lys Ala Tyr Gln Gln Lys Leu Phe Val Thr His Thr Val Asp Glu Leu
165 170 175

Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Glu Ile Leu Ser Leu Ile His Val Phe Arg
180 185 190

Pro Asp Ile Ser Pro Tyr Phe Gly Leu Phe Tyr Glu Lys Asn Gly Thr
195 200 205

Asn Asp Gly Asp Tyr Val Phe Leu Thr Gly Glu Asp Asn Tyr Leu Asn
210 215 220
Phe Thr Lys Ile Val Glu Trp Asn Gly Lys Thr Ser Leu Asp Trp Trp
225 230 235 240

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

Thr Ser Asp Asn Ala Gly Phe Cys Ile Pro Glu Gly Asn Cys Leu Gly
305 310 315 320
Ser Gly Val Leu Asn Val Ser Ile Cys Lys Asn Gly Ala Pro Ile Ile
325 330 335
Met Ser Phe Pro His Phe Tyr Gln Ala Asp Glu Arg Phe Val Ser Ala
340 345 350
Ile Glu Gly Met His Pro Asn Lys Glu Asp His Glu Thr Phe Val Asp
355 360 365

Ile Asn Pro Leu Thr Gly Ile Ile Leu Lys Ala Ala Lys Arg Phe Gln
370 375 380
Ile Asn Ile Tyr Val Lys Lys Leu Asp Asp Phe Val Glu Thr Gly Asp
385 390 395 400
Ile Arg Thr Met Val Phe Pro Val Met Tyr Leu Asn Glu Ser Val Leu
405 410 415
Ile Asp Lys Glu Thr Ala Ser Arg Leu Lys Ser Val Ile Asn Thr Thr
420 425 430

Leu Ile Ile Thr Asn Ile Pro Tyr Ile Ile Met Ala Leu Gly Val Phe
435 440 445
Phe Gly Phe Val Phe Thr Trp Leu Ala Cys Lys Gly Gln Gly Ser Met

450 455 460

Asp Glu Gly Thr Ala Asp Glu Arg Ala Pro Leu Ile Arg Thr

465 470 475

<210> 58

<211> 478

<212> PRT

<213> Canis lupus familiaris

<400> 58

Met Gly Arg Cys Cys Phe Tyr Thr Val Gly Thr Leu Ser Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Val Thr Ser Ile Ala Leu Leu Val Ala Arg Val Phe Gln Lys Ala

20 25 30

Val Asp Gln Thr Ile Glu Lys Asn Ile Val Leu Arg Asn Gly Ser Glu

35 40 45

Thr Phe Asp Ser Trp Lys Lys Pro Pro Leu Pro Val Tyr Ala Gln Phe

50 55 60

Tyr Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Glu Glu Ile Leu Arg Gly Glu Ile

65 70 75 80

Pro Arg Leu Glu Glu Val Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Leu Arg Asp

85 90 95

Lys Ala Asp Ile Gln Phe Gly Asp Asn Gly Thr Thr Ile Ser Ala Val

100 105 110

Ser Asn Lys Ala Tyr Val Phe Glu Arg Asn Gln Ser Val Gly Asp Pro

115 120 125

Lys Thr Asp Leu Ile Arg Thr Leu Asn Ile Pro Ala Val Thr Ala Met

130 135 140

Glu Trp Ala His Leu His Phe Phe Arg Glu Leu Ile Glu Ala Leu Leu

145 150 155 160

Lys Ala Tyr Gln Gln Thr Leu Phe Val Thr His Thr Val Asp Glu Leu

165 170 175

Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Glu Ile Leu Ser Leu Ile Asn Val Phe Lys

180 185 190

Pro Glu Ile Ser Pro Tyr Phe Gly Leu Tyr Tyr Gly Lys Asn Gly Thr

195 200 205

Asn Asp Gly Asp Tyr Val Phe Leu Thr Gly Glu Asp Asn Tyr Leu Asn

210 215 220

Phe Ser Lys Ile Val Glu Trp Asn Gly Lys Thr Ser Leu Asp Trp Trp

225 230 235 240

Thr Thr Asp Lys Cys Asn Met Ile Asn Gly Thr Asp Gly Asp Ser Phe

245 250 255

His Pro Leu Ile Asp Lys Asp Glu Ile Leu Tyr Val Phe Pro Ser Glu

260 265 270

Phe Cys Arg Ser Val Tyr Ile Thr Phe Ser Asp Phe Lys Ser Val Gln

275 280 285

Gly Leu Pro Ala Phe Arg Tyr Lys Val Pro Gly Glu Val Leu Ala Asn

290 295 300

Thr Ser Asp Asn Ala Gly Phe Cys Val Pro Lys Gly Asn Cys Leu Gly

305 310 315 320

Ser Gly Val Leu Asn Ile Ser Ile Cys Lys Asn Gly Ala Pro Ile Ile

325 330 335

Ile Ser Phe Pro His Phe Tyr Glu Ala Asp Lys Lys Phe Val Ser Ala

340 345 350

Ile Asp Gly Met Arg Pro Asn Lys Asp Tyr His Glu Thr Phe Val Asp

355 360 365

Ile Asn Pro Leu Thr Gly Ile Ile Leu Arg Ala Ala Lys Arg Phe Gln

370 375 380

Ile Asn Val Tyr Val Lys Lys Leu Asp Asp Phe Ile Glu Thr Gly Asn

385 390 395 400

Ile Arg Thr Met Val Phe Pro Val Met Tyr Ile Asn Glu Ser Val Leu

405 410 415

Ile Asp Lys Asp Thr Ala Ser Arg Leu Lys Ser Val Ile Asn Thr Thr

420 425 430

Leu Ile Ile Thr Asn Ile Pro Tyr Ile Val Met Ala Leu Gly Val Phe

435 440 445

Phe Gly Leu Ile Phe Thr Trp Leu Ala Cys Arg Gly Gln Gly Ser Met

450 455 460

Asp Glu Gly Thr Pro Asp Glu Arg Ala Pro Leu Ile Arg Thr

465 470 475

<210> 59

<211> 478

<212> PRT

<213> Bos taurus

<400> 59

Met Gly Arg Cys Cys Phe Tyr Ala Val Gly Thr Leu Ser Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Val Thr Ser Ile Thr Leu Leu Val Ala Arg Val Phe Gln Lys Ala

20 25 30

Val Asp Gln Thr Ile Glu Lys Asn Ile Val Leu Arg Asn Gly Ser Glu

35 40 45

Thr Phe Asp Ser Trp Lys Lys Pro Pro Leu Pro Val Tyr Thr Gln Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Arg Leu Glu Glu Val Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Leu Arg Asn

85 90 95

Lys Asp Asp Ile Gln Phe Gly Asp Asn Gly Thr Thr Ile Ser Ala Val

100 105 110

Ser Asn Lys Ala Tyr Val Phe Glu Arg Asp Lys Ser Val Gly Asp Pro

115 120 125

Lys Ile Asp Leu Leu Arg Thr Leu Asn Ile Pro Ala Leu Thr Ala Met

130 135 140

Glu Trp Thr Gln Leu Pro Leu Leu Arg Asp Ile Ile Glu Ala Leu Leu

145 150 155 160

Lys Ala Tyr Arg Gln Lys Leu Phe Val Thr His Thr Val Asp Glu Leu

165 170 175

Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Glu Ile Leu Ser Leu Ile Asn Thr Phe Lys

180 185 190

His Asp Val Ser Pro Tyr Phe Gly Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Gly Thr

195 200 205

Asn Asp Gly Asp Tyr Val Phe Leu Thr Gly Glu Asp Asn Tyr Leu Asn

210 215 220

Phe Ser Lys Ile Val Glu Trp Asn Gly Lys Thr Ser Leu Asp Trp Trp

225 230 235 240

Thr Ala Asp Glu Cys Asn Met Ile Asn Gly Thr Asp Gly Asp Thr Phe

245 250 255

His Pro Leu Ile Thr Arg Asp Glu Val Leu Tyr Val Phe Pro Ser Asp

260 265 270

Phe Cys Arg Ser Val Tyr Ile Thr Phe Ser Asp Phe Glu Ser Val Gln

275 280 285

Gly Leu Pro Ala Leu Arg Tyr Lys Val Pro Ala Glu Ile Leu Ala Asn

290 295 300

Thr Ser Asp Asn Ala Gly Phe Cys Ile Pro Lys Gly Asn Cys Leu Gly

305 310 315 320

Ser Gly Val Leu Asn Val Ser Val Cys Lys Asn Gly Ala Pro Ile Ile

325 330 335

Met Ser Phe Pro His Phe Tyr Gln Ala Asp Glu Lys Phe Val Ser Ala

340 345 350

Ile Gly Gly Met His Pro Asn Lys Glu Tyr His Glu Thr Phe Val Asp

355 360 365

Ile Asn Pro Leu Thr Gly Ile Ile Leu Arg Ala Ala Lys Arg Phe Gln

370 375 380

Ile Asn Val Tyr Val Arg Lys Leu Asp Asp Phe Val Glu Thr Gly Asn

385 390 395 400

Ile Gln Thr Leu Val Phe Pro Val Met Tyr Ile Asn Glu Ser Val Leu

405 410 415

Ile Asp Lys Glu Thr Ala Ser Arg Leu Lys Ser Val Ile Asn Thr Thr

420 425 430

Leu Ile Val Thr Asn Ile Pro Tyr Ile Ile Met Ala Leu Gly Val Phe

435 440 445

Phe Gly Leu Ile Phe Thr Trp Leu Ala Cys Arg Gly Gln Gly Ser Thr

450 455 460

Asp Glu Gly Thr Ala Asp Glu Arg Ala Pro Leu Ile Arg Thr

465 470 475

<210> 60

<211> 478

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 60

Met Gly Arg Cys Cys Phe Tyr Thr Ala Gly Thr Leu Ser Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Val Thr Ser Val Thr Leu Leu Val Ala Arg Val Phe Gln Lys Ala

20 25 30

Val Asp Gln Thr Ile Glu Lys Asn Met Val Leu Gln Asn Gly Thr Lys

35 40 45

Val Phe Asn Ser Trp Glu Lys Pro Pro Leu Pro Val Tyr Ile Gln Phe

50 55 60

Tyr Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Glu Glu Ile Leu Gln Gly Glu Ile

65 70 75 80

Pro Leu Leu Glu Glu Val Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Leu Arg Asn

85 90 95

Lys Ala Asn Ile Gln Phe Gly Glu Asn Gly Thr Thr Ile Ser Ala Val

100 105 110

Thr Asn Lys Ala Tyr Val Phe Glu Arg Asn Gln Ser Val Gly Asp Pro

115 120 125

Asn Val Asp Leu Ile Arg Thr Ile Asn Ile Pro Leu Leu Thr Val Val

130 135 140

Asp Leu Ala Gln Leu Thr Leu Leu Arg Glu Leu Ile Glu Ala Met Leu
145 150 155 160
Lys Ala Tyr Gln Gln Lys Leu Phe Val Ile His Thr Val His Glu Leu
165 170 175
Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Glu Ile Leu Ser Leu Val His Ile Phe Lys
180 185 190
Pro Asp Val Ser Pro Asn Phe Gly Leu Phe Tyr Glu Arg Asn Gly Thr

195 200 205
Asn Asp Gly Glu Tyr Val Phe Leu Thr Gly Glu Asp Asn Tyr Leu Asn
210 215 220
Phe Ser Lys Ile Val Glu Trp Asn Gly Lys Thr Ser Leu Asp Trp Trp
225 230 235 240
Thr Thr Asp Thr Cys Asn Met Ile Asn Gly Thr Asp Gly Asp Ser Phe
245 250 255
His Pro Leu Ile Ser Lys Asp Glu Val Leu Tyr Leu Phe Pro Ser Asp

260 265 270
Leu Cys Arg Ser Val His Ile Thr Phe Ser Ser Phe Glu Asn Val Glu
275 280 285
Gly Leu Pro Ala Phe Arg Tyr Lys Val Pro Ala Glu Ile Leu Ala Asn
290 295 300
Thr Ser Glu Asn Ala Gly Phe Cys Ile Pro Glu Gly Asn Cys Met Asp
305 310 315 320
Ser Gly Val Leu Asn Ile Ser Ile Cys Lys Asn Gly Ala Pro Ile Ile

325 330 335
Met Ser Phe Pro His Phe Tyr Gln Ala Asp Glu Lys Phe Val Ser Ala
340 345 350
Ile Lys Gly Met His Pro Asn Lys Glu Glu His Glu Ser Phe Val Asp
355 360 365
Ile Asn Pro Leu Thr Gly Ile Ile Leu Arg Gly Ala Lys Arg Phe Gln
370 375 380
Ile Asn Thr Tyr Val Arg Lys Leu Asp Asp Phe Val Glu Thr Gly Asp

385 390 395 400

Ile Arg Thr Met Val Phe Pro Val Met Tyr Leu Asn Glu Ser Val Leu

405 410 415

Ile Asp Lys Glu Thr Ala Asn Gln Leu Lys Ser Val Ile Asn Thr Thr

420 425 430

Leu Val Val Thr Asn Ile Pro Tyr Ile Ile Met Ala Leu Gly Val Phe

435 440 445

Phe Gly Leu Val Phe Thr Trp Leu Ala Cys Arg Gly Gln Gly Ser Met

450 455 460

Asp Glu Gly Thr Ala Asp Glu Arg Ala Pro Leu Ile Arg Thr

465 470 475

<210> 61

<211> 531

<212> PRT

<213> Danio rerio

<400> 61

Met Thr Arg Arg Ser Cys Thr Ile Tyr Ala Thr Gly Ile Val Cys Ala

1 5 10 15

His Leu Leu Ile Leu Gly Ile Ala Leu Leu Leu Ala Gln Val Phe Gln

20 25 30

Thr Met Ile Gln Glu Arg Ile Lys Lys Glu Ile Thr Leu Ala Glu Asn

35 40 45

Ser Arg Val Leu Asp Gly Trp Ile Asn Pro Pro Pro Pro Val Tyr Met

50 55 60

Gln Tyr Phe Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Asp Glu Phe Leu Ala Gly

65 70 75 80

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

85 90 95

Tyr Arg Pro Arg Glu Asn Val Thr Tyr Leu Glu Asn Gly Thr Lys Ile

100 105 110

Phe Ala Thr Asn Pro Lys Ser Phe Val Phe Leu Arg Asn Met Ser Ala

115 120 125

Gly Asp Pro Glu Val Asp Arg Val Thr Thr Val Asn Ile Pro Met Ile

130 135 140

Ala Val Met Asn Glu Leu Asn Ser Tyr Ser Phe Phe Val Arg Thr Ala

145 150 155 160

Val Ser Met Tyr Met Gly Ser Met Gly Met Gly Leu Phe Met Asn Arg

165 170 175

Thr Val His Glu Ile Leu Trp Gly Phe Lys Asp Pro Leu Leu Thr Lys

180 185 190

Leu His Ala Met Arg Pro Glu Val Asp Glu His Phe Gly Leu Met Tyr

195 200 205

Asn Lys Asn Gly Thr His Glu Gly Glu Phe Val Phe His Thr Gly Glu

210 215 220

Lys Asn Tyr Met Asn Tyr Gly Lys Ile Asp Thr Trp Asn Gly Ile Ser

225 230 235 240

Gln Met Asn Trp Trp Ser Ser Asn Gln Ser Asn Met Ile Asn Gly Thr

245 250 255

Asp Gly Ser Val Phe His Thr Phe Leu Ser Arg Lys Glu Leu Leu Tyr

260 265 270

Ile Phe Ala Ala Asp Leu Cys Arg Ser Ile His Leu Gly Tyr Val Arg

275 280 285

Asp Met Glu Val Lys Gly Ile Pro Ala Phe Arg Phe Ala Pro Pro Ser

290 295 300

Asp Val Leu Ala Pro Pro Asp Glu Asn Pro Ala Asn Ala Gly Phe Cys

305 310 315 320

Val Pro Ala Gly Asp Cys Leu Gly Lys Gly Val Leu Lys Val Ser Val

325 330 335

Cys Arg Gln Gly Ala Pro Ile Val Val Ser Phe Pro His Phe Tyr Gln

340 345 350

Ala Asp Glu Arg Tyr Ile Asn Ala Ile Glu Gly Met Asn Pro Asn Glu

355 360 365

Glu Glu His Glu Thr Tyr Leu Asp Ile Asn Pro Thr Thr Gly Val Pro

370 375 380

Ile Arg Ala Cys Lys Arg Ala Gln Leu Asn Ile Ile Leu Lys Arg Val

385 390 395 400

Arg Gly Phe Pro Asn Thr Lys Phe Leu Asn Glu Thr Ile Phe Pro Ile

405 410 415

Met Tyr Val Asn Glu Thr Ala Thr Ile Asp Asp Glu Ser Ala Ala Gln

420 425 430

Met Arg Met Leu Leu Leu Ile Val Thr Val Val Ser Asn Phe Pro Val

435 440 445

Ile Ile Leu Ala Leu Gly Val Ile Leu Leu Val Val Leu Ile Phe Leu

450 455 460

Val Cys Arg Asn Arg Gln Arg Lys Asn Glu Val Lys Arg Ile Asp Phe

465 470 475 480

Thr Glu Ala Phe His Ser Phe Ala Thr Thr Lys Asp Glu Thr Ala Tyr

485 490 495

Thr Gln Val Ser Asn Gln Ala Glu Asp Ser Pro Glu Asn Arg Asn Asn

500 505 510

Gln Pro Leu Arg Asn Gly Ser Tyr Ile Ala Met Ser Pro Val Glu Ala

515 520 525

Gln Lys Cys

530

<210> 62

<211> 478

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 62

Met Ala Arg Cys Cys Phe Tyr Thr Ala Gly Thr Leu Ser Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Val Thr Ser Val Thr Leu Leu Val Ala Arg Val Phe Gln Lys Ala

20 25 30

Val Asp Gln Thr Ile Glu Lys Asn Met Val Leu Gln Asn Gly Thr Lys

35 40 45

Val Phe Asp Ser Trp Glu Lys Pro Pro Leu Pro Val Tyr Ile Gln Phe
50 55 60
Tyr Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Glu Glu Ile Leu Gln Gly Glu Ile
65 70 75 80

Pro Leu Leu Glu Glu Val Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Leu Arg Asn
85 90 95
Lys Ala Asn Val Gln Phe Gly Glu Asn Gly Thr Thr Ile Ser Ala Val
100 105 110
Thr Asn Lys Ala Tyr Ile Phe Glu Arg Asn Gln Ser Val Gly Asp Pro
115 120 125
Thr Val Asp Leu Ile Arg Thr Ile Asn Ile Pro Leu Leu Thr Val Val
130 135 140

Glu Met Ala Gln Gln Pro Phe Leu Arg Glu Ile Ile Glu Ala Met Leu
145 150 155 160
Lys Ala Tyr Gln Gln Thr Leu Phe Val Thr His Thr Val His Glu Leu
165 170 175
Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Glu Val Leu Ser Leu Val His Ile Phe Arg
180 185 190
Pro Asp Val Ser Pro Asn Phe Gly Leu Phe Tyr Glu Arg Asn Gly Thr
195 200 205

Asn Asp Gly Glu Tyr Val Phe Leu Thr Gly Glu Asp Asn Tyr Leu Asn
210 215 220
Phe Thr Lys Ile Val Glu Trp Asn Gly Lys Thr Ser Leu Asp Trp Trp
225 230 235 240
Thr Thr Asp Thr Cys Asn Met Ile Asn Gly Thr Asp Gly Asp Ser Phe
245 250 255
His Pro Leu Ile Ser Lys Asp Glu Thr Leu Tyr Ile Phe Pro Ser Asp
260 265 270

Phe Cys Arg Ser Val Tyr Ile Thr Phe Ser Ser Phe Glu Asn Val Glu
275 280 285
Gly Leu Pro Ala Phe Arg Tyr Lys Val Pro Ala Glu Ile Leu Ala Asn

290 295 300

Ser Ser Glu Asn Ala Gly Phe Cys Ile Pro Glu Gly Asn Cys Met Asp

305 310 315 320

Ala Gly Val Leu Asn Val Ser Ile Cys Lys Asn Gly Ala Pro Ile Ile

325 330 335

Met Ser Phe Pro His Phe Tyr Gln Ala Asp Glu Lys Phe Val Ser Ala

340 345 350

Ile Lys Gly Met Arg Pro Asn Lys Glu Glu His Glu Ser Phe Val Asp

355 360 365

Ile Asn Pro Leu Thr Gly Ile Ile Leu Arg Gly Ala Lys Arg Phe Gln

370 375 380

Ile Asn Thr Tyr Val Lys Lys Leu Asp Asp Phe Val Glu Thr Gly Asn

385 390 395 400

Ile Arg Thr Met Val Phe Pro Val Met Tyr Leu Asn Glu Ser Val Leu

405 410 415

Ile Asp Lys Glu Thr Ala Ser Gln Leu Lys Ser Val Ile Asn Thr Thr

420 425 430

Leu Ile Val Thr Asn Ile Pro Tyr Ile Ile Met Ala Leu Gly Val Phe

435 440 445

Phe Gly Leu Ile Phe Thr Trp Leu Ala Cys Arg Gly Gln Gly Ser Thr

450 455 460

Asp Glu Gly Thr Ala Asp Glu Arg Ala Pro Leu Ile Arg Thr

465 470 475

<210> 63

<211> 481

<212> PRT

<213> Gallus gallus

<400> 63

Met Arg Ser Leu Cys Leu Val Thr Val Gly Val Leu Ala Leu Thr Leu

1 5 10 15

Leu Ile Ala Ser Ile Ser Leu Leu Val Ala His Val Phe Gln Thr Val

20 25 30

Val Asp Leu Gln Val Lys Gln Gly Thr Val Leu Lys Asn Gly Thr Glu
35 40 45

Thr Phe Glu Ala Trp Glu Asp Pro Pro Pro Pro Val Tyr Met Gln Phe
50 55 60
Tyr Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Leu Glu Val Leu Gln Gly Ala Thr
65 70 75 80
Pro Leu Val Glu Glu Lys Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Tyr Arg Pro
85 90 95
Arg Val His Val Gln Phe Leu Asp Asn Gly Thr Lys Val Ser Ala Leu
100 105 110

Asn Pro Lys Thr Tyr Val Phe Glu Pro Glu Lys Ser Val Gly Asn Pro
115 120 125
Glu Val Asp Leu Ile Arg Thr Ile Asn Val Pro Ala Val Thr Ala Met
130 135 140
Glu Trp Thr Arg Ala Thr Ser Leu Gln Phe Ala Thr Glu Val Leu Leu
145 150 155 160
Leu Leu Tyr Gln Glu Ser Leu Phe Thr Val Arg Thr Val His Glu Leu
165 170 175

Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Lys Leu Leu Ser Thr Ile His Val Leu His
180 185 190
Pro Glu Ile Asp Pro Val Phe Gly Phe Phe Asn Lys Met Asn Gly Thr
195 200 205
Asp Asp Gly Glu Tyr Val Phe Leu Ser Gly Glu Met Asn Tyr Leu Asn
210 215 220
Phe Ser Arg Ile Val Glu Trp Lys Gly Lys Glu Ser Leu Asn Trp Trp
225 230 235 240

Thr Thr Lys Thr Cys Asn Met Ile Asn Gly Thr Asp Gly Thr Ser Phe
245 250 255
His Pro Leu Ile Ser Lys Asp Glu Asn Ile Tyr Ile Phe Ser Ser Asp
260 265 270
Phe Cys Arg Ser Leu Tyr Leu Val Tyr Asp Ser Ser Gly Ser Val Ala

275 280 285

Gly Val Pro Thr Tyr Arg Phe Val Pro Ser Pro Met Val Phe Ala Asn

290 295 300

Thr Thr Val Asn Pro Asp Asn Ala Gly Phe Cys Val Pro Pro Gly Asn

305 310 315 320

Cys Pro Gly Ala Gly Val Leu Asn Val Ser Ile Cys Lys Gln Gly Ala

325 330 335

Pro Ile Phe Leu Ser Ala Pro His Phe Tyr Gln Ala Asp Gln Lys Phe

340 345 350

Val Ser Asp Ile Glu Gly Met His Pro Thr Lys Glu Tyr His Glu Thr

355 360 365

Phe Val Asp Ile Asn Pro Leu Thr Gly Leu Val Leu Gln Ala Ala Lys

370 375 380

Arg Met Gln Ile Asn Ile His Val Arg Lys Leu Pro Glu Phe Phe Glu

385 390 395 400

Thr Gly Asn Ile Arg Thr Leu Ile Phe Pro Val Met Tyr Ile Asn Glu

405 410 415

Ser Val Leu Ile Asp Glu Ala Ser Ala Asn Lys Leu Lys His Val Leu

420 425 430

Leu Glu Ala Ser Val Val Thr Gly Ile Pro Phe Val Ile Met Ala Ile

435 440 445

Gly Ile Val Phe Gly Ile Val Phe Ser Val Leu Val Cys Arg Ala Gln

450 455 460

Gly Ala Arg Glu Glu Ser Thr Glu Glu Glu Arg Ser Pro Leu Ile Arg

465 470 475 480

Thr

<210> 64

<211> 483

<212> PRT

<213> Xenopus tropicalis

<400> 64

Met Val Lys Trp Ala Val Phe Gly Thr Ala Ala Val Ser Val Thr Leu

1 5 10 15

Leu Ile Val Ser Ile Val Leu Leu Leu Thr His Thr Phe Met Asp Ile

20 25 30

Val Glu Gly Gln Val Lys Gln Ala Ile Val Leu Lys Asn Glu Ser Glu

35 40 45

Val Phe Glu Asp Trp Ala Asn Pro Pro Pro Pro Val Tyr Met Gln Phe

50 55 60

Tyr Phe Phe Asn Val Thr Asn Pro Leu Glu Val Leu Ser Gly Glu Lys

65 70 75 80

Pro Phe Val Asp Glu Ile Gly Pro Tyr Thr Tyr Arg Glu Tyr Arg Pro

85 90 95

Arg Glu Asn Ile Thr Phe Ser Val Asn Gly Thr Glu Val Ser Ala Val

100 105 110

Thr Pro Lys Thr Tyr Val Phe Glu Pro Glu Lys Ser Ile Gly Asp Pro

115 120 125

Lys Val Asp Leu Ile Arg Thr Val Asn Ile Pro Leu Val Thr Ile Leu

130 135 140

Glu Met Thr Lys Asp Ser Ser Leu Leu Arg Pro Phe Ile Ile Ala Ala

145 150 155 160

Leu Lys Thr Tyr Lys Glu Gly Met Phe Val Thr Arg Thr Val Asp Glu

165 170 175

Leu Leu Trp Gly Tyr Lys Asp Ala Val Leu Ser Ile Leu His Pro Phe

180 185 190

Lys Lys Asn Ile Ser Asp Thr Phe Gly Leu Phe Tyr Lys Met Asn Thr

195 200 205

Thr Asp Asp Gly Glu Tyr Ile Phe Leu Ser Gly Glu Lys Asp Tyr Leu

210 215 220

Glu Phe Thr Gln Ile Ala Glu Trp Lys Gly Gln Lys Ala Leu Asn Trp

225 230 235 240

Trp Thr Thr Glu Thr Cys Asn Met Ile Asn Gly Thr Asp Gly Thr Ser

245 250 255

Phe His Pro Leu Leu Asn Lys Asp Asp Thr Ile Tyr Met Phe Ser Ser

260 265 270

Asp Leu Cys Arg Ser Ile Tyr Ala Val Tyr Glu Ser Ser Glu Asn Ile

275 280 285

Lys Asp Ile Ser Val Phe Arg Phe Ser Pro Pro Ala Ser Val Phe Ala

290 295 300

Asn Val Ser Val Asn Pro Gln Asn Lys Gly Phe Cys Val Pro Glu Gly

305 310 315 320

Asn Cys Leu Pro Ser Gly Leu Leu Asn Val Ser Ile Cys Lys Glu Gly

325 330 335

Ala Pro Ile Val Leu Ser Ser Pro His Phe Tyr Gln Ala Asp Glu Asn

340 345 350

Val Ile Asn Ser Ile Arg Gly Met Lys Pro Val Lys Glu His His Met

355 360 365

Thr Phe Leu Asp Leu Asn Pro Leu Thr Gly Thr Leu Ile Gln Ala Ala

370 375 380

Lys Arg Ile Gln Val Asn Val Tyr Val Arg Lys Ile Asn Val Tyr Leu

385 390 395 400

Ile Thr Gln Asp Ile Gln Thr Leu Phe Phe Pro Val Met His Leu Asn

405 410 415

Glu Ser Val Leu Ile Asp Asp Lys Ser Ala Gly Arg Leu Arg Ser Ile

420 425 430

Leu Phe Gln Gly Arg Val Val Ala Asn Ile Pro Phe Ile Ile Met Gly

435 440 445

Leu Gly Ile Ile Leu Ala Phe Leu Phe Thr Thr Leu Ser Cys Leu Gln

450 455 460

Lys Arg Ser Arg Asp Glu Gly Thr Glu Glu Glu Arg Gly Pro Leu Ile

465 470 475 480

Arg Ala Ser

<210> 65

<211> 551

<212> PRT

<213> Drosophila melanogaster

<400> 65

Met Gln Leu Asp Asp Ile Leu His Ile Asn Asn Cys Lys Ala Asp Cys
1 5 10 15

Ser Ser Leu Ser Thr Thr Pro Asn Pro Lys Thr Asp Leu Val Asn Met
20 25 30

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

Arg Lys Trp Trp Ile Thr Ile Val Val Ala Ala Ala Leu Ile Ile Gly
50 55 60

Gly Ile Val Val Ala Cys Glu Phe Thr Val Leu Ile Asp Ala Val Val
65 70 75 80

Asp Arg Met Val Ala Leu Arg Pro Gly Ala Lys Thr Phe Gly Trp Trp
85 90 95

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

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

Glu Val Gly Pro Tyr Val Tyr Ser Glu Thr Trp Glu Lys Val Asn Ile
130 135 140

Val Glu Asn Asp Asn Gly Thr Leu Ser Tyr Asn Leu Arg Lys Ile Tyr
145 150 155 160

Ser Phe Arg Glu Asp Leu Ser Val Gly Pro Glu Asp Asp Val Val Ile
165 170 175

Val Pro Asn Ile Pro Met Leu Ser Ala Thr Ser Gln Ser Lys His Ala
180 185 190

Ala Arg Phe Leu Arg Leu Ala Met Ala Ser Ile Met Asp Ile Leu Lys
195 200 205

Ile Lys Pro Phe Val Gln Val Ser Val Gly Gln Leu Leu Trp Gly Tyr

210 215 220

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

Thr Thr Asp Ala Cys Asn Thr Leu Ala Gly Thr Asp Gly Ser Ile Phe
290 295 300
Pro Pro His Ile Asp His Asp Arg Ile Leu His Val Tyr Asp Lys Asp
305 310 315 320
Leu Cys Arg Leu Leu Pro Leu Val Phe Glu Lys Glu Val Met Thr Ser
325 330 335
Asn Glu Val Pro Gly Tyr Arg Phe Thr Pro Pro Glu Trp Val Phe Ala
340 345 350

Asp Val Asp Ser His Pro Asp Asn Met Cys Phe Cys Pro Ala Gly Lys
355 360 365
Pro Ser Cys Ser Pro Asn Gly Leu Phe Asn Val Ser Leu Cys Gln Tyr
370 375 380
Asp Ser Pro Ile Met Leu Ser Phe Pro His Phe Tyr Leu Ala Asp Glu
385 390 395 400
Ser Leu Arg Thr Gln Val Glu Gly Ile Ser Pro Pro Met Lys Glu Lys
405 410 415

His Gln Phe Phe Phe Asp Val Gln Pro Lys Met Gly Thr Thr Leu Arg
420 425 430
Val Arg Ala Arg Ile Gln Ile Asn Leu Ala Val Ser Gln Val Phe Asp
435 440 445
Ile Lys Gln Val Ala Asn Phe Pro Asp Ile Ile Phe Pro Ile Leu Trp
450 455 460

Phe Glu Glu Gly Ile Asp Asn Leu Pro Asp Glu Val Thr Asp Leu Met
465 470 475 480

Arg Phe Ala Glu Gln Val Pro Pro Lys Ile Arg Val Ala Leu Ile Val
485 490 495
Gly Leu Cys Ala Leu Gly Val Ile Leu Leu Leu Leu Ser Thr Phe Cys
500 505 510
Leu Ile Arg Asn Ser His Arg Gln Ser Thr Leu His Leu Glu Gly Ser
515 520 525
Asn Tyr Leu Ala Thr Ala Gln Val Asp Met Asn Lys Lys Gln Asn Lys
530 535 540

Asp Asn Gln Pro Ala Arg Tyr
545 550

<210> 66
<211> 522
<212> PRT
<213> Anopheles gambiae str. PEST
<400> 66
Met Tyr Gly Arg Ser Asn Arg Leu Cys Ala Lys Leu Ser Ser Ala Phe
1 5 10 15
Leu Arg Lys Trp Trp Phe Val Ile Ala Phe Ala Leu Ser Leu Leu Val
20 25 30
Leu Gly Ala Leu Val Thr Phe Gly Phe Thr Ala Phe Ile Arg Thr Ile
35 40 45

Ile Asp His Gln Val Ala Leu Arg Val Gly Gly Gln Ser Phe Gly Trp
50 55 60
Trp Ser Arg Pro Pro Val Glu Pro Ile Ile Arg Ile Phe Val Tyr Asn
65 70 75 80
Val Thr Asn Ala Asp Glu Phe Leu Asn Asn Gly Thr Lys Pro Ile Leu
85 90 95
Asp Glu Leu Gly Pro Tyr Val Tyr Val Gln Thr Trp Glu Lys Val Asn
100 105 110

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

Tyr Ile Phe Asn Glu Asp Leu Ser Gly Gly Leu Glu Asp Asp Val Val
130 135 140

Ile Val Pro Asn Ile Pro Met Leu Ser Ala Thr Ser Gln Ser Lys His
145 150 155 160

Ala Ala Arg Phe Leu Arg Leu Ala Met Ala Ser Ile Met Asp Ile Leu
165 170 175

Lys Ile Lys Pro Phe Val Glu Val Ser Val Gly Gln Leu Leu Trp Gly
180 185 190

Tyr Glu Asp Pro Leu Leu Lys Leu Ala Lys Asp Val Val Pro Lys Glu
195 200 205

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

Thr Ser Lys Asp Thr Val Thr Val Trp Thr Gly Val Asp Asp Ile Thr
225 230 235 240

Gln Tyr Gly Ile Ile Asp Lys Tyr Asn Gly Arg Ser His Gln Thr His
245 250 255

Trp Leu Ser Glu Gln Cys Asn Arg Leu Asn Gly Thr Asp Gly Ser Ile
260 265 270

Phe Pro Pro Arg Ile Thr Lys Asn Ser Thr Leu His Val Tyr Glu Lys
275 280 285

Asp Leu Cys Arg Leu Leu Pro Leu Ser Phe Glu Lys Glu Val Thr Val
290 295 300

Arg Gly Gly Val Lys Gly Tyr Arg Phe Thr Pro Ser Pro Asp Val Phe
305 310 315 320

Ala Ser Val Asp Lys Asn Pro Asn Asn Met Cys Tyr Cys Pro Ala Gly
325 330 335

Pro Pro Cys Ala Pro His Gly Leu Phe Asn Val Ser Leu Cys Gln Tyr
340 345 350

Asp Ser Pro Ile Leu Leu Ser Phe Pro His Phe Tyr Met Ala Asp Gln

355 360 365

Thr Leu Arg Thr Ala Val Glu Gly Ile Ser Pro Pro Glu Lys Asp Lys
370 375 380
His Gln Leu Phe Ile Asp Val Gln Pro Asp Met Gly Thr Ala Leu Arg
385 390 395 400
Ala Arg Ala Arg Ile Gln Ile Asn Leu Ala Val Ser Gln Val Val Asp
405 410 415
Ile Lys Gln Val Ala Asn Phe Pro Asp Ile Val Phe Pro Ile Leu Trp
420 425 430

Phe Glu Glu Gly Ile Asp Ser Leu Pro Asp Glu Ile Leu Asp Leu Met
435 440 445
Lys Val Ala Thr Asn Ile Pro Pro Arg Ala Lys Phe Ile Leu Thr Ile
450 455 460
Ala Leu Phe Gly Leu Gly Gly Phe Leu Phe Val Val Ala Val Ile Cys
465 470 475 480
Leu Val Arg Lys Ser His Arg Gln Ser Thr Leu His Leu Glu Gly Ser
485 490 495

Asn Tyr Leu Ala Thr Ala Ser Val Asp Gln Ala Lys Lys Lys Ala Lys
500 505 510
Met Asp Asn Gly Met Ser Ser Lys Ser Asn
515 520

<210> 67
<211> 338
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 67
Met Val Arg Arg Val Gln Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu
1 5 10 15
Leu Arg Leu Leu Cys Leu Leu Pro Thr Gly Leu Pro Val Arg Ser Val
20 25 30

Asp Phe Asn Arg Gly Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr

35 40 45

Ala Ile Leu Arg Cys Val Val Glu Asp Lys Asn Ser Lys Val Ala Trp

50 55 60

Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly His Asp Lys Trp Ser Leu

65 70 75 80

Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ser Leu Glu Tyr Ser Leu

85 90 95

Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser

100 105 110

Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val

115 120 125

Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn

130 135 140

Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu

145 150 155 160

Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Arg Glu Phe Glu

165 170 175

Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser

180 185 190

Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val

195 200 205

Lys Gln Val Lys Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser

210 215 220

Lys Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Arg Gln Ala Ser Leu Lys Cys Glu

225 230 235 240

Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr

245 250 255

Arg Ile Asn Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Glu Gly Gln

260 265 270

Ser Ser Leu Thr Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Lys Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Val
290 295 300
Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu
305 310 315 320
Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser
325 330 335
Lys Cys

<210> 68

<211> 338

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<400> 68

Met Val Arg Arg Val Gln Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu

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

65 70 75 80
Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ser Leu Glu Tyr Ser Leu
85 90 95
Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser
100 105 110
Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val
115 120 125
Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn

130 135 140
Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu
145 150 155 160

Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Arg Glu Phe Glu
165 170 175
Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser
180 185 190
Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val

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

260 265 270
Ser Ser Leu Thr Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr
275 280 285
Thr Cys Val Ala Ala Asn Lys Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Val
290 295 300
Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu
305 310 315 320
Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser

325 330 335
Lys Cys
<210> 69
<211> 338
<212> PRT
<213> Oryctolagus cuniculus
<400> 69
Met Gly Ala Arg Val Gln Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu
1 5 10 15
Leu Arg Leu Leu Cys Leu Leu Pro Thr Gly Leu Pro Val Arg Ser Val
20 25 30

Asp Phe Asn Arg Gly Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr
35 40 45

Ala Ile Leu Arg Cys Val Val Glu Asp Lys Asn Ser Lys Val Ala Trp
50 55 60
Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly His Asp Lys Trp Ser Leu
65 70 75 80
Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ser Leu Glu Tyr Ser Leu
85 90 95
Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser
100 105 110

Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val
115 120 125
Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn
130 135 140
Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu
145 150 155 160
Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Arg Glu Phe Glu
165 170 175

Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser
180 185 190
Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val
195 200 205
Lys Gln Val Lys Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser
210 215 220
Lys Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Arg Gln Ala Ser Leu Lys Cys Glu
225 230 235 240

Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr
245 250 255
Arg Ile Asn Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Glu Gly Gln
260 265 270
Ser Ser Leu Thr Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Lys Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Val

290 295 300

Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu

305 310 315 320

Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser

325 330 335

Lys Cys

<210> 70

<211> 341

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 70

Met Val Gly Arg Val Gln Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu

1 5 10 15

Leu Arg Leu Leu Cys Leu Leu Pro Thr Gly Leu Pro Val Arg Ser Val

20 25 30

Asp Phe Asn Arg Gly Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr

35 40 45

Ala Ile Leu Arg Cys Val Val Glu Asp Lys Asn Ser Lys Val Ala Trp

50 55 60

Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly His Asp Lys Trp Ser Leu

65 70 75 80

Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ala Leu Glu Tyr Ser Leu

85 90 95

Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser

100 105 110

Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val

115 120 125

Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn

130 135 140

Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu

145 150 155 160

Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Leu Gly Arg Glu Phe Glu

165 170 175

Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser

180 185 190

Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val

195 200 205

Lys Gln Val Lys Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser

210 215 220

Lys Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Arg Gln Ala Ser Leu Lys Cys Glu

225 230 235 240

Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr

245 250 255

Arg Ile Asn Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Glu Gly Gln

260 265 270

Ser Ser Leu Thr Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Lys Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Val

290 295 300

Leu Phe Ser Lys Tyr Ala Lys Thr Glu Pro Asp Ser Met Gln Val Ile

305 310 315 320

Glu Phe Leu His Ile Asp Leu Lys Ser Ile Arg His Pro Leu Lys Val

325 330 335

Asn Pro Ile Gln Lys

340

<210> 71

<211> 337

<212> PRT

<213> Xenopus laevis

<400> 71

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

50 55 60
Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Val Asp Asp Lys Trp Ser Leu
65 70 75 80
Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg Ser Pro Phe Glu Tyr Ser Leu
85 90 95
Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Ser Asp Glu Gly Pro Tyr Ile Cys Ser
100 105 110
Val Gln Thr Asn Gln His Thr Lys Thr Met Gln Val Tyr Leu Ile Val

115 120 125
Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ala Asp Ile Thr Val Asn
130 135 140
Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Met Cys Ile Ala Tyr Gly Arg Pro Glu
145 150 155 160
Pro Met Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Ala Arg Asp Phe Glu
165 170 175
Gly Glu Glu Glu Phe Leu Glu Ile Gln Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser

180 185 190
Gly Arg Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ala Ser Ala Asp Val
195 200 205
Lys Gln Val Arg Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Ile Ile Thr Glu Ser
210 215 220
Asn Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Lys Gln Ala Ile Leu Arg Cys Glu
225 230 235 240
Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Lys Asp Asp Thr

245 250 255

Arg Ile Asn Ser Ala Gln Gly Leu Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Arg

260 265 270

Ser Val Leu Met Val Ala Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Lys Leu Gly Ile Thr Asn Thr Ser Leu Tyr

290 295 300

Leu Tyr Ile Gly Pro Gly Thr Pro Ile Asp Asn Ala Thr Ser Leu Ala

305 310 315 320

Ala Ser Leu Trp Leu Met Ala Asn Ile Leu Leu Cys Leu Phe Cys Thr

325 330 335

Cys

<210> 72

<211> 333

<212> PRT

<213> Danio rerio

<400> 72

Met Ser Cys Leu Trp Ile His Ser Val Phe Ile Pro Gly Phe Phe Leu

1 5 10 15

Leu Phe Gly Phe Glu Gly Phe Pro Val Ile Ser Val Glu Ser Gln Arg

20 25 30

Ser Thr Asp Asn Ile Thr Ile Arg Gln Gly Asp Thr Thr Val Ile Arg

35 40 45

Cys Tyr Val Asp Asp Lys Val Ser Lys Val Ala Trp Leu Asn Arg Ser

50 55 60

Asn Ile Ile Phe Ala Gly Glu Asp Lys Trp Ser Leu Asp Pro Arg Val

65 70 75 80

Glu Leu Val Thr Gln Gly Gln Leu Glu Tyr Ser Leu Arg Ile Gln Lys

85 90 95

Val Asp Val Phe Asp Glu Gly Pro Tyr Thr Cys Ser Ile Gln Thr Lys

100 105 110

Gln Gln Ser Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val Gln Val Pro Ala

115 120 125

Ile Ile Tyr Lys Val Ser Glu Asp Ile Thr Val Asn Glu Gly Ser Asn

130 135 140

Val Ala Leu Thr Cys Leu Ala Asn Gly Arg Pro Asp Pro Ala Ile Thr

145 150 155 160

Trp Arg Leu Leu Asn Pro Ser Ala Glu Ala Leu Asp Val Gly Glu Tyr

165 170 175

Leu Glu Ile Ser Gly Val Val Arg Ser Gln Ala Gly Arg Tyr Glu Cys

180 185 190

Lys Ala Ser Asn Asp Val Ser Thr Pro Asp Val Lys Tyr Val Asn Val

195 200 205

Val Val Asn Tyr Pro Pro Tyr Ile Lys Asp Val Arg Ser Ser Glu Thr

210 215 220

Ala Val Gly Gln Ala Gly Val Leu His Cys Glu Ala Ser Ala Val Pro

225 230 235 240

Gln Pro Glu Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Glu Arg Arg Leu Ser Ser Ser

245 250 255

Gln Ser Leu Thr Ile Gln Val Ser Gly Ser Arg Thr Val Leu Val Val

260 265 270

Ala Asn Val Thr Glu Glu Asp Tyr Gly Asn Tyr Thr Cys Val Ala Thr

275 280 285

Asn Arg Leu Gly Val His Asn Ala Ser Val Phe Leu Tyr Lys Pro Gly

290 295 300

Met Gly Arg Asp Ile Asn Ser Ala Gly Cys Ile Cys Gln Ser Leu Trp

305 310 315 320

Leu Leu Leu Leu Cys Val Ser Ser Ala Leu Leu Gln Cys

325 330

<210> 73

<211> 197

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 73

Met Ser Gly Ser Ser Arg Arg Leu Leu Trp Ala Ala Thr Cys Leu Ala
1 5 10 15

Val Leu Cys Val Ser Ala Ala Gln Pro Asn Ile Thr Thr Leu Ala Pro
20 25 30
Asn Val Thr Glu Val Pro Thr Thr Thr Thr Lys Val Val Pro Thr Thr
35 40 45
Gln Met Pro Thr Val Leu Pro Glu Thr Cys Ala Ser Phe Asn Ser Cys
50 55 60
Val Ser Cys Val Asn Ala Thr Phe Thr Asn Asn Ile Thr Cys Phe Trp
65 70 75 80

Leu His Cys Gln Glu Ala Asn Lys Thr Tyr Cys Ala Asn Glu Pro Leu
85 90 95
Ser Asn Cys Ser Gln Val Asn Arg Thr Asp Leu Cys Ser Val Ile Pro
100 105 110
Pro Thr Thr Pro Val Pro Thr Asn Ser Thr Ala Lys Pro Thr Thr Arg
115 120 125
Pro Ser Ser Pro Thr Pro Thr Pro Ser Val Val Thr Ser Ala Gly Thr
130 135 140

Thr Asn Thr Thr Leu Thr Pro Thr Ser Gln Pro Glu Arg Lys Ser Thr
145 150 155 160
Phe Asp Ala Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Val Leu Val Leu Gly Val
165 170 175
Gln Ala Val Ile Phe Phe Leu Tyr Lys Phe Cys Lys Ser Lys Glu Arg
180 185 190
Asn Tyr His Thr Leu
195

<210> 74
<211> 197
<212> PRT
<213> Macaca mulatta
<400> 74

Met Ser Arg Leu Ser Arg Ser Leu Leu Trp Ala Val Thr Cys Leu Ala

1 5 10 15

Val Leu Cys Val Leu Ser Ala Glu Glu Asn Pro Thr Pro His Thr Asn

20 25 30

Val Thr Ser Leu Ala Pro Thr Ser Asn Ile Thr Ser Ala Pro Val Thr

35 40 45

Ser Leu Pro Leu Val Thr Thr Pro Ala Pro Glu Thr Cys Glu Gly Arg

50 55 60

Asn Ser Cys Val Ser Cys Phe Asn Ala Ser Thr Val Asn Thr Thr Cys

65 70 75 80

Phe Trp Ile Glu Cys Lys Asp Glu Ser Tyr Cys Ser His Asn Ser Thr

85 90 95

Val Ser Asp Cys Gln Val Gly Asn Thr Thr Asp Phe Cys Ser Val Pro

100 105 110

Thr Ala Thr Leu Val Pro Thr Ala Asn Ser Thr Ala Lys Pro Thr Val

115 120 125

Gln Pro Ser Pro Ser Thr Thr Ser Lys Thr Val Thr Thr Ser Gly Thr

130 135 140

Thr Asn Thr Thr Val Thr Pro Thr Ser Gln Pro Val Arg Lys Ser Thr

145 150 155 160

Phe Asp Ala Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Val Leu Val Leu Gly Val

165 170 175

Gln Ala Val Ile Phe Phe Leu Tyr Lys Phe Cys Lys Ser Lys Glu Arg

180 185 190

Asn Tyr His Thr Leu

195

<210> 75

<211> 194

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 75

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

50 55 60
Arg Asn Ser Cys Ile Ser Cys Phe Asp Ala Asn Asn Thr Cys Phe Trp
65 70 75 80
Ile Glu Cys Lys Gly Lys Ser Tyr Cys Ser Asp Asn Ser Thr Val Ser
85 90 95
Asp Cys His Val Val Asn Gly Thr Asp Phe Cys Ser Gly Pro Thr Val
100 105 110
Thr Pro Leu Pro Thr Asn Ser Thr Ala Lys Thr Thr Thr Leu Pro Ser

115 120 125
Pro Ser Ser Ala Ser Thr Thr Ala Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Thr
130 135 140
Thr Leu Ala Pro Thr Thr Gln Pro Met Arg Lys Ser Thr Phe Asp Ala
145 150 155 160
Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Val Leu Val Leu Gly Val Gln Ala Val
165 170 175
Ile Phe Phe Leu Tyr Lys Phe Cys Lys Ser Lys Glu Arg Asn Tyr His

180 185 190
Thr Leu

<210> 76
<211> 198
<212> PRT
<213> Bos taurus
<400> 76
Met Ser Gly Leu Ser Arg Pro Leu Leu Leu Ala Val Gly Cys Leu Ala
1 5 10 15

Ala Leu Cys Val Ile Thr Ala Ala Gly Asn Thr Thr Leu Ala Pro Asn
20 25 30
Val Thr Thr Ala Ser Ser Pro Pro Pro Thr Thr Thr Thr Val Pro Val
35 40 45

Ser Pro Thr Thr Leu Ser Pro Leu Pro Val Thr Thr Pro Ala Pro Asp
50 55 60
Ile Cys Gly Ser Arg Asn Ser Cys Val Ser Cys Val Asp Gly Asn Ala
65 70 75 80
Thr Cys Phe Trp Ile Glu Cys Lys Gly Lys Ser Tyr Cys Ser Asp Asn
85 90 95
Ser Thr Ala Gly Asp Cys Lys Val Val Asn Thr Thr Gly Phe Cys Ser
100 105 110

Val Pro Thr Thr Thr Pro Thr Pro Thr Asn Ser Thr Ala Lys Thr Thr
115 120 125
Thr Leu Pro Ser Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Ala Thr Thr Ser Gly
130 135 140
Thr Thr Asn Thr Thr Leu Ser Pro Thr Ile Gln Pro Thr Arg Lys Ser
145 150 155 160
Thr Phe Asp Ala Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Val Leu Val Leu Gly
165 170 175

Val Gln Ala Val Ile Phe Phe Leu Tyr Lys Phe Cys Lys Ser Lys Glu
180 185 190
Arg Asn Tyr His Thr Leu
195
<210> 77
<211> 198
<212> PRT
<213> Ovis aries
<400> 77
Met Ser Gly Leu Ser Arg Pro Leu Leu Leu Ala Val Gly Tyr Leu Ala
1 5 10 15
Ala Leu Cys Val Ile Thr Ala Ala Arg Asn Thr Thr Val Thr Pro Asn

20 25 30

Val Thr Thr Pro Ser Ser Pro Pro Pro Thr Thr Ala Thr Val Pro Val

35 40 45

Ser Pro Thr Thr Leu Thr Pro Pro Pro Val Thr Thr Pro Ala Pro Asp

50 55 60

Ile Cys Gly Ser Arg Asn Ser Cys Ile Ser Cys Val Asp Gly Asn Ala

65 70 75 80

Thr Cys Phe Trp Ile Glu Cys Lys Gly Lys Ser Tyr Cys Ser Asp Asn

85 90 95

Ser Thr Val Ser Asp Cys Lys Val Val Asn Thr Thr Gly Phe Cys Ala

100 105 110

Val Pro Thr Thr Thr Pro Thr Pro Thr Asn Ser Thr Ala Lys Thr Thr

115 120 125

Thr Leu Pro Ser Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Ala Thr Thr Ser Gly

130 135 140

Thr Ala Asn Thr Thr Leu Thr Pro Thr Ile Gln Pro Met Arg Lys Ser

145 150 155 160

Thr Phe Asp Ala Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Val Leu Val Leu Gly

165 170 175

Val Gln Ala Val Ile Phe Phe Leu Tyr Lys Phe Cys Lys Ser Lys Glu

180 185 190

Arg Asn Tyr His Thr Leu

195

<210> 78

<211> 198

<212> PRT

<213> Canis lupus familiaris

<400> 78

Met Ser Gly Leu Ser Arg Gln Leu Cys Trp Ala Ala Ala Cys Leu Ala

1 5 10 15

Ala Leu Cys Ala Leu Thr Ala Ala Gln Ser Phe Ser Ser Asp Pro Asn

20 25 30

Gly Thr Thr Thr Thr Thr Gln Ala Thr Thr Asp Ala Ala Thr Thr Arg

35 40 45

Val Thr Thr Ala Ala Pro Ala Thr Thr Pro Ala Pro Asp Pro Cys Asp

50 55 60

Asn Arg Asn Ser Cys Val Ser Cys Val Asn Thr Ser Val Asp Ala Thr

65 70 75 80

Ala Cys Ser Trp Ile Glu Cys Lys Glu Lys Ser Tyr Cys Ser His Asn

85 90 95

Thr Thr Val Ser Asp Cys Gln Val Val Asn Ser Thr Gln Leu Cys Ser

100 105 110

Ala Pro Glu Pro Thr Met Met Pro Thr Asn Ser Thr Ala Lys Thr Thr

115 120 125

Thr Gln Pro Ser Ser Ser Thr Ala Thr Thr Thr Ala Thr Thr Ser Gly

130 135 140

Thr Thr Asn Ile Thr Leu Ser Pro Thr Ser Gln Pro Gly Arg Lys Ser

145 150 155 160

Thr Phe Asp Ala Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Val Leu Ile Leu Gly

165 170 175

Val Gln Ala Val Ile Phe Phe Leu Tyr Lys Phe Cys Lys Ser Lys Glu

180 185 190

Arg Asn Tyr His Thr Leu

195

<210> 79

<211> 195

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 79

Met Ser Gly Ala Ser Arg Gly Leu Phe Trp Ala Ala Thr Cys Leu Ala

1 5 10 15

Ala Leu Cys Leu Ser Ala Ala Gln Ser Asn Ser Ser Ala Ser Pro Asn

20 25 30

Val Thr Asp Pro Pro Thr Thr Thr Ser Lys Val Val Pro Thr Thr Leu
35 40 45
Thr Thr Thr Lys Pro Pro Glu Thr Cys Glu Ser Phe Asn Ser Cys Val
50 55 60
Ser Cys Val Asn Ala Thr Leu Thr Asn Asn Ile Thr Cys Val Trp Leu

65 70 75 80
Asp Cys His Glu Ala Asn Lys Thr Tyr Cys Ser Ser Glu Leu Val Ser
85 90 95
Asn Cys Thr Gln Lys Thr Ser Thr Asp Ser Cys Ser Val Ile Pro Thr
100 105 110
Thr Pro Val Pro Thr Asn Ser Thr Ala Lys Pro Thr Thr Arg Pro Ser
115 120 125
Ser Pro Thr Pro Thr Pro Ser Val Val Thr Ser Ala Gly Ala Thr Asn

130 135 140
Thr Thr Val Thr Pro Thr Ser Gln Pro Glu Arg Lys Ser Thr Phe Asp
145 150 155 160
Ala Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Val Leu Val Leu Gly Val Gln Ala
165 170 175
Val Ile Phe Phe Leu Tyr Lys Phe Cys Lys Ser Lys Glu Arg Asn Tyr
180 185 190
His Thr Leu
195

<210> 80
<211> 354

<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 80
Met Arg Leu Ala Val Leu Phe Ser Gly Ala Leu Leu Gly Leu Leu Ala
1 5 10 15
Ala Gln Gly Thr Gly Asn Asp Cys Pro His Lys Lys Ser Ala Thr Leu
20 25 30
Leu Pro Ser Phe Thr Val Thr Pro Thr Val Thr Glu Ser Thr Gly Thr

35 40 45

Thr Ser His Arg Thr Thr Lys Ser His Lys Thr Thr Thr His Arg Thr

50 55 60

Thr Thr Thr Gly Thr Thr Ser His Gly Pro Thr Thr Ala Thr His Asn

65 70 75 80

Pro Thr Thr Thr Ser His Gly Asn Val Thr Val His Pro Thr Ser Asn

85 90 95

Ser Thr Ala Thr Ser Gln Gly Pro Ser Thr Ala Thr His Ser Pro Ala

100 105 110

Thr Thr Ser His Gly Asn Ala Thr Val His Pro Thr Ser Asn Ser Thr

115 120 125

Ala Thr Ser Pro Gly Phe Thr Ser Ser Ala His Pro Glu Pro Pro Pro

130 135 140

Pro Ser Pro Ser Pro Ser Pro Thr Ser Lys Glu Thr Ile Gly Asp Tyr

145 150 155 160

Thr Trp Thr Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val His Leu Gln Ala Gln Ile

165 170 175

Gln Ile Arg Val Met Tyr Thr Thr Gln Gly Gly Gly Glu Ala Trp Gly

180 185 190

Ile Ser Val Leu Asn Pro Asn Lys Thr Lys Val Gln Gly Ser Cys Glu

195 200 205

Gly Ala His Pro His Leu Leu Leu Ser Phe Pro Tyr Gly His Leu Ser

210 215 220

Phe Gly Phe Met Gln Asp Leu Gln Gln Lys Val Val Tyr Leu Ser Tyr

225 230 235 240

Met Ala Val Glu Tyr Asn Val Ser Phe Pro His Ala Ala Gln Trp Thr

245 250 255

Phe Ser Ala Gln Asn Ala Ser Leu Arg Asp Leu Gln Ala Pro Leu Gly

260 265 270

Gln Ser Phe Ser Cys Ser Asn Ser Ser Ile Ile Leu Ser Pro Ala Val

275 280 285

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

Leu Leu Pro Leu Ile Ile Gly Leu Ile Leu Leu Gly Leu Leu Ala Leu
325 330 335
Val Leu Ile Ala Phe Cys Ile Ile Arg Arg Arg Pro Ser Ala Tyr Gln
340 345 350
Ala Leu

<210> 81
<211> 354
<212> PRT
<213> Pan troglodytes
<400> 81
Met Arg Leu Ala Val Leu Phe Ser Gly Ala Leu Leu Gly Leu Leu Ala
1 5 10 15
Ala Gln Gly Thr Gly Asn Asp Cys Pro His Lys Lys Ser Ala Thr Leu

20 25 30
Leu Pro Ser Phe Thr Val Thr Pro Thr Val Thr Glu Ser Thr Gly Thr
35 40 45
Thr Ser His Arg Thr Thr Lys Ser His Lys Thr Thr Thr His Arg Thr
50 55 60
Thr Thr Thr Gly Thr Ala Ser His Gly Pro Thr Thr Ala Thr His Asn
65 70 75 80
Pro Thr Thr Thr Ser His Gly Asn Val Thr Val His Pro Thr Ser Asn

85 90 95
Ser Thr Ala Thr Ser Gln Gly Pro Ser Thr Ala Thr His Ser Pro Ala
100 105 110
Thr Thr Ser His Gly Asn Ala Thr Val His Pro Thr Ser Asn Ser Thr
115 120 125
Ala Thr Ser Pro Gly Phe Thr Ser Ser Ala His Pro Glu Pro Pro Pro
130 135 140

Pro Ser Pro Ser Pro Ser Pro Thr Ser Lys Glu Thr Ile Gly Asp Tyr

145 150 155 160

Thr Trp Thr Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val His Leu Gln Ala Gln Ile

165 170 175

Gln Ile Arg Val Met Tyr Thr Thr Gln Gly Gly Gly Glu Ala Trp Gly

180 185 190

Ile Ser Val Leu Asn Pro Asn Lys Thr Lys Val Gln Gly Ser Cys Glu

195 200 205

Gly Ala His Pro His Leu Leu Leu Ser Phe Pro Tyr Gly His Leu Ser

210 215 220

Phe Gly Phe Met Gln Asp Leu Gln Gln Lys Ala Val Tyr Leu Ser Tyr

225 230 235 240

Met Ala Val Glu Tyr Asn Val Ser Phe Pro His Ala Ala Gln Trp Thr

245 250 255

Phe Ser Ala Gln Asn Ala Ser Leu Arg Asp Leu Gln Ala Pro Leu Gly

260 265 270

Arg Ser Phe Ser Cys Ser Asn Ser Ser Ile Ile Leu Ser Pro Ala Val

275 280 285

His Leu Asp Leu Leu Ser Leu Arg Leu Gln Ala Ala Gln Leu Pro His

290 295 300

Thr Gly Val Phe Gly Gln Ser Phe Ser Cys Pro Ser Asp Arg Ser Ile

305 310 315 320

Leu Leu Pro Leu Ile Ile Gly Leu Ile Leu Leu Gly Leu Leu Ala Leu

325 330 335

Val Leu Ile Ala Phe Cys Ile Ile Arg Arg Arg Pro Ser Ala Tyr Gln

340 345 350

Ala Leu

<210> 82

<211> 335

<212> PRT

<213> Bos taurus

<400> 82

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

Pro Gly Thr Thr Ser His Arg Thr Thr Lys Ser His Arg Thr Thr Thr
50 55 60
Trp Arg Ile Ser Thr Thr Thr His Thr Thr Asn Thr Thr Gly Thr Thr
65 70 75 80
Ser Ser Glu Ser Pro Thr Ala Thr His Ser Pro Ala Thr Thr Thr Ser
85 90 95
His Gln Asn Thr Thr Val His Pro Thr Ser Asn Ile Thr Ala Thr Ser
100 105 110

Pro Gly Pro Ser Thr Arg Ser Pro His Pro Glu Pro Pro Pro Ser Pro
115 120 125
Ser Pro Ser Pro Gly Ser Lys Glu Ala Ile Gly Asp Tyr Thr Trp Ser
130 135 140
Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val Arg Leu Gln Ala Gln Ile Gln Ile Arg
145 150 155 160
Val Leu Tyr Pro Thr Gln Gly Gly Gly Glu Ala Trp Gly Ile Ser Val
165 170 175

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

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

Leu Ile Ile Gly Leu Ile Leu Leu Gly Leu Leu Thr Leu Val Leu Val
305 310 315 320
Thr Phe Cys Ile Ile Arg Arg Arg Pro Pro Thr Tyr Gln Pro Leu
325 330 335

<210> 83
<211> 335
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 83

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

115 120 125

Asn Tyr Thr Trp Ala Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val Gln Leu Gln Ala

130 135 140

Gln Ile Gln Ile Arg Ile Leu Tyr Pro Ile Gln Gly Gly Arg Lys Val

145 150 155 160

Lys Leu Lys Trp Gly Leu Lys Arg Ala Trp Gly Ile Ser Val Leu Asn

165 170 175

Pro Asn Lys Thr Lys Val Gln Gly Gly Cys Asp Gly Thr His Pro His

180 185 190

Leu Ser Leu Ser Phe Pro Tyr Gly Gln Leu Thr Phe Gly Phe Lys Gln

195 200 205

Asp Leu His Gln Ser Pro Ser Thr Val Tyr Leu Asp Tyr Met Ala Val

210 215 220

Glu Tyr Asn Val Ser Phe Pro Gln Ala Ala Gln Trp Thr Phe Met Ala

225 230 235 240

Gln Asn Ser Ser Leu Arg Glu Leu Gln Ala Pro Leu Gly Gln Ser Phe

245 250 255

Cys Cys Gly Asn Ala Ser Ile Val Leu Ser Pro Ala Val His Leu Asp

260 265 270

Leu Leu Ser Leu Arg Leu Gln Ala Ala Gln Leu Pro Asp Lys Gly His

275 280 285

Phe Gly Pro Cys Phe Ser Cys Asn Arg Asp Gln Ser Leu Leu Leu Pro

290 295 300

Leu Ile Ile Gly Leu Val Leu Leu Gly Leu Leu Thr Leu Val Leu Ile

305 310 315 320

Ala Phe Cys Ile Thr Arg Arg Arg Gln Ser Thr Tyr Gln Pro Leu

325 330 335

<210> 84

<211> 354

<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<400> 84

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

Thr Thr Thr Gly Thr Thr Ser His Arg Pro Thr Thr Ala Thr His Asn
65 70 75 80
Pro Thr Thr Thr Ser His Arg Asn Ala Thr Val His Pro Thr Ser Asn
85 90 95
Ser Thr Ala Thr Ser Gln Gly Pro Ser Thr Ala Thr His Arg Pro Ala
100 105 110
Thr Thr Ser His Gly Asn Ala Thr Val His Pro Thr Ser Asn Ser Thr
115 120 125

Ala Thr Ser Pro Gly Leu Thr Ser Ser Ala His Pro Gly Pro Pro Pro
130 135 140
Pro Ser Pro Ser Pro Ser Pro Ala Ser Lys Glu Thr Ile Gly Asp Tyr
145 150 155 160
Met Trp Thr Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val His Leu Gln Ala Gln Ile
165 170 175
Gln Ile Arg Val Met Tyr Thr Thr Gln Gly Gly Gly Glu Ala Trp Gly
180 185 190

Ile Ser Val Leu Asn Pro Asn Lys Thr Lys Val Gln Gly Ser Cys Glu
195 200 205
Gly Ala His Pro His Leu Leu Leu Ser Phe Pro Tyr Gly His Leu Ser
210 215 220
Phe Gly Phe Met Gln Asp Leu Gln Gln Arg Val Val Tyr Leu Ser Tyr
225 230 235 240
Met Ala Val Glu Tyr Asn Val Ser Phe Pro His Ala Ala Gln Trp Thr

245 250 255

Phe Ser Ala Gln Asn Ala Ser Leu Arg Asp Leu Gln Ala Pro Leu Gly
260 265 270
Gln Ser Phe Ser Cys Ser Asn Ser Ser Ile Ile Leu Ser Pro Ala Val
275 280 285
His Leu Asp Leu Leu Ser Leu Arg Leu Gln Ala Ala Gln Leu Pro His
290 295 300
Thr Gly Val Phe Gly Gln Ser Phe Ser Cys Pro Ser Asp Arg Ser Ile
305 310 315 320

Leu Leu Pro Leu Ile Ile Gly Leu Val Leu Leu Gly Leu Leu Ala Leu
325 330 335
Val Leu Ile Ala Phe Cys Ile Val Arg Arg Arg Pro Ser Ala Tyr Gln
340 345 350
Ala Leu

<210> 85
<211> 330
<212> PRT
<213> Rattus norvegicus
<400> 85

Met Arg Phe Pro Val Cys Leu Thr Leu Leu Val Leu Leu Val Ala Gln
1 5 10 15
Gly Thr Gly Lys Asp Cys Pro His Lys Lys Ala Ala Thr Leu Leu Pro

20 25 30
Ser Phe Thr Glu Thr Pro Thr Thr Thr Gly Ser Thr Ala Ser Pro Thr
35 40 45
Thr Thr His Arg Pro Thr Thr Thr Ser His Arg Pro Thr Thr Thr Ser
50 55 60
His Arg Pro Thr Thr Thr Ser His Arg Pro Thr Thr Thr Ser His Arg
65 70 75 80
Pro Thr Thr Thr Ser His Arg Pro Thr Thr Thr Ser His Gly Asn Ala

85 90 95

Thr Val Ser Pro Thr Thr Asn Ser Pro Gly Phe Ser Thr Val Gly Pro
100 105 110
His Pro Gly Pro Pro Pro Pro Ser Pro Ser Pro Ser Pro Ser Ser Thr
115 120 125
Gly Ala Leu Gly Asn Tyr Thr Trp Thr Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val
130 135 140
Gln Leu Gln Ala Gln Ile Gln Ile Arg Ile Leu Tyr Leu Thr Gln Gly

145 150 155 160
Gly Lys Lys Ala Trp Gly Leu Ser Val Leu Asn Pro Asn Lys Thr Lys
165 170 175
Val Gln Gly Gly Cys Asp Ser Ala His Pro His Leu Ala Leu Ser Phe
180 185 190
Pro Tyr Gly Gln Leu Thr Phe Gly Phe Lys Gln Asp Arg His Gln Ser
195 200 205
His Ser Thr Val Tyr Leu Asn Tyr Met Ala Val Glu Tyr Asn Val Ser

210 215 220
Phe Pro Gln Ala Ala Gln Trp Thr Phe Ser Ala Gln Asn Ser Ser Leu
225 230 235 240
Gln Glu Leu Gln Ala Pro Leu Gly Gln Ser Phe Cys Cys Gly Asn Thr
245 250 255
Ser Ile Val Leu Ser Pro Ala Ile His Leu Asp Leu Leu Ser Leu Arg
260 265 270
Leu Gln Ala Ala Gln Leu Pro Asp Lys Gly His Phe Gly Pro Cys Phe

275 280 285
Ser Cys Ala Ser Asp Gln Ser Leu Leu Leu Pro Leu Ile Ile Gly Leu
290 295 300
Val Leu Leu Gly Leu Leu Thr Leu Val Leu Ile Ala Phe Cys Val Thr
305 310 315 320
Arg Arg Arg Gln Ser Thr Tyr Gln Pro Leu
325 330

<210> 86

<211> 329

<212> PRT

<213> Canis lupus familiaris

<400> 86

Met Arg Pro Ala Val Phe Phe Leu Gly Ala Leu Val Gly Leu Leu Ala

1 5 10 15

Ala Gln Gly Thr Arg Ser Asp Cys Pro His Lys Lys Ser Ala Thr Leu

20 25 30

Leu Pro Ser Phe Thr Val Thr Pro Thr Ala Thr Glu Ser Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Thr Ser His Ser Thr Thr Thr Ala Glu Thr Thr Ser His

50 55 60

Ala Pro Asn Thr Thr Thr His Gln Ala Pro Thr Thr Pro Gly His Arg

65 70 75 80

Asn Thr Thr Ile His Pro Thr Thr Ser Asn Ser Thr Ser Asn Thr Thr

85 90 95

Gly Thr Thr Gly Thr Gly Lys Pro His Thr Ser Thr Ser Tyr Thr Gln

100 105 110

Pro Gly Pro Gly Pro Arg Pro Pro Pro Pro Ser Pro Gly Pro Gly Pro

115 120 125

Gln Asp Ala Ile Gly Asp Tyr Thr Trp Thr Thr Gly Ser Gln Pro Cys

130 135 140

Ala Arg Leu Gln Ala Arg Ile Gln Ile Gly Val Val Tyr Pro Thr Gln

145 150 155 160

Ala Gly Gly Gln Ala Trp Gly Ile Ser Val Leu Asn Pro Asn Ser Thr

165 170 175

Lys Pro Trp Gly Asp Cys Asp Gly Ala Arg Pro His Leu Leu Leu Ser

180 185 190

Phe Pro Phe Gly Gln Leu Ser Phe Gly Phe Thr Gln Glu Pro Gln Gln

195 200 205

Gly Ser Val Tyr Leu Asp Tyr Leu Ala Leu Gln Tyr Asn Val Ser Phe

210 215 220

Pro Gln Ala Ala Gln Trp Thr Phe Ser Gly Gln Asn Ala Ser Leu Arg
225 230 235 240
Ala Leu Gln Ala Pro Leu Gly Gln Ser Phe Ser Cys Arg Asn Ala Ser
245 250 255
Ile Leu Leu Thr Pro Ala Leu Arg Leu Asp Leu Leu His Leu Lys Leu

260 265 270
Gln Ala Ala Gln Leu Pro Pro Ser Gly Ala Phe Gly Pro Ser Phe Ser
275 280 285
Cys Pro Ser Glu His Phe Asn Leu Leu Pro Leu Ile Val Gly Val Ile
290 295 300
Ser Leu Gly Leu Leu Ala Leu Ala Leu Val Thr Phe Cys Ile Ile Arg
305 310 315 320
Arg Arg Pro Pro Thr Tyr Gln Pro Leu
325

<210> 87
<211> 322
<212> PRT
<213> Equus caballus
<400> 87
Met Arg Leu Ala Val Leu Phe Ser Gly Ala Leu Leu Gly Leu Leu Ala
1 5 10 15
Ala Gln Glu Thr Gly Asn Asp Cys Pro His Lys Lys Ser Ala Thr Leu
20 25 30
Leu Pro Ser Phe Thr Val Thr Pro Thr Ala Thr Glu Ser Thr Ala Ser
35 40 45
Pro Gly Thr Thr Ser His Gln Thr Thr Gln Ser His Arg Thr Thr Thr

50 55 60
Thr Gly Thr Thr Ser Asp His Pro Thr Thr Ala Thr His Asn Pro Thr
65 70 75 80
Thr Thr Ser His Gly Asn Thr Thr Val His Pro Thr Thr Ser Asn Ser
85 90 95
Thr Val Thr Ser Pro Gly Ser Ala Ser Ser Ser Pro His Pro Arg Pro

100 105 110

Pro Pro Pro Ser Pro Ser Pro Ser Pro Gly Ser Lys Glu Ala Ile Gly

115 120 125

Asp Tyr Ile Trp Thr Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val Arg Leu Gln Ala

130 135 140

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

145 150 155 160

Trp Gly Ile Ser Val Leu Asn Pro Asn Lys Thr Lys Ala Gln Gly Gly

165 170 175

Cys Ala His Pro His Leu Leu Leu Ser Phe Pro Tyr Gly Gln Leu Ser

180 185 190

Phe Gly Phe Lys Gln Glu Pro Leu Gln Ser Thr Val Tyr Leu Asn Tyr

195 200 205

Ile Ala Val Glu Tyr Asn Val Ser Phe Pro Gln Ala Ala Gln Trp Thr

210 215 220

Phe Leu Val Gln Asn Ser Ser Leu Arg Asp Leu Gln Ala Pro Leu Gly

225 230 235 240

Gln Arg Phe Ser Cys Arg Asn Ala Ser Ile Ala Leu Ser Pro Ala Phe

245 250 255

His Leu Asp Leu Leu Ser Leu Lys Leu Gln Ala Ala Gln Leu Thr Pro

260 265 270

Thr Gly Ala Phe Gly Pro Ser Phe Ser Cys Pro Ser Asp Gln Ser Ile

275 280 285

Leu Leu Pro Leu Ile Ile Gly Leu Ile Leu Leu Gly Leu Phe Ala Leu

290 295 300

Val Leu Ile Thr Phe Cys Val Ile Arg Arg Arg Pro Pro Thr Tyr Gln

305 310 315 320

Ala Leu

<210> 88

<211> 305

<212> PRT

<213> Oryctolagus cuniculus

<400> 88

Met Arg Leu Pro Val Leu Phe Leu Ala Leu Leu Gly Leu His Ala Ala
1 5 10 15

Ser Ser Gly Thr Thr Ser His Arg Thr Thr Lys Asn Pro His Thr Thr
20 25 30

Ser His Ser Thr Ala Thr Pro Gly Thr Thr Ser His Arg Pro Thr Thr
35 40 45

Ala Thr Pro Thr Thr Gly His Gly Asn Val Thr Val His Pro Thr Thr
50 55 60

Ser Asn Thr Thr Ser Asn Thr Thr Thr Thr Thr Gly Thr Ser Pro Gly
65 70 75 80

Phe Ser Thr Ser Thr Pro His Pro Gly Pro Pro Pro Pro Pro Pro Ser
85 90 95

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

Gly Ser Gln Pro Cys Val Gln Leu Gln Ala Gln Ile Gln Ile Arg Val
115 120 125

Leu Tyr Pro Thr Gln Gly Gly Gly Gln Ala Trp Gly Met Ser Val Leu
130 135 140

Asn Pro Asn Arg Thr Lys Ala Gln Gly Gly Cys Glu Gly Pro Arg Pro
145 150 155 160

His Leu Leu Leu Ser Phe Pro Tyr Gly Gln Leu Ser Phe Gly Phe Lys
165 170 175

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

Val Glu Tyr Asn Val Ser Phe Pro Gln Ala Ala Arg Trp Thr Phe Ser
195 200 205

Ala Gln Asn Ala Ser Leu Arg Asp Leu Gln Ala Pro Leu Gly Gln Ser
210 215 220

Phe Ser Cys Arg Asn Ala Ser Ile Ala Val Ser Pro Ala Leu His Leu

225 230 235 240

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

Leu
305

<210> 89
<211> 291
<212> PRT
<213> Sus scrofa
<400> 89

Met Thr Leu Ala Val Leu Phe Leu Gly Ala Leu Leu Gly Leu Leu Ala
1 5 10 15
Glu Ser Thr Thr Ser His Arg Thr Thr Thr Pro Arg Thr Thr Thr Thr
20 25 30
Gly Thr Thr Ser His Gly Pro Thr Thr Val Thr His Asn Pro Ala Thr
35 40 45
Thr Thr Ser His Gly Asn Ala Thr Val His Pro Thr Ser Ser Ser Thr

50 55 60
Ala Thr Ser Pro Gly Ser Ser Thr Arg Pro Pro His Pro Gly Pro Pro
65 70 75 80
Pro Pro Ser Pro Ser Pro Ser Pro Gly Ser Gln Glu Ala Ile Gly Asp
85 90 95
Tyr Thr Trp Thr Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val Gln Leu Gln Ala Gln
100 105 110
Ile Gln Ile Arg Val Leu Tyr Pro Thr Gln Gly Gly Gly Glu Ala Trp

115 120 125

Gly Ile Ser Val Leu Asn Pro Asn Lys Thr Lys Ala Leu Gly Gly Cys

130 135 140

Glu Gly Ala His Pro His Val Arg Leu Ser Phe Pro Tyr Gly Gln Leu

145 150 155 160

Thr Phe Gly Phe Lys Gln Gln Pro Gln Glu Ser Thr Val Tyr Leu Asn

165 170 175

Tyr Met Ala Val Glu Tyr Asn Val Ser Phe Pro Arg Ala Ala Gln Trp

180 185 190

Thr Phe Ser Val Gln Asn Ser Ser Leu Arg Asp Leu Gln Thr Pro Val

195 200 205

Gly Arg Ser Tyr Ser Cys Arg Asn Ala Ser Ile Ile Leu Ser Thr Ala

210 215 220

Phe His Leu Asp Leu Leu Ser Leu Lys Leu Gln Ala Ala Gln Leu Pro

225 230 235 240

Pro Thr Gly Asn Phe Gly Pro Ser Phe Ser Cys Pro Ser Asp Gln Thr

245 250 255

Ile Leu Leu Pro Leu Ile Ile Gly Leu Ile Phe Leu Gly Leu Leu Ile

260 265 270

Leu Val Leu Val Thr Phe Cys Ile Ile Arg Arg Arg Pro Pro Ala Tyr

275 280 285

Gln Pro Leu

290

<210> 90

<211> 354

<212> PRT

<213> Papio anubis

<400> 90

Met Arg Leu Ala Val Leu Phe Ser Gly Ala Leu Leu Gly Leu Leu Ala

1 5 10 15

Ala Gln Gly Thr Gly Asn Asp Cys Pro His Lys Lys Ser Ala Thr Leu

20 25 30

Leu Pro Ser Phe Thr Val Thr Pro Thr Ala Thr Glu Ser Thr Gly Thr
35 40 45
Thr Ser His Arg Thr Thr Lys Ser His Lys Thr Thr Thr His Arg Thr
50 55 60
Thr Thr Thr Gly Thr Thr Ser His Arg Pro Thr Thr Ala Thr His Asn
65 70 75 80

Pro Asn Thr Thr Ser His Arg Asn Ala Thr Val His Pro Thr Ser Asn
85 90 95
Ser Thr Ala Thr Ser Gln Gly Pro Ser Thr Ala Thr His Arg Pro Ala
100 105 110
Thr Thr Ser His Gly Asn Ala Thr Val His Pro Thr Ser Asn Ser Thr
115 120 125
Ala Thr Ser Pro Gly Leu Thr Ser Ser Ala His Pro Gly Pro Pro Pro
130 135 140

Pro Ser Pro Ser Pro Ser Pro Ala Ser Lys Glu Thr Ile Gly Asp Tyr
145 150 155 160
Met Trp Thr Asn Gly Ser Gln Pro Cys Val His Leu Gln Ala Gln Ile
165 170 175
Gln Ile Arg Val Met Tyr Thr Thr Gln Gly Gly Gly Glu Ala Trp Gly
180 185 190
Ile Ser Val Leu Asn Pro Asn Lys Thr Lys Val Gln Gly Ser Cys Glu
195 200 205

Gly Ala His Pro His Leu Leu Leu Ser Phe Pro Tyr Gly His Leu Ser
210 215 220
Phe Gly Phe Met Gln Asp Leu Gln Gln Arg Val Val Tyr Leu Ser Tyr
225 230 235 240
Met Ala Val Glu Tyr Asn Val Ser Phe Pro His Ala Ala Gln Trp Thr
245 250 255
Phe Ser Ala Gln Asn Ala Ser Leu Arg Asp Leu Gln Ala Pro Leu Gly
260 265 270

Gln Ser Phe Ser Cys Ser Asn Ser Ser Ile Ile Leu Ser Pro Ala Val

275 280 285

His Leu Asp Leu Leu Ser Leu Arg Leu Gln Ala Ala Gln Leu Pro His

290 295 300

Thr Gly Val Phe Gly Gln Ser Phe Ser Cys Pro Ser Asp Arg Ser Ile

305 310 315 320

Leu Leu Pro Leu Ile Ile Gly Leu Val Leu Leu Gly Leu Leu Ala Leu

325 330 335

Val Leu Ile Ala Phe Cys Ile Val Arg Arg Arg Pro Ser Ala Tyr Gln

340 345 350

Ala Leu

<210> 91

<211> 323

<212> PRT

<213> Monodelphis domestica

<400> 91

Met Arg Leu Ser Leu Leu Leu Ser Gly Ile Leu Leu Gly Leu Leu Ala

1 5 10 15

Glu Gln Gly Ala Gly Asp Lys Cys Pro Gln Glu Lys Ser Val Thr Leu

20 25 30

Val Pro Ser Phe Thr Val Thr Thr Ile Ala Thr Glu Arg Ser Thr Thr

35 40 45

Ser Pro Glu Thr Thr Thr Ser Ser Gly Ser Thr Ala Thr Thr Tyr Arg

50 55 60

Thr Ser Thr Ala Ala Thr Thr Pro His Ser Asn Ser Thr Ala Thr Ser

65 70 75 80

Tyr Ser Thr Thr Ser Glu Gly Thr Ala Val Thr His Gly Thr Thr Thr

85 90 95

Ser Pro Arg Asn Thr Ser Thr Thr Ser Thr Ser Gln Ser Val Pro Val

100 105 110

Pro Pro Ser Pro Gln Pro Thr Ser Ser Pro Ser Gly Ala Val Gly Asp

115 120 125

Tyr Ile Gly Ala Asn Gly Ser Gln Leu Cys Val His Leu Arg Ala Gln

130 135 140

Ile Gln Met Arg Val Leu Tyr Gln Ala Ser Gly Gly Gly Lys Leu Trp

145 150 155 160

Gly Ile Phe Val Leu Asn Pro Asn Arg Thr Met Ala Gln Gly Asn Cys

165 170 175

Glu Ala Asn His Ser Ser Leu Ile Leu Ser Phe Pro Asn Gly Lys Leu

180 185 190

Ile Phe Gly Phe Lys Gln Asp Ser Ile Lys Lys Ile Val Tyr Leu Ser

195 200 205

His Leu Ala Thr Glu Phe Asn Val Ser Phe Pro Ser Ala Thr Arg Trp

210 215 220

Ile Phe Ser Val Glu Asn Ser Ser Leu Gln Asp Leu Gln Thr Pro Leu

225 230 235 240

Gly His Ser Phe Ser Cys Arg Asn Arg Ser Ile Ala Leu Ser Pro Asp

245 250 255

Ile His Leu Asp Leu Leu Ser Leu Gln Leu Gln Ala Ala Gln Leu Ser

260 265 270

Ser Ser Gly Ala Phe Gly Ala Ala Phe Ser Cys Ser Ala Asp Leu Asn

275 280 285

Ile Leu Val Pro Leu Val Val Gly Leu Val Leu Leu Thr Leu Leu Ile

290 295 300

Leu Val Leu Ser Ala Phe Cys Ile Ser Arg Arg Arg Pro Pro Ala Tyr

305 310 315 320

Gln Pro Leu

<210> 92

<211> 263

<212> PRT

<213> Ornithorhynchus anatinus

<400> 92

Met Gly Leu Thr Leu Pro Leu Pro Ala Gln Gly Ser Gln Cys Arg Ala

1 5 10 15

Asn Cys Pro His Lys Lys Ser Ala Thr Leu Val Pro Ser Phe Thr Val

20 25 30

Thr Pro Thr Ala Thr Ser Gly Pro Thr Thr Thr Ala His Gln Thr Thr
35 40 45
Thr Asp His Gly Thr Thr Thr Ser His Glu Thr Thr Thr Ser Gln Gly
50 55 60
Thr Ser Thr His Gly Thr Ser Thr Pro His Thr Thr Thr Thr Gly His
65 70 75 80
Gly Thr Thr Thr Gly His Gln Asn Thr Ser His Ser Thr Thr Thr Ser
85 90 95

His Gly Thr Ser Thr Pro His Lys Thr Thr Thr Arg His Pro Thr Thr
100 105 110
Ser His Gly Thr Thr Thr Ser His Gly Thr Ser Thr Gly His Trp Thr
115 120 125
Ala Arg Pro Thr Ile Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro Pro Pro Ser Pro
130 135 140
Gly Lys Ala Val Gly Asn Tyr Thr Val Phe Asn Gly Ser Gln Pro Cys
145 150 155 160

Leu Arg Leu Arg Ala Glu Ile Arg Leu Trp Val Leu Tyr Gln Ala Gln
165 170 175
Glu Glu Gly Glu Ala Pro Pro Val Ser Gly Ala Ala Ser Phe Pro Pro
180 185 190
Pro Arg Pro Arg Pro Val Ala Gly Glu Gly Asp Gly Glu Arg Ser Arg
195 200 205
Val Thr Pro Val Ala Ser Ala Met Thr Val Glu Gly Gly Ser Arg Ala
210 215 220

Gly Phe Ala Met Leu Gly Ala Glu Val Arg Ser Arg Ala Pro Ser Leu
225 230 235 240
Gly Arg Ala Gly Lys Thr Arg Leu Arg Ile His Gln Pro Val Val Val
245 250 255
Leu Gln His Thr Tyr Tyr Val
260

<210> 93

<211> 280

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 93

Met Asp Leu Gln Gly Arg Gly Val Pro Ser Ile Asp Arg Leu Arg Val
1 5 10 15

Leu Leu Met Leu Phe His Thr Met Ala Gln Ile Met Ala Glu Gln Glu
20 25 30

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

Val Val Arg Glu Asn Gly Thr Thr Cys Leu Met Ala Glu Phe Ala Ala
50 55 60

Lys Phe Ile Val Pro Tyr Asp Val Trp Ala Ser Asn Tyr Val Asp Leu
65 70 75 80

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

Gly Arg Cys Gly His Ser Gln Ser Glu Leu Gln Val Phe Trp Val Asp
100 105 110

Arg Ala Tyr Ala Leu Lys Met Leu Phe Val Lys Glu Ser His Asn Met
115 120 125

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

Tyr Asp Ser Ser Glu Lys Thr His Phe Lys Asp Ala Val Ser Ala Gly
145 150 155 160

Lys His Thr Ala Asn Ser His His Leu Ser Ala Leu Val Thr Pro Ala
165 170 175

Gly Lys Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Gln Gln Thr Ile Ser Leu Ala Ser
180 185 190

Ser Asp Pro Gln Lys Thr Val Thr Met Ile Leu Ser Ala Val His Ile
195 200 205

Gln Pro Phe Asp Ile Ile Ser Asp Phe Val Phe Ser Glu Glu His Lys
210 215 220
Cys Pro Val Asp Glu Arg Glu Gln Leu Glu Glu Thr Leu Pro Leu Ile
225 230 235 240
Leu Gly Leu Ile Leu Gly Leu Val Ile Met Val Thr Leu Ala Ile Tyr
245 250 255
His Val His His Lys Met Thr Ala Asn Gln Val Gln Ile Pro Arg Asp
260 265 270

Arg Ser Gln Tyr Lys His Met Gly
275 280

<210> 94
<211> 280
<212> PRT
<213> Pan troglodytes
<400> 94

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

Val Val Arg Glu Asn Gly Thr Thr Cys Leu Met Ala Glu Phe Ala Ala
50 55 60
Lys Phe Ile Val Pro Tyr Asp Val Trp Ala Ser Asn Tyr Val Asp Leu
65 70 75 80
Ile Thr Glu Gln Ala Asp Ile Ala Leu Thr Arg Gly Ala Glu Val Lys
85 90 95
Gly Arg Cys Gly His Ser Glu Ser Glu Leu Gln Val Phe Trp Val Asp
100 105 110

Arg Ala Tyr Ala Leu Lys Met Leu Phe Val Lys Glu Ser His Asn Met
115 120 125
Ser Lys Gly Pro Glu Ala Thr Trp Arg Leu Ser Lys Val Gln Phe Val

130 135 140

Tyr Asp Ser Ser Glu Lys Thr His Phe Lys Asp Ala Val Ser Ala Gly
145 150 155 160

Lys His Thr Ala Asn Ser His His Leu Ser Ala Leu Val Thr Pro Ala
165 170 175

Gly Lys Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Gln Gln Thr Ile Ser Leu Ala Ser
180 185 190

Ser Asp Leu Gln Lys Thr Val Thr Met Ile Leu Ser Ala Val His Ile
195 200 205

Gln Pro Phe Asp Ile Ile Ser Asp Phe Val Phe Ser Glu Glu His Lys
210 215 220

Cys Pro Val Asp Glu Arg Glu Gln Leu Glu Glu Thr Leu Pro Leu Ile
225 230 235 240

Leu Gly Leu Ile Leu Gly Leu Val Ile Met Val Thr Leu Ala Ile Tyr
245 250 255

His Val His His Lys Met Thr Ala Asn Gln Val Gln Ile Pro Arg Asp
260 265 270

Arg Ser Gln Tyr Lys His Met Gly
275 280

<210> 95
<211> 280
<212> PRT
<213> Macaca mulatta
<400> 95

Met Asp Leu Gln Gly Arg Ala Val Pro Ser Val Asp Arg Leu Arg Val
1 5 10 15

Leu Leu Met Leu Phe His Thr Met Ala Gln Ile Met Ala Glu Gln Glu
20 25 30

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

Val Val Arg Glu Asn Gly Thr Thr Cys Leu Met Ala Glu Phe Ala Ala
50 55 60

Lys Phe Ile Val Pro Tyr Asp Val Trp Ala Ser Asn Tyr Val Asp Leu
65 70 75 80

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

Gly Arg Cys Gly His Ser Glu Ser Glu Leu Gln Val Phe Trp Val Asp
100 105 110

Arg Ala Tyr Ala Leu Lys Met Leu Phe Val Lys Glu Ser His Asn Thr
115 120 125

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

Tyr Asp Ser Ser Glu Lys Thr His Phe Lys Asp Ala Val Ser Ala Gly
145 150 155 160

Lys His Thr Ala Asn Ser His His Leu Ser Ala Leu Val Thr Pro Ala
165 170 175

Gly Lys Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Gln Gln Thr Ile Ser Leu Ala Ser
180 185 190

Ser Asp Pro Gln Lys Met Val Thr Met Ile Leu Ser Ala Val His Ile
195 200 205

Gln Pro Phe Asp Ile Ile Ser Asp Phe Val Phe Ser Glu Glu His Lys
210 215 220

Cys Pro Val Asp Glu Arg Glu Gln Leu Glu Glu Thr Leu Pro Leu Ile
225 230 235 240

Leu Gly Leu Ile Leu Gly Leu Val Ile Val Val Thr Leu Thr Ile Tyr
245 250 255

His Val His His Lys Met Thr Ala Asn Gln Val Gln Ile Pro Arg Asp
260 265 270

Arg Ser Gln Tyr Lys His Met Gly
275 280

<210> 96

<211> 280

<212> PRT

<213> Canis lupus familiaris

<400> 96

Met Asp Leu Arg Gly Arg Ala Phe Pro Ser Val Tyr Arg Leu Arg Val
1 5 10 15

Leu Leu Met Leu Phe Tyr Thr Met Ala Arg Ile Thr Ala Glu Gln Glu
20 25 30

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

Val Val Arg Glu Asn Gly Thr Thr Cys Leu Met Ala Glu Phe Ala Ala
50 55 60

Lys Phe Ile Val Pro Tyr Asp Val Trp Ala Ser Asn Tyr Val Asp Leu
65 70 75 80

Ile Thr Glu Gln Ala Asp Ile Ser Leu Thr Arg Gly Ala Glu Val Lys
85 90 95

Gly His Cys Gly His Asn Glu Ser Glu Leu Gln Val Phe Trp Val Asp
100 105 110

Arg Ala Tyr Ala Leu Lys Met Leu Phe Val Lys Glu Ser Arg Asn Ala
115 120 125

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

Tyr Asp Ser Ser Glu Lys Thr His Phe Lys Asp Ala Val Ser Ala Gly
145 150 155 160

Lys His Thr Ala Asn Ser His Arg Leu Ser Ala Leu Val Thr Pro Ala
165 170 175

Gly Lys Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Gln Gln Ser Ile Ser Leu Ala Ser
180 185 190

Ser Asp Pro Gln Lys Thr Val Thr Met Ile Leu Ser Ala Val His Ile
195 200 205

Gln Pro Phe Asp Ile Ile Ser Asp Phe Val Phe Ser Glu Glu His Lys
210 215 220

Cys Pro Val Asp Glu Arg Glu Gln Leu Glu Glu Thr Leu Pro Leu Ile

225 230 235 240

Leu Gly Leu Ile Leu Gly Leu Val Ile Val Val Thr Leu Ala Ile Tyr
245 250 255
His Ile His His Lys Met Thr Ala Asn Gln Val Gln Ile Pro Arg Asp
260 265 270
Arg Ser Gln Tyr Lys His Met Gly
275 280

<210> 97
<211> 280
<212> PRT
<213> Bos taurus
<400> 97

Met Asp Leu Arg Arg Arg Ala Leu Leu Gly Val Asp Gly Leu Arg Val
1 5 10 15

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

Ile Thr Glu Gln Ala Asp Ile Ser Leu Thr Arg Gly Ala Glu Val Lys
85 90 95
Gly His Cys Gly His Asp Glu Ser Glu Leu Gln Val Phe Trp Val Asp
100 105 110
Arg Ala Tyr Ala Leu Lys Met Leu Phe Leu Lys Glu Ser His Asn Thr
115 120 125
Pro Lys Gly Pro Glu Ala Thr Trp Lys Leu Ser Lys Val Gln Phe Val
130 135 140

Tyr Asp Ser Ser Glu Lys Thr His Phe Lys Asp Ala Val Ser Ala Gly

145 150 155 160

Lys His Thr Ala Asn Ser His His Leu Ser Ala Leu Val Thr Pro Ala

165 170 175

Gly Lys Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Gln Gln Thr Ile Ser Leu Ala Ser

180 185 190

Ser Asp Pro Gln Lys Thr Val Thr Met Ile Leu Ser Ala Val His Ile

195 200 205

Gln Pro Phe Asp Ile Ile Ser Asp Phe Val Phe Ser Glu Glu His Lys

210 215 220

Cys Pro Val Asp Glu Arg Glu Gln Leu Glu Glu Thr Leu Pro Leu Ile

225 230 235 240

Leu Gly Leu Ile Leu Gly Leu Val Ile Val Val Thr Leu Val Ile Tyr

245 250 255

His Ile His His Lys Met Thr Ala Asn Gln Val Gln Ile Pro Arg Asp

260 265 270

Arg Ser Gln Tyr Lys His Met Gly

275 280

<210> 98

<211> 280

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 98

Met Asp Leu Arg Val Arg Thr Leu Leu Gly Gly Asp Arg Leu Arg Ile

1 5 10 15

Leu Leu Met Phe Phe His Val Met Val Gln Thr Val Ala Glu Gln Glu

20 25 30

Val Glu Asn Leu Ser Gly Leu Ser Thr Asn Pro Glu Lys Asp Ile Phe

35 40 45

Val Val Arg Glu Asn Gly Thr Thr Cys Leu Met Ala Glu Phe Ala Ala

50 55 60

Lys Phe Ile Val Pro Tyr Asp Val Trp Ala Ser Asn Tyr Val Asp Leu

65 70 75 80

Ile Thr Glu Gln Ala Glu Ile Ser Leu Thr Arg Gly Ala Glu Val Lys
85 90 95
Gly His Cys Gly His Asn Glu Ser Glu Leu Glu Val Phe Trp Val Asp
100 105 110

His Ala Tyr Thr Leu Arg Met Leu Phe Val Lys Glu Ser His Asn Thr
115 120 125
Ser Lys Gly Pro Glu Ala Thr Trp Asn Leu Asn Lys Val His Phe Val
130 135 140
Tyr Asp Ser Ser Glu Lys Thr His Phe Lys Ala Pro Val Lys Val Asn
145 150 155 160
Lys Tyr Ile Ala Ser Ser His His Leu Ser Ala Leu Val Thr Pro Ala
165 170 175

Gly Met Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Gln Gln Thr Ile Ser Leu Ala Ser
180 185 190
Ser Asp Pro Gln Lys Thr Val Thr Met Ile Leu Ser Ala Val His Ile
195 200 205
Gln Pro Phe Asp Ile Ile Ser Asp Phe Val Phe Ser Glu Glu His Lys
210 215 220
Cys Pro Val Asp Glu Gln Glu Gln Leu Glu Glu Thr Leu Pro Leu Ile
225 230 235 240

Leu Gly Leu Ile Leu Gly Leu Val Ile Val Ile Thr Leu Val Ile Tyr
245 250 255
His Ile His His Lys Met Thr Ala Asn Gln Val Gln Ile Pro Arg Asp
260 265 270
Arg Ser Gln Tyr Lys His Met Gly
275 280

<210> 99
<211> 280
<212> PRT
<213> Rattus norvegicus
<400> 99
Met Asp Leu Arg Gly Arg Ala Leu Leu Gly Gly Asp Arg Leu Arg Ile

1 5 10 15

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

Ile Thr Glu Gln Ala Glu Ile Ser Leu Thr Arg Gly Ala Glu Val Lys
85 90 95
Gly Arg Cys Gly His Asn Glu Ser Glu Leu Gln Val Phe Trp Val Asp
100 105 110
Arg Ala Tyr Thr Leu Lys Met Leu Phe Val Lys Glu Ser His Asn Thr
115 120 125
Ser Lys Gly Leu Glu Ala Thr Trp Lys Leu Ser Lys Val Gln Phe Val
130 135 140

Tyr Asp Ser Ser Glu Lys Thr His Phe Lys Asp Ala Val Ser Ala Gly
145 150 155 160
Lys His Thr Ala Asn Ser His His Leu Ser Ala Leu Val Thr Pro Ala
165 170 175
Gly Met Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Gln Gln Thr Ile Ser Leu Ala Ser
180 185 190
Ser Asp Pro Gln Lys Thr Val Thr Met Ile Leu Ser Ala Val His Ile
195 200 205

Gln Pro Phe Asp Ile Ile Ser Asp Phe Val Phe Ser Glu Glu His Lys
210 215 220
Cys Pro Val Asp Glu Arg Glu Gln Leu Glu Glu Thr Leu Pro Leu Ile
225 230 235 240
Leu Gly Leu Ile Leu Gly Leu Val Ile Val Ile Thr Leu Val Ile Tyr
245 250 255

His Ile His His Lys Met Thr Ala Asn Gln Val Gln Ile Pro Arg Asp
260 265 270

Arg Ser Gln Tyr Lys His Met Gly
275 280

<210> 100

<211> 299

<212> PRT

<213> Gallus gallus

<400> 100

Met Ala Ala Gly Arg Leu Pro Gly Leu Leu Phe Leu Leu His Ala Ala
1 5 10 15

Ala Arg Leu Ala Ala Glu Gln Glu Val Glu Asn Leu Ser Gly Leu Ser
20 25 30

Pro Asn Pro Glu Lys Asp Ile Phe Val Val Arg Glu Asn Arg Thr Thr
35 40 45

Cys Leu Met Ala Glu Phe Ala Ala Lys Phe Val Val Pro Tyr Asp Val
50 55 60

Trp Ala Ser Asn Tyr Val Asp Leu Ile Thr Glu Gln Ala Asp Ile Pro
65 70 75 80

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

Glu Leu Glu Ile Ser Trp Leu Glu Arg Ala Tyr Thr Leu Lys Leu Phe
100 105 110

Phe Leu Lys Val Arg Gly Cys Pro Arg Arg Leu Gly Arg Gly Arg Cys
115 120 125

Ala Ala Ala Leu Arg Gly Pro Asp Gln Pro Cys Pro Pro Gln Glu Gly
130 135 140

His Asn Thr Ser Arg Gly Pro Glu Ala Phe Trp Arg Leu Ser Arg Ile
145 150 155 160

Gln Phe Ser Tyr Asp Thr Ser Glu Arg Thr Tyr Phe Lys Asp Ala Val
165 170 175

Ser Pro Gly Lys His Thr Ala Ser Ser His Arg Leu Ser Ala Leu Val
180 185 190
Thr Pro Ala Gly Lys Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Gln Gln Thr Ile Ser
195 200 205
Leu Ile Ser Ser Asp His Gln Lys Ser Val Gln Leu Leu Leu Ser Glu
210 215 220
Val Arg Ile Gln Pro Phe Asp Ile Thr Ala Asp Phe Val Phe Ser Glu
225 230 235 240

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

<210> 101
<211> 276
<212> PRT

<213> Xenopus tropicalis
<400> 101
Met Asp Tyr Arg Ala Cys Thr Ser Ala Leu Arg Met Pro Val Leu Leu
1 5 10 15
Leu Leu Leu Cys Thr Phe Ser Cys Asn Leu Ala Glu Gln Glu Val Glu
20 25 30
Asn Leu Ser Gly Leu Ser Ser Asn Pro Asp Lys Asn Ile Phe Ala Ile
35 40 45
Arg Glu Asn Gly Thr Thr Cys Leu Met Ala Glu Phe Ser Ala Arg Ile
50 55 60

Leu Val Pro Tyr Glu Val Pro Ser Ser Asn Glu Val Asp Trp Asp Leu
65 70 75 80
Glu Glu Ala Ser Ile Gln Leu Pro Arg Asp Thr Glu Ile Arg Gly Lys

85 90 95

Cys Trp Asn Asn Glu Ser Glu Leu His Leu Ser Trp Leu Asp Lys Ala

100 105 110

Tyr Thr Leu Lys Leu Phe Phe Ser Lys Glu Gly Gln Asp Ala Ser Lys

115 120 125

Ser Arg Ser Trp Lys Met Ser Lys Ile Gln Phe Leu Tyr Asp Pro Ser

130 135 140

Glu His Thr Ile Phe Lys Ser Gly Ala Arg Pro Gly Arg His Thr Ala

145 150 155 160

Asn Ser His His Leu Ser Leu Met Val Thr Pro Ala Gly Met Ser Tyr

165 170 175

Glu Cys Glu Ala Thr Gln Arg Ile Ser Leu Thr Ser Thr Asp His Gln

180 185 190

Lys Ile Val Val Leu Tyr Leu Ser Glu Val His Leu Gln Pro Phe Asp

195 200 205

Ile Lys Ser Asp Phe Val Tyr Ser Glu Glu Tyr Lys Cys Pro Thr Asp

210 215 220

Gln Arg Lys Gln Leu Glu Glu Thr Leu Pro Leu Ile Leu Gly Leu Thr

225 230 235 240

Leu Gly Val Ala Ile Leu Ile Ile Val Ala Val Tyr His Ile His His

245 250 255

Lys Met Thr Ala Asn Gln Val Gln Ile Pro Arg Asp Arg Ser Leu Tyr

260 265 270

Lys His Met Gly

275

<210> 102

<211> 338

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 102

Met Val Gly Arg Val Gln Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu

1 5 10 15

Leu Arg Leu Leu Cys Leu Leu Pro Thr Gly Leu Pro Val Arg Ser Val
20 25 30
Asp Phe Asn Arg Gly Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr

35 40 45
Ala Ile Leu Arg Cys Val Val Glu Asp Lys Asn Ser Lys Val Ala Trp
50 55 60
Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly His Asp Lys Trp Ser Leu
65 70 75 80
Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ala Leu Glu Tyr Ser Leu
85 90 95
Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser

100 105 110
Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val
115 120 125
Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn
130 135 140
Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu
145 150 155 160
Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Leu Gly Arg Glu Phe Glu

165 170 175
Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser
180 185 190
Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val
195 200 205
Lys Gln Val Lys Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser
210 215 220
Lys Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Arg Gln Ala Ser Leu Lys Cys Glu

225 230 235 240
Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr
245 250 255
Arg Ile Asn Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Glu Gly Gln

260 265 270

Ser Ser Leu Thr Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Lys Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Val

290 295 300

Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu

305 310 315 320

Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Phe Cys Leu Leu Ser

325 330 335

Lys Cys

<210> 103

<211> 338

<212> PRT

<213> Equus caballus

<400> 103

Met Val Gly Arg Val Gln Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu

1 5 10 15

Leu Arg Leu Leu Cys Leu Leu Pro Thr Gly Leu Pro Val Arg Ser Val

20 25 30

Asp Phe Asn Arg Gly Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr

35 40 45

Ala Ile Leu Arg Cys Val Val Glu Asp Lys Asn Ser Lys Val Ala Trp

50 55 60

Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly His Asp Lys Trp Ser Leu

65 70 75 80

Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ser Leu Glu Tyr Ser Leu

85 90 95

Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser

100 105 110

Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val

115 120 125

Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn

130 135 140

Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu
145 150 155 160
Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Arg Glu Phe Glu
165 170 175
Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser
180 185 190
Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val
195 200 205

Lys Gln Val Lys Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser
210 215 220
Lys Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Arg Gln Ala Ser Leu Lys Cys Glu
225 230 235 240
Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr
245 250 255
Arg Ile Thr Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Glu Gly Gln
260 265 270

Ser Ser Leu Thr Val Ala Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr
275 280 285
Thr Cys Val Ala Ala Asn Asn Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Val
290 295 300
Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu
305 310 315 320
Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser
325 330 335

Lys Cys

<210> 104

<211> 338

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 104

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

50 55 60
Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly His Asp Lys Trp Ser Leu
65 70 75 80
Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ser Leu Glu Tyr Ser Leu
85 90 95
Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser
100 105 110
Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val

115 120 125
Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn
130 135 140
Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu
145 150 155 160
Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Arg Glu Leu Glu
165 170 175
Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser

180 185 190
Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val
195 200 205
Lys Gln Val Lys Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser
210 215 220
Lys Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Arg Lys Ala Ser Leu Lys Cys Glu
225 230 235 240
Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr

245 250 255

Arg Ile Asn Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Glu Gly Gln

260 265 270

Ser Ser Leu Thr Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Asn Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Val

290 295 300

Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu

305 310 315 320

Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser

325 330 335

Lys Cys

<210> 105

<211> 338

<212> PRT

<213> Bos taurus

<400> 105

Met Val Ala Arg Val Gln Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu

1 5 10 15

Leu Arg Leu Leu Cys Leu Leu Pro Thr Gly Leu Pro Val Arg Ser Val

20 25 30

Asp Phe Asn Arg Gly Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr

35 40 45

Ala Ile Leu Arg Cys Val Val Glu Asp Lys Asn Ser Lys Val Ala Trp

50 55 60

Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly His Asp Lys Trp Ser Leu

65 70 75 80

Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ser Leu Glu Tyr Ser Leu

85 90 95

Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser

100 105 110

Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val

115 120 125

Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn

130 135 140

Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu

145 150 155 160

Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Arg Glu Phe Glu

165 170 175

Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser

180 185 190

Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val

195 200 205

Lys Gln Val Lys Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser

210 215 220

Lys Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Arg Lys Ala Ser Leu Lys Cys Glu

225 230 235 240

Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr

245 250 255

Arg Ile Asn Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Glu Gly Gln

260 265 270

Ser Ser Leu Thr Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Asn Leu Gly Met Thr Asn Ala Ser Leu Val

290 295 300

Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu

305 310 315 320

Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser

325 330 335

Lys Cys

<210> 106

<211> 417

<212> PRT

<213> Anopheles gambiae str. PEST

<400> 106

Met Ser Phe Ala Gly Glu Ala Ala Ser Gln Ile Leu Asn Lys Ala Glu

1 5 10 15

Pro Leu Phe Ile Ser Arg Ser Glu Ala Phe Lys Phe Ala Val Gly Asp

20 25 30

Thr Ile Thr Leu Pro Cys Glu Val Ala Ser Pro Gly Thr Tyr Val Leu

35 40 45

Ala Trp Lys Arg Gly Ile Ala Ile Leu Thr Ala Gly Ser Val Lys Val

50 55 60

Thr Pro Asp Pro Arg Val Arg Leu Val Asn Gly Tyr Ser Leu Gln Ile

65 70 75 80

Arg Asp Ala Val Pro Gln Asp Ala Gly Asp Tyr Ile Cys Gln Ile Ala

85 90 95

Met Leu Asp Pro Arg Glu Ile Thr His Ser Val Glu Ile Leu Val Pro

100 105 110

Pro Lys Ile Thr His Val Thr Ser Gly Gly His Leu Gln Val Arg Lys

115 120 125

Gly Ser Pro Val Arg Leu Glu Cys Ser Ala Thr Gly Asn Pro Met Pro

130 135 140

Asn Ile Thr Trp Thr Arg Lys Asn Asn Leu Leu Pro Asn Gly Glu Glu

145 150 155 160

Gln Phe Thr Asn Pro Val Tyr Val Ile Glu Asn Met Asp Arg His Lys

165 170 175

Gly Gly Thr Tyr Ile Cys Thr Ala Asn Asn Gly Val Gly Gln Val Ala

180 185 190

Thr Ser Gln Ile Ile Leu His Val Leu Tyr Pro Pro Glu Ile Ser Val

195 200 205

Glu Asn Pro Thr Val Tyr Ser Gly Glu Gly Gln Glu Ala Met Leu Val

210 215 220

Cys Ile Val His Gly Glu Ser Gln Pro Glu Val Leu Trp His Lys Asp

225 230 235 240

Thr Met Gln Ile Asp Gln Thr Glu Arg His Val Ile Glu Asn Arg Gly
245 250 255
Ala Arg His Thr Leu Ile Ile Arg Lys Val His Pro Gln Asp Phe Gly

260 265 270
Asn Tyr Ser Cys Ile Ala Asp Asn Gln Leu Gly Lys Thr Arg Lys Thr
275 280 285
Val Thr Leu Thr Gly Lys Pro Lys Thr Ala Val Phe Arg Ser Val Pro
290 295 300
Asn Ser Gln Trp Lys Asp Lys Tyr Asn Ile Ser Trp Ile Val Asp Ser
305 310 315 320
His Ser Pro Ile Glu Glu Phe Lys Leu Tyr Tyr Arg Gln Met Thr Phe

325 330 335
Ser Ile Gly Gln Leu Gln Pro Leu Gln Thr Asp Trp Arg Asp Ile Val
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Tyr Ser His His Tyr Thr Gln Gly Met Ser Tyr
355 360 365
Leu Ile Arg Gly Leu Glu Pro Asp Gln Gln Tyr Glu Ala Arg Val Gln
370 375 380
Ser Arg Asn Arg Tyr Gly Trp Ser Asp Phe Ser Glu Ser Phe Leu Phe

385 390 395 400
Thr Thr Ser Asn Thr Gly Lys Trp Met Gly Gln Cys Cys Thr Asn Pro
405 410 415
Gly

<210> 107
<211> 334
<212> PRT
<213> Xenopus tropicalis
<400> 107
Met Arg Pro Cys Leu Leu His Ser Ile Trp Met Leu Gly Phe Val Leu
1 5 10 15
Cys Leu Leu Ser Leu Gln Gly Leu Pro Val Arg Ser Gly Asp Phe Asn

20 25 30

Arg Ser Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr Ala Ile Leu
35 40 45
Arg Cys Phe Val Glu Asp Arg Ser Ser Arg Val Ala Trp Leu Asn Arg
50 55 60
Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly Asp Asp Lys Trp Ser Leu Asp Pro Arg
65 70 75 80
Val Glu Leu Glu Lys Arg Ser Leu Leu Glu Tyr Ser Leu Arg Ile Gln
85 90 95

Lys Val Asp Val Ser Asp Glu Gly Pro Tyr Thr Cys Ser Val Gln Thr
100 105 110
Lys Gln His Thr Lys Thr Thr Gln Val Tyr Leu Ile Val Gln Val Pro
115 120 125
Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ala Asp Ile Thr Val Asn Glu Gly Ser
130 135 140
Asn Val Thr Leu Met Cys Ile Ala Tyr Gly Arg Pro Glu Pro Met Ile
145 150 155 160

Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Ala Arg Asp Phe Glu Gly Glu Glu
165 170 175
Glu Phe Leu Glu Ile Gln Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser Gly Arg Tyr
180 185 190
Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ala Ser Ala Asp Val Lys Gln Val
195 200 205
Arg Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Ile Ile Thr Glu Ser Lys Ser Asn
210 215 220

Glu Ala Thr Thr Gly Lys Gln Ala Ile Leu Arg Cys Glu Ala Ser Ala
225 230 235 240
Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Lys Asp Asp Thr Arg Ile Asn
245 250 255
Ser Ala Gln Gly Leu Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Arg Ser Val Leu
260 265 270

Met Val Ala Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr Thr Cys Val
275 280 285

Ala Ala Asn Lys Leu Gly Ile Thr Asn Thr Ser Leu Tyr Leu Tyr Ile
290 295 300
Gly Pro Gly Thr Pro Ile Asp Ser Ala Thr Ser Leu Ala Ala Ser Leu
305 310 315 320
Trp Leu Met Ala Asn Leu Leu Phe Cys Leu Phe Cys Thr Cys
325 330

<210> 108
<211> 338
<212> PRT
<213> Canis lupus familiaris
<400> 108
Met Leu Gly Ala Arg Arg Pro Pro Arg Ser Gln Leu Pro Leu Val Leu

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

65 70 75 80
Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg His Ser Leu Glu Tyr Ser Leu
85 90 95
Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser
100 105 110
Val Gln Thr Gln His Glu Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val
115 120 125
Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn

130 135 140

Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu
145 150 155 160
Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Arg Glu Phe Glu
165 170 175
Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser
180 185 190
Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val

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

260 265 270
Ser Ser Leu Thr Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr
275 280 285
Thr Cys Val Ala Ala Asn Asn Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Val
290 295 300
Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu
305 310 315 320
Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser

325 330 335
Lys Cys

<210> 109
<211> 338
<212> PRT
<213> Monodelphis domestica
<400> 109
Met Val Gly Arg Val His Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu
1 5 10 15

Leu Arg Leu Leu Cys Leu Leu Pro Thr Gly Leu Pro Val Arg Gly Val
20 25 30
Asp Phe Thr Arg Gly Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr
35 40 45

Ala Ile Leu Arg Cys Tyr Val Glu Asp Lys Ser Ser Lys Val Ala Trp
50 55 60
Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly His Asp Lys Trp Ser Leu
65 70 75 80
Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg Thr Ala Leu Glu Tyr Ser Leu
85 90 95
Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser
100 105 110

Val Gln Thr Gln His Gln Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val
115 120 125
Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Val Thr Val Asn
130 135 140
Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu
145 150 155 160
Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Arg Glu Phe Glu
165 170 175

Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser
180 185 190
Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ser Ser Ala Asp Val
195 200 205
Lys Gln Val Lys Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser
210 215 220
Lys Ser Asn Glu Ala Thr Thr Gly Arg Gln Ala Ser Leu Lys Cys Glu
225 230 235 240

Ala Ser Ala Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr
245 250 255
Arg Ile Asn Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Ile Glu Gly Gln

260 265 270

Ser Leu Leu Met Val Thr Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Lys Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Ile

290 295 300

Leu Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ile Ser Leu

305 310 315 320

Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Phe Cys Leu Leu Ser

325 330 335

Lys Cys

<210> 110

<211> 338

<212> PRT

<213> Gallus gallus

<400> 110

Met Val Ala Arg Ala Gln Pro Asp Arg Lys Gln Leu Pro Leu Val Leu

1 5 10 15

Leu Arg Leu Leu Cys Leu Leu Pro Thr Gly Leu Pro Val Arg Ser Val

20 25 30

Asp Phe Thr Arg Gly Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr

35 40 45

Ala Ile Leu Arg Cys Phe Val Glu Asp Arg Ser Ser Lys Val Ala Trp

50 55 60

Leu Asn Arg Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly Glu Asp Lys Trp Ser Leu

65 70 75 80

Asp Pro Arg Val Glu Leu Glu Lys Arg Ser Pro Leu Glu Tyr Ser Leu

85 90 95

Arg Ile Gln Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser

100 105 110

Val Gln Thr Gln His His Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val

115 120 125

Gln Val Pro Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Ile Thr Val Asn

130 135 140

Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu

145 150 155 160

Pro Val Ile Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Lys Glu Phe Glu

165 170 175

Gly Glu Glu Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser

180 185 190

Gly Lys Tyr Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ala Ser Ala Asp Val

195 200 205

Lys Gln Val Arg Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser

210 215 220

Lys Ser Asn Glu Ala Ala Thr Gly Arg Gln Ala Leu Leu Arg Cys Glu

225 230 235 240

Ala Ser Ala Val Pro Thr Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr

245 250 255

Arg Ile Asn Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Gly Ser Gln

260 265 270

Ser Leu Leu Met Val Ala Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr

275 280 285

Thr Cys Val Ala Ala Asn Lys Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Tyr

290 295 300

Leu Tyr Arg Pro Gly Thr Gly Arg Val Asp Asn Gly Ser Val Ser Leu

305 310 315 320

Ala Val Pro Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser

325 330 335

Lys Cys

<210> 111

<211> 335

<212> PRT

<213> Taeniopygia guttata

<400> 111

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

Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly Glu Asp Lys Trp Ser Leu Asp Pro Arg
65 70 75 80
Val Glu Leu Glu Lys Arg Asn Pro Leu Glu Tyr Ser Leu Arg Ile Gln
85 90 95
Lys Val Asp Val Tyr Asp Glu Gly Ser Tyr Thr Cys Ser Val Gln Thr
100 105 110
Gln His His Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val Gln Val Pro
115 120 125

Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Ile Thr Val Asn Glu Gly Ser
130 135 140
Asn Val Thr Leu Val Cys Met Ala Asn Gly Arg Pro Glu Pro Val Ile
145 150 155 160
Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Gly Lys Glu Phe Glu Gly Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Leu Glu Ile Leu Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser Gly Lys Tyr
180 185 190

Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ala Ser Ala Asp Val Lys Gln Val
195 200 205
Arg Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Thr Glu Ser Lys Ser Asn
210 215 220
Glu Ala Ala Thr Gly Arg Gln Ala Leu Leu Arg Cys Glu Ala Ser Ala
225 230 235 240
Val Pro Thr Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Thr Arg Ile Asn

245 250 255

Ser Ala Asn Gly Leu Glu Ile Lys Ser Thr Gly Ser Gln Ser Leu Leu
260 265 270
Met Val Ala Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr Thr Cys Val
275 280 285
Ala Ala Asn Lys Leu Gly Val Thr Asn Ala Ser Leu Tyr Leu Tyr Arg
290 295 300
Pro Gly Thr Gly Arg Val Asp Asn Gly Ser Met Ser Leu Ala Val Pro
305 310 315 320

Leu Trp Leu Leu Ala Ala Ser Leu Leu Cys Leu Leu Ser Lys Cys
325 330 335

<210> 112
<211> 334
<212> PRT
<213> Xenopus tropicalis
<400> 112
Met Arg Pro Cys Leu Leu His Ser Ile Trp Met Leu Gly Phe Val Leu
1 5 10 15
Cys Leu Leu Ser Leu Gln Gly Leu Pro Val Arg Ser Gly Asp Phe Asn
20 25 30
Arg Ser Thr Asp Asn Ile Thr Val Arg Gln Gly Asp Thr Ala Ile Leu

35 40 45
Arg Cys Phe Val Glu Asp Arg Ser Ser Arg Val Ala Trp Leu Asn Arg
50 55 60
Ser Gly Ile Ile Phe Ala Gly Asp Asp Lys Trp Ser Leu Asp Pro Arg
65 70 75 80
Val Glu Leu Glu Lys Arg Ser Leu Leu Glu Tyr Ser Leu Arg Ile Gln
85 90 95
Lys Val Asp Val Ser Asp Glu Gly Pro Tyr Thr Cys Ser Val Gln Thr

100 105 110
Lys Gln His Thr Lys Thr Thr Gln Val Tyr Leu Ile Val Gln Val Pro

115 120 125

Pro Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ala Asp Ile Thr Val Asn Glu Gly Ser

130 135 140

Asn Val Thr Leu Met Cys Ile Ala Tyr Gly Arg Pro Glu Pro Met Ile

145 150 155 160

Thr Trp Arg His Leu Thr Pro Thr Ala Arg Asp Phe Glu Gly Glu Glu

165 170 175

Glu Phe Leu Glu Ile Gln Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ser Gly Arg Tyr

180 185 190

Glu Cys Lys Ala Ala Asn Glu Val Ala Ser Ala Asp Val Lys Gln Val

195 200 205

Arg Val Thr Val Asn Tyr Pro Pro Ile Ile Thr Glu Ser Lys Ser Asn

210 215 220

Glu Ala Thr Thr Gly Lys Gln Ala Ile Leu Arg Cys Glu Ala Ser Ala

225 230 235 240

Val Pro Ala Pro Asp Phe Glu Trp Tyr Lys Asp Asp Thr Arg Ile Asn

245 250 255

Ser Ala Gln Gly Leu Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Arg Ser Val Leu

260 265 270

Met Val Ala Asn Val Thr Glu Glu His Tyr Gly Asn Tyr Thr Cys Val

275 280 285

Ala Ala Asn Lys Leu Gly Ile Thr Asn Thr Ser Leu Tyr Leu Tyr Ile

290 295 300

Gly Pro Gly Thr Pro Ile Asp Ser Ala Thr Ser Leu Ala Ala Ser Leu

305 310 315 320

Trp Leu Met Ala Asn Leu Leu Phe Cys Leu Phe Cys Thr Cys

325 330

<210> 113

<211> 337

<212> PRT

<213> Oreochromis niloticus

<400> 113

Met Gln Val Gly Arg Lys Ser Cys Trp Arg Gln Leu Gln Ala Ser Phe
1 5 10 15

Phe Arg Leu Leu Cys Leu Ile Pro Thr Gly Phe Pro Val Arg Ser Val
20 25 30

Asp Met Gln Arg Ala Thr Asp Asn Ile Thr Ile Arg Gln Gly Asp Thr
35 40 45

Ala Ile Ile Arg Cys Tyr Val Asp Asp Lys Val Ser Lys Val Ala Trp
50 55 60

Leu Asn Arg Ser Asn Ile Ile Phe Ala Gly Gln Asp Lys Trp Ser Leu
65 70 75 80

Asp Pro Arg Val Asp Leu Val Thr Lys Gly Gln Leu Glu Tyr Ser Leu
85 90 95

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

Ile Gln Thr Lys Gln Gln Pro Lys Thr Ser Gln Val Tyr Leu Ile Val
115 120 125

Gln Val Pro Ala Ser Ile Tyr Gln Val Ser Asn Asp Ile Thr Val Asn
130 135 140

Glu Gly Ser Asn Val Thr Leu Ser Cys Leu Ala Asn Gly Arg Pro Asp
145 150 155 160

Pro Ala Ile Thr Trp Arg Leu Leu Asn Pro Ser Ala Glu Pro Leu Asp
165 170 175

Gly Glu Glu Tyr Leu Asp Ile Ile Gly Ile Met Arg Thr Gln Ala Gly
180 185 190

Arg Tyr Glu Cys Lys Ala Ser Asn Asp Val Ala Thr Pro Asp Val Lys
195 200 205

Tyr Val Asn Val Ile Val Asn Tyr Pro Pro Thr Ile Lys Lys Thr Gln
210 215 220

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

Thr Ala Val Pro Thr Pro Glu Phe Glu Trp Tyr Arg Asp Asp Lys Arg

245 250 255

Leu Ala Asn Thr Gln Ser Ile Thr Ile Gln Thr Ser Gly Thr Thr Thr

260 265 270

Ser Leu Thr Ile Ala Asn Ile Thr Glu Glu Asp Tyr Gly Asn Tyr Thr

275 280 285

Cys Val Ala Ser Asn Arg Leu Gly Val Gln Asn Ala Ser Leu Phe Leu

290 295 300

Tyr Arg Pro Gly Thr Gly Arg Asp Ile Asn Gly Ser Ala Cys Val Ser

305 310 315 320

Gln Ser Leu Trp Leu Leu Leu Ala Ser Phe Ala Cys Leu Phe Leu Lys

325 330 335

Cys

<210> 114

<211> 561

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 114

Met Glu Ser Arg Gly Arg Arg Cys Pro Glu Met Ile Ser Val Leu Gly

1 5 10 15

Pro Ile Ser Gly His Val Leu Lys Ala Val Phe Ser Arg Gly Asp Thr

20 25 30

Pro Val Leu Pro His Glu Thr Arg Leu Leu Gln Thr Gly Ile His Val

35 40 45

Arg Val Ser Gln Pro Ser Leu Ile Leu Val Ser Gln Tyr Thr Pro Asp

50 55 60

Ser Thr Pro Cys His Arg Gly Asp Asn Gln Leu Gln Val Gln His Thr

65 70 75 80

Tyr Phe Thr Gly Ser Glu Val Glu Asn Val Ser Val Asn Val His Asn

85 90 95

Pro Thr Gly Arg Ser Ile Cys Pro Ser Gln Glu Pro Met Ser Ile Tyr

100 105 110

Val Tyr Ala Leu Pro Leu Lys Met Leu Asn Ile Pro Ser Ile Asn Val
115 120 125
His His Tyr Pro Ser Ala Ala Glu Arg Lys His Arg His Leu Pro Val
130 135 140
Ala Asp Ala Val Ile His Ala Ser Gly Lys Gln Met Trp Gln Ala Arg
145 150 155 160
Leu Thr Val Ser Gly Leu Ala Trp Thr Arg Gln Gln Asn Gln Trp Lys
165 170 175

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

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

Leu Cys Pro Lys Ser Ile Pro Gly Leu Ser Ile Ser Gly Asn Leu Leu
305 310 315 320
Met Asn Gly Gln Gln Ile Phe Leu Glu Val Gln Ala Ile Arg Glu Thr
325 330 335
Val Glu Leu Arg Gln Tyr Asp Pro Val Ala Ala Leu Phe Phe Phe Asp
340 345 350

Ile Asp Leu Leu Leu Gln Arg Gly Pro Gln Tyr Ser Glu His Pro Thr
355 360 365

Phe Thr Ser Gln Tyr Arg Ile Gln Gly Lys Leu Glu Tyr Arg His Thr
370 375 380
Trp Asp Arg His Asp Glu Gly Ala Ala Gln Gly Asp Asp Asp Val Trp
385 390 395 400
Thr Ser Gly Ser Asp Ser Asp Glu Glu Leu Val Thr Thr Glu Arg Lys
405 410 415
Thr Pro Arg Val Thr Gly Gly Gly Ala Met Ala Gly Ala Ser Thr Ser
420 425 430

Ala Gly Arg Lys Arg Lys Ser Ala Ser Ser Ala Thr Ala Cys Thr Ser
435 440 445
Gly Val Met Thr Arg Gly Arg Leu Lys Ala Glu Ser Thr Val Ala Pro
450 455 460
Glu Glu Asp Thr Asp Glu Asp Ser Asp Asn Glu Ile His Asn Pro Ala
465 470 475 480
Val Phe Thr Trp Pro Pro Trp Gln Ala Gly Ile Leu Ala Arg Asn Leu
485 490 495

Val Pro Met Val Ala Thr Val Gln Gly Gln Asn Leu Lys Tyr Gln Glu
500 505 510
Phe Phe Trp Asp Ala Asn Asp Ile Tyr Arg Ile Phe Ala Glu Leu Glu
515 520 525
Gly Val Trp Gln Pro Ala Ala Gln Pro Lys Arg Arg Arg His Arg Gln
530 535 540
Asp Ala Leu Pro Gly Pro Cys Ile Ala Ser Thr Pro Lys Lys His Arg
545 550 555 560

Gly

<210> 115
<211> 146
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 115

Leu Leu Gln Thr Gly Ile His Val Arg Val Ser Gln Pro Ser Leu Gly
1 5 10 15

Pro Gly Pro Gly Ala Leu Pro Leu Lys Met Leu Asn Ile Pro Ser Ile
20 25 30

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

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

Gly Lys Ile Ser His Ile Met Leu Asp Val Ala Phe Thr Ser His Gly
65 70 75 80

Pro Gly Pro Gly Pro Gln Tyr Ser Glu His Pro Thr Phe Thr Ser Gln
85 90 95

Tyr Arg Ile Gln Gly Lys Leu Gly Pro Gly Pro Gly Pro Pro Trp Gln
100 105 110

Ala Gly Ile Leu Ala Arg Asn Leu Val Pro Met Val Gly Pro Gly Pro
115 120 125

Gly Lys Tyr Gln Glu Phe Phe Trp Asp Ala Asn Asp Ile Tyr Arg Ile
130 135 140

Phe Ala
145

<210> 116

<211> 146

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 116

Leu Leu Gln Thr Gly Ile His Val Arg Val Ser Gln Pro Ser Leu Pro
1 5 10 15

Met Gly Leu Pro Ala Leu Pro Leu Lys Met Leu Asn Ile Pro Ser Ile
20 25 30

Asn Val His Pro Met Gly Leu Pro Asp Gln Tyr Val Lys Val Tyr Leu
35 40 45
Glu Ser Phe Cys Glu Asp Val Pro Met Gly Leu Pro Ile Ile Lys Pro
50 55 60
Gly Lys Ile Ser His Ile Met Leu Asp Val Ala Phe Thr Ser His Pro
65 70 75 80

Met Gly Leu Pro Pro Gln Tyr Ser Glu His Pro Thr Phe Thr Ser Gln
85 90 95
Tyr Arg Ile Gln Gly Lys Leu Pro Met Gly Leu Pro Pro Pro Trp Gln
100 105 110
Ala Gly Ile Leu Ala Arg Asn Leu Val Pro Met Val Pro Met Gly Leu
115 120 125
Pro Lys Tyr Gln Glu Phe Phe Trp Asp Ala Asn Asp Ile Tyr Arg Ile
130 135 140

Phe Ala
145
<210> 117
<211> 906
<212> PRT
<213> Human herpesvirus 5
<220><223> Strain AD169
<400> 117
Met Glu Ser Arg Ile Trp Cys Leu Val Val Cys Val Asn Leu Cys Ile
1 5 10 15
Val Cys Leu Gly Ala Ala Val Ser Ser Ser Ser Thr Ser His Ala Thr
20 25 30
Ser Ser Thr His Asn Gly Ser His Thr Ser Arg Thr Thr Ser Ala Gln
35 40 45

Thr Arg Ser Val Tyr Ser Gln His Val Thr Ser Ser Glu Ala Val Ser
50 55 60
His Arg Ala Asn Glu Thr Ile Tyr Asn Thr Thr Leu Lys Tyr Gly Asp
65 70 75 80

Val Val Gly Val Asn Thr Thr Lys Tyr Pro Tyr Arg Val Cys Ser Met
85 90 95
Ala Gln Gly Thr Asp Leu Ile Arg Phe Glu Arg Asn Ile Ile Cys Thr
100 105 110

Ser Met Lys Pro Ile Asn Glu Asp Leu Asp Glu Gly Ile Met Val Val
115 120 125
Tyr Lys Arg Asn Ile Val Ala His Thr Phe Lys Val Arg Val Tyr Gln
130 135 140
Lys Val Leu Thr Phe Arg Arg Ser Tyr Ala Tyr Ile Tyr Thr Thr Tyr
145 150 155 160
Leu Leu Gly Ser Asn Thr Glu Tyr Val Ala Pro Pro Met Trp Glu Ile
165 170 175

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

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

Ile Val Ser Asp Phe Gly Arg Pro Asn Ala Ala Pro Glu Thr His Arg
305 310 315 320
Leu Val Ala Phe Leu Glu Arg Ala Asp Ser Val Ile Ser Trp Asp Ile

325 330 335

Gln Asp Glu Lys Asn Val Thr Cys Gln Leu Thr Phe Trp Glu Ala Ser

340 345 350

Glu Arg Thr Ile Arg Ser Glu Ala Glu Asp Ser Tyr His Phe Ser Ser

355 360 365

Ala Lys Met Thr Ala Thr Phe Leu Ser Lys Lys Gln Glu Val Asn Met

370 375 380

Ser Asp Ser Ala Leu Asp Cys Val Arg Asp Glu Ala Ile Asn Lys Leu

385 390 395 400

Gln Gln Ile Phe Asn Thr Ser Tyr Asn Gln Thr Tyr Glu Lys Tyr Gly

405 410 415

Asn Val Ser Val Phe Glu Thr Ser Gly Gly Leu Val Val Phe Trp Gln

420 425 430

Gly Ile Lys Gln Lys Ser Leu Val Glu Leu Glu Arg Leu Ala Asn Arg

435 440 445

Ser Ser Leu Asn Ile Thr His Arg Thr Arg Arg Ser Thr Ser Asp Asn

450 455 460

Asn Thr Thr His Leu Ser Ser Met Glu Ser Val His Asn Leu Val Tyr

465 470 475 480

Ala Gln Leu Gln Phe Thr Tyr Asp Thr Leu Arg Gly Tyr Ile Asn Arg

485 490 495

Ala Leu Ala Gln Ile Ala Glu Ala Trp Cys Val Asp Gln Arg Arg Thr

500 505 510

Leu Glu Val Phe Lys Glu Leu Ser Lys Ile Asn Pro Ser Ala Ile Leu

515 520 525

Ser Ala Ile Tyr Asn Lys Pro Ile Ala Ala Arg Phe Met Gly Asp Val

530 535 540

Leu Gly Leu Ala Ser Cys Val Thr Ile Asn Gln Thr Ser Val Lys Val

545 550 555 560

Leu Arg Asp Met Asn Val Lys Glu Ser Pro Gly Arg Cys Tyr Ser Arg

565 570 575

Pro Val Val Ile Phe Asn Phe Ala Asn Ser Ser Tyr Val Gln Tyr Gly
580 585 590

Gln Leu Gly Glu Asp Asn Glu Ile Leu Leu Gly Asn His Arg Thr Glu
595 600 605

Glu Cys Gln Leu Pro Ser Leu Lys Ile Phe Ile Ala Gly Asn Ser Ala
610 615 620

Tyr Glu Tyr Val Asp Tyr Leu Phe Lys Arg Met Ile Asp Leu Ser Ser
625 630 635 640

Ile Ser Thr Val Asp Ser Met Ile Ala Leu Asp Ile Asp Pro Leu Glu
645 650 655

Asn Thr Asp Phe Arg Val Leu Glu Leu Tyr Ser Gln Lys Glu Leu Arg
660 665 670

Ser Ser Asn Val Phe Asp Leu Glu Glu Ile Met Arg Glu Phe Asn Ser
675 680 685

Tyr Lys Gln Arg Val Lys Tyr Val Glu Asp Lys Val Val Asp Pro Leu
690 695 700

Pro Pro Tyr Leu Lys Gly Leu Asp Asp Leu Met Ser Gly Leu Gly Ala
705 710 715 720

Ala Gly Lys Ala Val Gly Val Ala Ile Gly Ala Val Gly Gly Ala Val
725 730 735

Ala Ser Val Val Glu Gly Val Ala Thr Phe Leu Lys Asn Pro Phe Gly
740 745 750

Ala Phe Thr Ile Ile Leu Val Ala Ile Ala Val Val Ile Ile Thr Tyr
755 760 765

Leu Ile Tyr Thr Arg Gln Arg Arg Leu Cys Thr Gln Pro Leu Gln Asn
770 775 780

Leu Phe Pro Tyr Leu Val Ser Ala Asp Gly Thr Thr Val Thr Ser Gly
785 790 795 800

Ser Thr Lys Asp Thr Ser Leu Gln Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Ser
805 810 815

Val Tyr Asn Ser Gly Arg Lys Gly Pro Gly Pro Pro Ser Ser Asp Ala

820 825 830

Ser Thr Ala Ala Pro Pro Tyr Thr Asn Glu Gln Ala Tyr Gln Met Leu

835 840 845

Leu Ala Leu Ala Arg Leu Asp Ala Glu Gln Arg Ala Gln Gln Asn Gly

850 855 860

Thr Asp Ser Leu Asp Gly Gln Thr Gly Thr Gln Asp Lys Gly Gln Lys

865 870 875 880

Pro Asn Leu Leu Asp Arg Leu Arg His Arg Lys Asn Gly Tyr Arg His

885 890 895

Leu Lys Asp Ser Asp Glu Glu Glu Asn Val

900 905

<210> 118

<211> 863

<212> PRT

<213> Human herpesvirus 5

<220><223> Strain AD169

<400> 118

Val Ser Ser Ser Ser Thr Ser His Ala Thr Ser Ser Thr His Asn Gly

1 5 10 15

Ser His Thr Ser Arg Thr Thr Ser Ala Gln Thr Arg Ser Val Tyr Ser

20 25 30

Gln His Val Thr Ser Ser Glu Ala Val Ser His Arg Ala Asn Glu Thr

35 40 45

Ile Tyr Asn Thr Thr Leu Lys Tyr Gly Asp Val Val Gly Val Asn Thr

50 55 60

Thr Lys Tyr Pro Tyr Arg Val Cys Ser Met Ala Gln Gly Thr Asp Leu

65 70 75 80

Ile Arg Phe Glu Arg Asn Ile Ile Cys Thr Ser Met Lys Pro Ile Asn

85 90 95

Glu Asp Leu Asp Glu Gly Ile Met Val Val Tyr Lys Arg Asn Ile Val

100 105 110

Ala His Thr Phe Lys Val Arg Val Tyr Gln Lys Val Leu Thr Phe Arg

115 120 125

Arg Ser Tyr Ala Tyr Ile Tyr Thr Thr Tyr Leu Leu Gly Ser Asn Thr

130 135 140

Glu Tyr Val Ala Pro Pro Met Trp Glu Ile His His Ile Asn Lys Phe

145 150 155 160

Ala Gln Cys Tyr Ser Ser Tyr Ser Arg Val Ile Gly Gly Thr Val Phe

165 170 175

Val Ala Tyr His Arg Asp Ser Tyr Glu Asn Lys Thr Met Gln Leu Ile

180 185 190

Pro Asp Asp Tyr Ser Asn Thr His Ser Thr Arg Tyr Val Thr Val Lys

195 200 205

Asp Gln Trp His Ser Arg Gly Ser Thr Trp Leu Tyr Arg Glu Thr Cys

210 215 220

Asn Leu Asn Cys Met Leu Thr Ile Thr Thr Ala Arg Ser Lys Tyr Pro

225 230 235 240

Tyr His Phe Phe Ala Thr Ser Thr Gly Asp Val Val Tyr Ile Ser Pro

245 250 255

Phe Tyr Asn Gly Thr Asn Arg Asn Ala Ser Tyr Phe Gly Glu Asn Ala

260 265 270

Asp Lys Phe Phe Ile Phe Pro Asn Tyr Thr Ile Val Ser Asp Phe Gly

275 280 285

Arg Pro Asn Ala Ala Pro Glu Thr His Arg Leu Val Ala Phe Leu Glu

290 295 300

Arg Ala Asp Ser Val Ile Ser Trp Asp Ile Gln Asp Glu Lys Asn Val

305 310 315 320

Thr Cys Gln Leu Thr Phe Trp Glu Ala Ser Glu Arg Thr Ile Arg Ser

325 330 335

Glu Ala Glu Asp Ser Tyr His Phe Ser Ser Ala Lys Met Thr Ala Thr

340 345 350

Phe Leu Ser Lys Lys Gln Glu Val Asn Met Ser Asp Ser Ala Leu Asp

355 360 365

Cys Val Arg Asp Glu Ala Ile Asn Lys Leu Gln Gln Ile Phe Asn Thr
370 375 380
Ser Tyr Asn Gln Thr Tyr Glu Lys Tyr Gly Asn Val Ser Val Phe Glu
385 390 395 400
Thr Ser Gly Gly Leu Val Val Phe Trp Gln Gly Ile Lys Gln Lys Ser

405 410 415
Leu Val Glu Leu Glu Arg Leu Ala Asn Arg Ser Ser Leu Asn Ile Thr
420 425 430
His Arg Thr Arg Arg Ser Thr Ser Asp Asn Asn Thr Thr His Leu Ser
435 440 445
Ser Met Glu Ser Val His Asn Leu Val Tyr Ala Gln Leu Gln Phe Thr
450 455 460
Tyr Asp Thr Leu Arg Gly Tyr Ile Asn Arg Ala Leu Ala Gln Ile Ala

465 470 475 480
Glu Ala Trp Cys Val Asp Gln Arg Arg Thr Leu Glu Val Phe Lys Glu
485 490 495
Leu Ser Lys Ile Asn Pro Ser Ala Ile Leu Ser Ala Ile Tyr Asn Lys
500 505 510
Pro Ile Ala Ala Arg Phe Met Gly Asp Val Leu Gly Leu Ala Ser Cys
515 520 525
Val Thr Ile Asn Gln Thr Ser Val Lys Val Leu Arg Asp Met Asn Val

530 535 540
Lys Glu Ser Pro Gly Arg Cys Tyr Ser Arg Pro Val Val Ile Phe Asn
545 550 555 560
Phe Ala Asn Ser Ser Tyr Val Gln Tyr Gly Gln Leu Gly Glu Asp Asn
565 570 575
Glu Ile Leu Leu Gly Asn His Arg Thr Glu Glu Cys Gln Leu Pro Ser
580 585 590
Leu Lys Ile Phe Ile Ala Gly Asn Ser Ala Tyr Glu Tyr Val Asp Tyr

595 600 605
Leu Phe Lys Arg Met Ile Asp Leu Ser Ser Ile Ser Thr Val Asp Ser

610 615 620

Met Ile Ala Leu Asp Ile Asp Pro Leu Glu Asn Thr Asp Phe Arg Val

625 630 635 640

Leu Glu Leu Tyr Ser Gln Lys Glu Leu Arg Ser Ser Asn Val Phe Asp

645 650 655

Leu Glu Glu Ile Met Arg Glu Phe Asn Ser Tyr Lys Gln Arg Val Lys

660 665 670

Tyr Val Glu Asp Lys Val Val Asp Pro Leu Pro Pro Tyr Leu Lys Gly

675 680 685

Leu Asp Asp Leu Met Ser Gly Leu Gly Ala Ala Gly Lys Ala Val Gly

690 695 700

Val Ala Ile Gly Ala Val Gly Gly Ala Val Ala Ser Val Val Glu Gly

705 710 715 720

Val Ala Thr Phe Leu Lys Asn Pro Thr Arg Gln Arg Arg Leu Cys Thr

725 730 735

Gln Pro Leu Gln Asn Leu Phe Pro Tyr Leu Val Ser Ala Asp Gly Thr

740 745 750

Thr Val Thr Ser Gly Ser Thr Lys Asp Thr Ser Leu Gln Ala Pro Pro

755 760 765

Ser Tyr Glu Glu Ser Val Tyr Asn Ser Gly Arg Lys Gly Pro Gly Pro

770 775 780

Pro Ser Ser Asp Ala Ser Thr Ala Ala Pro Pro Tyr Thr Asn Glu Gln

785 790 795 800

Ala Tyr Gln Met Leu Leu Ala Leu Ala Arg Leu Asp Ala Glu Gln Arg

805 810 815

Ala Gln Gln Asn Gly Thr Asp Ser Leu Asp Gly Gln Thr Gly Thr Gln

820 825 830

Asp Lys Gly Gln Lys Pro Asn Leu Leu Asp Arg Leu Arg His Arg Lys

835 840 845

Asn Gly Tyr Arg His Leu Lys Asp Ser Asp Glu Glu Glu Asn Val

850 855 860

<210> 119

<211> 79

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 119

Thr Thr Ser Ala Gln Thr Arg Ser Val Tyr Ser Gln His Val Thr Gly
1 5 10 15

Pro Gly Pro Gly Gln Leu Ile Pro Asp Asp Tyr Ser Asn Thr His Ser
20 25 30

Thr Arg Tyr Val Gly Pro Gly Pro Gly Val Ser Val Phe Glu Thr Ser
35 40 45

Gly Gly Leu Val Val Phe Trp Gln Gly Pro Gly Pro Gly Asn Ser Ala
50 55 60

Tyr Glu Tyr Val Asp Tyr Leu Phe Lys Arg Met Ile Asp Leu Ser
65 70 75

<210> 120

<211> 79

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 120

Thr Thr Ser Ala Gln Thr Arg Ser Val Tyr Ser Gln His Val Thr Pro
1 5 10 15

Met Gly Leu Pro Gln Leu Ile Pro Asp Asp Tyr Ser Asn Thr His Ser
20 25 30

Thr Arg Tyr Val Pro Met Gly Leu Pro Val Ser Val Phe Glu Thr Ser
35 40 45

Gly Gly Leu Val Val Phe Trp Gln Pro Met Gly Leu Pro Asn Ser Ala
50 55 60

Tyr Glu Tyr Val Asp Tyr Leu Phe Lys Arg Met Ile Asp Leu Ser
65 70 75

<210> 121

<211> 491

<212> PRT

<213> Human herpesvirus 5

<220>

<223> Strain AD169

<400> 121

Met Glu Ser Ser Ala Lys Arg Lys Met Asp Pro Asp Asn Pro Asp Glu
1 5 10 15

Gly Pro Ser Ser Lys Val Pro Arg Pro Glu Thr Pro Val Thr Lys Ala
20 25 30

Thr Thr Phe Leu Gln Thr Met Leu Arg Lys Glu Val Asn Ser Gln Leu
35 40 45

Ser Leu Gly Asp Pro Leu Phe Pro Glu Leu Ala Glu Glu Ser Leu Lys
50 55 60

Thr Phe Glu Gln Val Thr Glu Asp Cys Asn Glu Asn Pro Glu Lys Asp
65 70 75 80

Val Leu Ala Glu Leu Val Lys Gln Ile Lys Val Arg Val Asp Met Val
85 90 95

Arg His Arg Ile Lys Glu His Met Leu Lys Lys Tyr Thr Gln Thr Glu
100 105 110

Glu Lys Phe Thr Gly Ala Phe Asn Met Met Gly Gly Cys Leu Gln Asn
115 120 125

Ala Leu Asp Ile Leu Asp Lys Val His Glu Pro Phe Glu Glu Met Lys
130 135 140

Cys Ile Gly Leu Thr Met Gln Ser Met Tyr Glu Asn Tyr Ile Val Pro
145 150 155 160

Glu Asp Lys Arg Glu Met Trp Met Ala Cys Ile Lys Glu Leu His Asp
165 170 175

Val Ser Lys Gly Ala Ala Asn Lys Leu Gly Gly Ala Leu Gln Ala Lys
180 185 190

Ala Arg Ala Lys Lys Asp Glu Leu Arg Arg Lys Met Met Tyr Met Cys
195 200 205

Tyr Arg Asn Ile Glu Phe Phe Thr Lys Asn Ser Ala Phe Pro Lys Thr
210 215 220
Thr Asn Gly Cys Ser Gln Ala Met Ala Ala Leu Gln Asn Leu Pro Gln
225 230 235 240
Cys Ser Pro Asp Glu Ile Met Ala Tyr Ala Gln Lys Ile Phe Lys Ile
245 250 255

Leu Asp Glu Glu Arg Asp Lys Val Leu Thr His Ile Asp His Ile Phe
260 265 270
Met Asp Ile Leu Thr Thr Cys Val Glu Thr Met Cys Asn Glu Tyr Lys
275 280 285
Val Thr Ser Asp Ala Cys Met Met Thr Met Tyr Gly Gly Ile Ser Leu
290 295 300
Leu Ser Glu Phe Cys Arg Val Leu Cys Cys Tyr Val Leu Glu Glu Thr
305 310 315 320

Ser Val Met Leu Ala Lys Arg Pro Leu Ile Thr Lys Pro Glu Val Ile
325 330 335
Ser Val Met Lys Arg Arg Ile Glu Glu Ile Cys Met Lys Val Phe Ala
340 345 350
Gln Tyr Ile Leu Gly Ala Asp Pro Leu Arg Val Cys Ser Pro Ser Val
355 360 365
Asp Asp Leu Arg Ala Ile Ala Glu Glu Ser Asp Glu Glu Glu Ala Ile
370 375 380

Val Ala Tyr Thr Leu Ala Thr Ala Gly Val Ser Ser Ser Asp Ser Leu
385 390 395 400
Val Ser Pro Pro Glu Ser Pro Val Pro Ala Thr Ile Pro Leu Ser Ser
405 410 415
Val Ile Val Ala Glu Asn Ser Asp Gln Glu Glu Ser Glu Gln Ser Asp
420 425 430
Glu Glu Glu Glu Glu Gly Ala Gln Glu Glu Arg Glu Asp Thr Val Ser
435 440 445

Val Lys Ser Glu Pro Val Ser Glu Ile Glu Glu Val Ala Pro Glu Glu

450 455 460

Glu Glu Asp Gly Ala Glu Glu Pro Thr Ala Ser Gly Gly Lys Ser Thr

465 470 475 480

His Pro Met Val Thr Arg Ser Lys Ala Asp Gln

485 490

<210> 122

<211> 156

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 122

Val Leu Ala Glu Leu Val Lys Gln Ile Lys Val Arg Val Asp Met Val

1 5 10 15

Arg His Arg Ile Lys Glu His Met Leu Lys Lys Tyr Thr Gln Gly Pro

20 25 30

Gly Pro Gly Ile Val Pro Glu Asp Lys Arg Glu Met Trp Met Ala Cys

35 40 45

Ile Lys Glu Leu His Gly Pro Gly Pro Gly Lys Asp Glu Leu Arg Arg

50 55 60

Lys Met Met Tyr Met Cys Tyr Arg Asn Ile Glu Phe Phe Thr Lys Asn

65 70 75 80

Ser Ala Phe Pro Lys Thr Thr Gly Pro Gly Pro Gly Ser Val Met Lys

85 90 95

Arg Arg Ile Glu Glu Ile Cys Met Lys Val Phe Ala Gln Tyr Ile Gly

100 105 110

Pro Gly Pro Gly Ala Ile Ala Glu Glu Ser Asp Glu Glu Glu Ala Ile

115 120 125

Val Ala Tyr Gly Pro Gly Pro Gly Val Lys Ser Glu Pro Val Ser Glu

130 135 140

Ile Glu Glu Val Ala Pro Glu Glu Glu Glu Asp Gly

145 150 155

<210> 123

<211> 156

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 123

Val Leu Ala Glu Leu Val Lys Gln Ile Lys Val Arg Val Asp Met Val
1 5 10 15

Arg His Arg Ile Lys Glu His Met Leu Lys Lys Tyr Thr Gln Pro Met
20 25 30

Gly Leu Pro Ile Val Pro Glu Asp Lys Arg Glu Met Trp Met Ala Cys
35 40 45

Ile Lys Glu Leu His Pro Met Gly Leu Pro Lys Asp Glu Leu Arg Arg
50 55 60

Lys Met Met Tyr Met Cys Tyr Arg Asn Ile Glu Phe Phe Thr Lys Asn
65 70 75 80

Ser Ala Phe Pro Lys Thr Thr Pro Met Gly Leu Pro Ser Val Met Lys
85 90 95

Arg Arg Ile Glu Glu Ile Cys Met Lys Val Phe Ala Gln Tyr Ile Pro
100 105 110

Met Gly Leu Pro Ala Ile Ala Glu Glu Ser Asp Glu Glu Glu Ala Ile
115 120 125

Val Ala Tyr Pro Met Gly Leu Pro Val Lys Ser Glu Pro Val Ser Glu
130 135 140

Ile Glu Glu Val Ala Pro Glu Glu Glu Glu Asp Gly
145 150 155

<210> 124

<211>

79

<212> PRT

<213> Human betaherpesvirus 5

<400> 124

Met Leu Ser Val Met Val Ser Ser Ser Leu Val Leu Ile Val Phe Phe
1 5 10 15

Leu Gly Ala Ser Glu Glu Ala Lys Pro Ala Thr Thr Thr Thr Ile Lys

20 25 30

Asn Thr Lys Pro Gln Cys Arg Pro Glu Asp Tyr Ala Thr Arg Leu Gln

35 40 45

Asp Leu Arg Val Thr Phe His Arg Val Lys Pro Thr Leu Val Gly His

50 55 60

Val Gly Thr Val Tyr Cys Asp Gly Leu Ser Phe Pro Arg Val Gly

65 70 75

<210> 125

<211> 54

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 125

Ala Thr Thr Thr Thr Ile Lys Asn Thr Lys Pro Gln Cys Arg Pro Glu

1 5 10 15

Asp Tyr Ala Thr Arg Leu Gln Asp Leu Arg Val Thr Phe His Arg Val

20 25 30

Lys Pro Thr Leu Val Gly His Val Gly Thr Val Tyr Cys Asp Gly Leu

35 40 45

Ser Phe Pro Arg Val Gly

50

<210> 126

<211> 354

<212> PRT

<213> Human betaherpesvirus 5

<400> 126

Met Thr Pro Thr Thr Thr Thr Ala Glu Leu Thr Thr Glu Phe Asp Tyr

1 5 10 15

Asp Glu Asp Ala Thr Pro Cys Val Phe Thr Asp Val Leu Asn Gln Ser

20 25 30

Lys Pro Val Thr Leu Phe Leu Tyr Gly Val Val Phe Leu Phe Gly Ser

35 40 45

Ile Gly Asn Phe Leu Val Ile Phe Thr Ile Thr Trp Arg Arg Arg Ile

50 55 60

Gln Cys Ser Gly Asp Val Tyr Phe Ile Asn Leu Ala Ala Ala Asp Leu

65 70 75 80

Leu Phe Val Cys Thr Leu Pro Leu Trp Met Gln Tyr Leu Leu Asp His

85 90 95

Asn Ser Leu Ala Ser Val Pro Cys Thr Leu Leu Thr Ala Cys Phe Tyr

100 105 110

Val Ala Met Phe Ala Ser Leu Cys Phe Ile Thr Glu Ile Ala Leu Asp

115 120 125

Arg Tyr Tyr Ala Ile Val Tyr Met Arg Tyr Arg Pro Val Lys Gln Ala

130 135 140

Cys Leu Phe Ser Ile Phe Trp Trp Ile Phe Ala Val Ile Ile Ala Ile

145 150 155 160

Pro His Phe Met Val Val Thr Lys Lys Asp Asn Gln Cys Met Thr Asp

165 170 175

Tyr Asp Tyr Leu Glu Val Ser Tyr Pro Ile Ile Leu Asn Val Glu Leu

180 185 190

Met Leu Gly Ala Phe Val Ile Pro Leu Ser Val Ile Ser Tyr Cys Tyr

195 200 205

Tyr Arg Ile Ser Arg Ile Val Ala Val Ser Gln Ser Arg His Lys Gly

210 215 220

Arg Ile Val Arg Val Leu Ile Ala Val Val Leu Val Phe Ile Ile Phe

225 230 235 240

Trp Leu Pro Tyr His Leu Thr Leu Phe Val Asp Thr Leu Lys Leu Leu

245 250 255

Lys Trp Ile Ser Ser Ser Cys Glu Phe Glu Arg Ser Leu Lys Arg Ala

260 265 270

Leu Ile Leu Thr Glu Ser Leu Ala Phe Cys His Cys Cys Leu Asn Pro

275 280 285

Leu Leu Tyr Val Phe Val Gly Thr Lys Phe Arg Gln Glu Leu His Cys
290 295 300
Leu Leu Ala Glu Phe Arg Gln Arg Leu Phe Ser Arg Asp Val Ser Trp
305 310 315 320
Tyr His Ser Met Ser Phe Ser Arg Arg Ser Ser Pro Ser Arg Arg Glu
325 330 335
Thr Ser Ser Asp Thr Leu Ser Asp Glu Val Cys Arg Val Ser Gln Ile
340 345 350

Ile Pro

<210> 127

<211> 191

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 127

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

His Asn Ser Leu Glu Ile Ala Leu Asp Arg Tyr Tyr Ala Ile Val Tyr
50 55 60
Met Arg Tyr Arg Pro Val Lys Gln Thr Lys Lys Asp Asn Gln Cys Met
65 70 75 80
Thr Asp Tyr Asp Tyr Leu Glu Val Ser Tyr Pro Arg Ile Ser Arg Ile
85 90 95
Val Ala Val Ser Gln Ser Arg His Lys Gly Arg Ile Val Arg Asp Thr
100 105 110

Leu Lys Leu Leu Lys Trp Ile Ser Ser Ser Cys Glu Phe Glu Arg Ser
115 120 125
Leu Lys Arg Gly Thr Lys Phe Arg Gln Glu Leu His Cys Leu Leu Ala

130 135 140

Glu Phe Arg Gln Arg Leu Phe Ser Arg Asp Val Ser Trp Tyr His Ser

145 150 155 160

Met Ser Phe Ser Arg Arg Ser Ser Pro Ser Arg Arg Glu Thr Ser Ser

165 170 175

Asp Thr Leu Ser Asp Glu Val Cys Arg Val Ser Gln Ile Ile Pro

180 185 190

<210> 128

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 128

Met Leu Pro Arg Val Gly Cys Pro Ala Leu Pro Leu Pro Pro Pro Pro

1 5 10 15

Leu Leu Pro Leu Leu Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Gly Ala Ser Gly

20 25 30

Gly Gly Gly Gly Ala Arg Ala Glu Val Leu Phe Arg Cys Pro Pro Cys

35 40 45

Thr Pro Glu Arg Leu Ala Ala Cys Gly Pro Pro Pro Val Ala Pro Pro

50 55 60

Ala Ala Val Ala Ala Val Ala Gly Gly Ala Arg Met Pro Cys Ala Glu

65 70 75 80

Leu Val Arg Glu Pro Gly Cys Gly Cys Cys Ser Val Cys Ala Arg Leu

85 90 95

Glu Gly Glu Ala Cys Gly Val Tyr Thr Pro Arg Cys Gly Gln Gly Leu

100 105 110

Arg Cys Tyr Pro His Pro Gly Ser Glu Leu Pro Leu Gln Ala Leu Val

115 120 125

Met Gly Glu Gly Thr Cys Glu Lys Arg Arg Asp Ala Glu Tyr Gly Ala

130 135 140

Ser Pro Glu Gln Val Ala Asp Asn Gly Asp Asp His Ser Glu Gly Gly

145 150 155 160

Leu Val Glu Asn His Val Asp Ser Thr Met Asn Met Leu Gly Gly Gly

165 170 175

Gly Ser Ala Gly Arg Lys Pro Leu Lys Ser Gly Met Lys Glu Leu Ala

180 185 190

Val Phe Arg Glu Lys Val Thr Glu Gln His Arg Gln Met Gly Lys Gly

195 200 205

Gly Lys His His Leu Gly Leu Glu Glu Pro Lys Lys Leu Arg Pro Pro

210 215 220

Pro Ala Arg Thr Pro Cys Gln Gln Glu Leu Asp Gln Val Leu Glu Arg

225 230 235 240

Ile Ser Thr Met Arg Leu Pro Asp Glu Arg Gly Pro Leu Glu His Leu

245 250 255

Tyr Ser Leu His Ile Pro Asn Cys Asp Lys His Gly Leu Tyr Asn Leu

260 265 270

Lys Gln Cys Lys Met Ser Leu Asn Gln Arg Gly Glu Cys Trp Cys Val

275 280 285

Asn Pro Asn Thr Gly Lys Leu Ile Gln Gly Ala Pro Thr Ile Arg Gly

290 295 300

Asp Pro Glu Cys His Leu Phe Tyr Asn Glu Gln Gln Glu Ala Arg Gly

305 310 315 320

Val His Thr Gln Arg Met Gln

325

<210> 129

<211> 175

<212> PRT

<213> Human cytomegalovirus

<220><223> Strain AD169

<400> 129

Met Leu Ser Val Met Val Ser Ser Ser Leu Val Leu Ile Val Phe Phe

1 5 10 15

Leu Gly Ala Ser Glu Glu Ala Lys Pro Ala Thr Thr Thr Ile Lys Asn

20 25 30

Thr Lys Pro Gln Cys Arg Pro Glu Asp Tyr Ala Thr Arg Leu Gln Asp

35 40 45

Leu Arg Val Thr Phe His Arg Val Lys Pro Thr Leu Gln Arg Glu Asp

50 55 60

Asp Tyr Ser Val Trp Leu Asp Gly Thr Val Val Lys Gly Cys Trp Gly

65 70 75 80

Cys Ser Val Met Asp Trp Leu Leu Arg Arg Tyr Leu Glu Ile Val Phe

85 90 95

Pro Ala Gly Asp His Val Tyr Pro Gly Leu Lys Thr Glu Leu His Ser

100 105 110

Met Arg Ser Thr Leu Glu Ser Ile Tyr Lys Asp Met Arg Gln Cys Pro

115 120 125

Leu Leu Gly Cys Gly Asp Lys Ser Val Ile Ser Arg Leu Ser Gln Glu

130 135 140

Ala Glu Arg Lys Ser Asp Asn Gly Thr Arg Lys Gly Leu Ser Glu Leu

145 150 155 160

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

165 170 175

<210> 130

<211> 150

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 130

Ala Thr Thr Thr Ile Lys Asn Thr Lys Pro Gln Cys Arg Pro Glu Asp

1 5 10 15

Tyr Ala Thr Arg Leu Gln Asp Leu Arg Val Thr Phe His Arg Val Lys

20 25 30

Pro Thr Leu Gln Arg Glu Asp Asp Tyr Ser Val Trp Leu Asp Gly Thr

35 40 45

Val Val Lys Gly Cys Trp Gly Cys Ser Val Met Asp Trp Leu Leu Arg

50 55 60

Arg Tyr Leu Glu Ile Val Phe Pro Ala Gly Asp His Val Tyr Pro Gly
65 70 75 80
Leu Lys Thr Glu Leu His Ser Met Arg Ser Thr Leu Glu Ser Ile Tyr
85 90 95

Lys Asp Met Arg Gln Cys Pro Leu Leu Gly Cys Gly Asp Lys Ser Val
100 105 110
Ile Ser Arg Leu Ser Gln Glu Ala Glu Arg Lys Ser Asp Asn Gly Thr
115 120 125
Arg Lys Gly Leu Ser Glu Leu Asp Thr Leu Phe Ser Arg Leu Glu Glu
130 135 140
Tyr Leu His Ser Arg Lys
145 150

<210> 131
<211> 176
<212> PRT
<213> Human cytomegalovirus

<220><223> Strain Merlin

<400> 131

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

Val Ser Gly Leu Tyr Asn Cys Thr Asp Cys Thr Gln Cys Asn Val Thr
65 70 75 80
Gln Val Met Ile Arg Asn Cys Thr Ser Thr Asn Asn Thr Val Cys Ala
85 90 95
Pro Lys Asn His Thr Tyr Phe Ser Thr Pro Gly Val Gln His His Lys

100 105 110

Gln Arg Gln Gln Asn His Thr Ala His Ile Thr Val Lys Gln Gly Lys

115 120 125

Ser Gly Arg His Thr Leu Ala Trp Leu Ser Leu Phe Ile Phe Leu Val

130 135 140

Gly Ile Ile Leu Leu Ile Leu Tyr Leu Ile Ala Ala Tyr Arg Ser Glu

145 150 155 160

Arg Cys Gln Gln Cys Cys Ser Ile Gly Lys Ile Phe Tyr Arg Thr Leu

165 170 175

<210> 132

<211> 135

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 132

Lys Val Cys Gln His Asn Glu Val Gln Leu Gly Asn Glu Cys Cys Pro

1 5 10 15

Pro Cys Gly Leu Gly Gln Arg Val Thr Lys Val Cys Thr Glu Arg Thr

20 25 30

Ser Val Thr Cys Thr Pro Cys Pro Asn Gly Thr Tyr Val Ser Gly Leu

35 40 45

Tyr Asn Cys Thr Asp Cys Thr Gln Cys Asn Val Thr Gln Val Met Ile

50 55 60

Arg Asn Cys Thr Ser Thr Asn Asn Thr Val Cys Ala Pro Lys Asn His

65 70 75 80

Thr Tyr Phe Ser Thr Pro Gly Val Gln His His Lys Gln Arg Gln Gln

85 90 95

Asn His Thr Ala His Ile Thr Val Lys Gln Gly Lys Ser Gly Arg His

100 105 110

Thr Ala Ala Tyr Arg Ser Glu Arg Cys Gln Gln Cys Cys Ser Ile Gly

115 120 125

Lys Ile Phe Tyr Arg Thr Leu

130 135

<210> 133
<211> 338
<212> PRT
<213> Human cytomegalovirus
<220><223> Strain Merlin
<400> 133

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

Trp Arg Leu Arg Asn His Asp Cys Gly Met Tyr Arg Gly Phe Gln Arg
195 200 205
Asn Tyr Phe Tyr Ile Gly Arg Ala Asp Ala Glu Asp Cys Trp Lys Pro
210 215 220
Ala Cys Pro Asp Glu Glu Pro Asp Arg Cys Trp Thr Val Ile Gln Arg
225 230 235 240
Tyr Arg Leu Pro Gly Asp Cys Tyr Arg Ser Gln Pro His Pro Pro Lys

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

305 310 315 320
Tyr Arg Arg Leu Pro Thr Tyr Asp Ser Tyr Pro Gly Val Lys Lys Met
325 330 335
Lys Arg

<210> 134
<211> 281
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Construct
<400> 134
Asp Ile Ala Glu Lys Met Trp Ala Glu Asn Tyr Glu Thr Thr Ser Pro
1 5 10 15
Ala Pro Val Leu Val Ala Glu Gly Glu Gln Val Thr Ile Pro Cys Thr

20 25 30
Val Met Thr His Ser Trp Pro Met Val Ser Ile Arg Ala Arg Phe Cys
35 40 45
Arg Ser His Asp Gly Ser Asp Glu Leu Ile Leu Asp Ala Val Lys Gly

50 55 60

His Arg Leu Met Asn Gly Leu Gln Tyr Arg Leu Pro Tyr Ala Thr Trp

65 70 75 80

Asn Phe Ser Gln Leu His Leu Gly Gln Ile Phe Ser Leu Thr Phe Asn

85 90 95

Val Ser Thr Asp Thr Ala Gly Met Tyr Glu Cys Val Leu Arg Asn Tyr

100 105 110

Ser His Gly Leu Ile Met Gln Arg Phe Val Ile Leu Thr Gln Leu Glu

115 120 125

Thr Leu Ser Arg Pro Asp Glu Pro Cys Cys Thr Pro Ala Leu Gly Arg

130 135 140

Tyr Ser Leu Gly Asp Gln Ile Trp Ser Pro Thr Pro Trp Arg Leu Arg

145 150 155 160

Asn His Asp Cys Gly Met Tyr Arg Gly Phe Gln Arg Asn Tyr Phe Tyr

165 170 175

Ile Gly Arg Ala Asp Ala Glu Asp Cys Trp Lys Pro Ala Cys Pro Asp

180 185 190

Glu Glu Pro Asp Arg Cys Trp Thr Val Ile Gln Arg Tyr Arg Leu Pro

195 200 205

Gly Asp Cys Tyr Arg Ser Gln Pro His Pro Pro Lys Phe Leu Pro Val

210 215 220

Thr Pro Ala Pro Pro Ala Asp Ile Asp Thr Gly Met Ser Pro Trp Ala

225 230 235 240

Thr Arg Tyr Leu Gln Cys Cys Gly Arg Trp Cys Pro Thr Pro Gly Arg

245 250 255

Gly Arg Arg Gly Gly Glu Gly Tyr Arg Arg Leu Pro Thr Tyr Asp Ser

260 265 270

Tyr Pro Gly Val Lys Lys Met Lys Arg

275 280

<210> 135

<211> 215

<212> PRT

<213> Human cytomegalovirus

<220><223> Strain AD169

<400> 135

Met Asn Leu Val Met Leu Ile Leu Ala Leu Trp Ala Pro Val Ala Gly
1 5 10 15

Ser Met Pro Glu Leu Ser Leu Thr Leu Phe Asp Glu Pro Pro Pro Leu
20 25 30

Val Glu Thr Glu Pro Leu Pro Pro Leu Ser Asp Val Ser Glu Tyr Arg
35 40 45

Val Glu Tyr Ser Glu Ala Arg Cys Val Leu Arg Ser Gly Gly Arg Leu
50 55 60

Glu Ala Leu Trp Thr Leu Arg Gly Asn Leu Ser Val Pro Thr Pro Thr
65 70 75 80

Pro Arg Val Tyr Tyr Gln Thr Leu Glu Gly Tyr Ala Asp Arg Val Pro
85 90 95

Thr Pro Val Glu Asp Val Ser Glu Ser Leu Val Ala Lys Arg Tyr Trp
100 105 110

Leu Arg Asp Tyr Arg Val Pro Gln Arg Thr Lys Leu Val Leu Phe Tyr
115 120 125

Phe Ser Pro Cys His Gln Cys Gln Thr Tyr Tyr Val Glu Cys Glu Pro
130 135 140

Arg Cys Leu Val Pro Trp Val Pro Leu Trp Ser Ser Leu Glu Asp Ile
145 150 155 160

Glu Arg Leu Leu Phe Glu Asp Arg Arg Leu Met Ala Tyr Tyr Ala Leu
165 170 175

Thr Ile Lys Ser Ala Gln Tyr Thr Leu Met Met Val Ala Val Ile Gln
180 185 190

Val Phe Trp Gly Leu Tyr Val Lys Gly Trp Leu His Arg His Phe Pro
195 200 205

Trp Met Phe Ser Asp Gln Trp
210 215

<210> 136

<211> 178

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 136

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

Glu Thr Glu Pro Leu Pro Pro Leu Ser Asp Val Ser Glu Tyr Arg Val

20 25 30

Glu Tyr Ser Glu Ala Arg Cys Val Leu Arg Ser Gly Gly Arg Leu Glu
35 40 45

Ala Leu Trp Thr Leu Arg Gly Asn Leu Ser Val Pro Thr Pro Thr Pro
50 55 60

Arg Val Tyr Tyr Gln Thr Leu Glu Gly Tyr Ala Asp Arg Val Pro Thr
65 70 75 80

Pro Val Glu Asp Val Ser Glu Ser Leu Val Ala Lys Arg Tyr Trp Leu

85 90 95

Arg Asp Tyr Arg Val Pro Gln Arg Thr Lys Leu Val Leu Phe Tyr Phe
100 105 110

Ser Pro Cys His Gln Cys Gln Thr Tyr Tyr Val Glu Cys Glu Pro Arg
115 120 125

Cys Leu Val Pro Trp Val Pro Leu Trp Ser Ser Leu Glu Asp Ile Glu
130 135 140

Arg Leu Leu Phe Glu Asp Arg Arg Leu Met Ala Tyr Tyr Ala Leu Thr

145 150 155 160

Ile Lys Ser Ala Gln Tyr His Arg His Phe Pro Trp Met Phe Ser Asp

165 170 175

Gln Trp

<210> 137

<211> 742

<212> PRT

<213> Human cytomegalovirus

<400> 137

Met Arg Pro Gly Leu Pro Ser Tyr Leu Ile Val Leu Ala Val Cys Leu
1 5 10 15

Leu Ser His Leu Leu Ser Pro Arg Tyr Gly Ala Glu Ala Val Ser Glu
20 25 30

Pro Leu Asp Lys Ala Phe His Leu Leu Leu Asn Thr Tyr Gly Arg Pro
35 40 45

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

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

Phe Gln Ser Tyr Asn Gln Tyr Tyr Val Phe His Met Pro Arg Cys Leu
85 90 95

Phe Ala Gly Pro Leu Ala Glu Gln Phe Leu Asn Gln Val Asp Leu Thr
100 105 110

Glu Thr Leu Glu Arg Tyr Gln Gln Arg Leu Asn Thr Tyr Ala Leu Val
115 120 125

Ser Lys Asp Leu Ala Ser Tyr Arg Ser Phe Ser Gln Gln Leu Lys Ala
130 135 140

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

Leu Ser Ile Pro His Val Trp Met Pro Pro Gln Thr Thr Pro His Gly
165 170 175

Trp Thr Glu Ser His Thr Thr Ser Gly Leu His Arg Pro His Phe Asn
180 185 190

Gln Thr Cys Ile Leu Phe Asp Gly His Asp Leu Leu Phe Ser Thr Val
195 200 205

Thr Pro Cys Leu His Gln Gly Phe Tyr Leu Ile Asp Glu Leu Arg Tyr
210 215 220

Val Lys Ile Thr Leu Thr Glu Asp Phe Phe Val Val Thr Val Ser Ile

225 230 235 240

Asp Asp Asp Thr Pro Met Leu Leu Ile Phe Gly His Leu Pro Arg Val

245 250 255

Leu Phe Lys Ala Pro Tyr Gln Arg Asp Asn Phe Ile Leu Arg Gln Thr

260 265 270

Glu Lys His Glu Leu Leu Val Leu Val Lys Lys Asp Gln Leu Asn Arg

275 280 285

His Ser Tyr Leu Lys Asp Pro Asp Phe Leu Asp Ala Ala Leu Asp Phe

290 295 300

Asn Tyr Leu Asp Leu Ser Ala Leu Leu Arg Asn Ser Phe His Arg Tyr

305 310 315 320

Ala Val Asp Val Leu Lys Ser Gly Arg Cys Gln Met Leu Asp Arg Arg

325 330 335

Thr Val Glu Met Ala Phe Ala Tyr Ala Leu Ala Leu Phe Ala Ala Ala

340 345 350

Arg Gln Glu Glu Ala Gly Ala Gln Val Ser Val Pro Arg Ala Leu Asp

355 360 365

Arg Gln Ala Ala Leu Leu Gln Ile Gln Glu Phe Met Ile Thr Cys Leu

370 375 380

Ser Gln Thr Pro Pro Arg Thr Thr Leu Leu Leu Tyr Pro Thr Ala Val

385 390 395 400

Asp Leu Ala Lys Arg Ala Leu Trp Thr Pro Asn Gln Ile Thr Asp Ile

405 410 415

Thr Ser Leu Val Arg Leu Val Tyr Ile Leu Ser Lys Gln Asn Gln Gln

420 425 430

His Leu Ile Pro Gln Trp Ala Leu Arg Gln Ile Ala Asp Phe Ala Leu

435 440 445

Lys Leu His Lys Thr His Leu Ala Ser Phe Leu Ser Ala Phe Ala Arg

450 455 460

Gln Glu Leu Tyr Leu Met Gly Ser Leu Val His Ser Met Leu Val His

465 470 475 480

Thr Thr Glu Arg Arg Glu Ile Phe Ile Val Glu Thr Gly Leu Cys Ser
485 490 495
Leu Ala Glu Leu Ser His Phe Thr Gln Leu Leu Ala His Pro His His
500 505 510
Glu Tyr Leu Ser Asp Leu Tyr Thr Pro Cys Ser Ser Ser Gly Arg Arg
515 520 525
Asp His Ser Leu Glu Arg Leu Thr Arg Leu Phe Pro Asp Ala Thr Val
530 535 540

Pro Thr Thr Val Pro Thr Ala Leu Ser Ile Leu Ser Thr Met Gln Pro
545 550 555 560
Ser Thr Leu Glu Thr Phe Pro Asp Leu Phe Cys Leu Pro Leu Gly Glu
565 570 575
Ser Phe Ser Ala Leu Thr Val Ser Glu His Val Ser Tyr Val Val Thr
580 585 590
Asn Gln Tyr Leu Ile Lys Gly Ile Ser Tyr Pro Val Ser Thr Thr Val
595 600 605

Val Gly Gln Ser Leu Ile Ile Thr Gln Thr Asp Ser Gln Ser Lys Cys
610 615 620
Glu Leu Thr Arg Asn Met His Thr Thr His Ser Ile Thr Ala Ala Leu
625 630 635 640
Asn Ile Ser Leu Glu Asn Cys Ala Phe Cys Gln Ser Ala Leu Leu Glu
645 650 655
Tyr Asp Asp Thr Gln Gly Val Ile Asn Ile Met Tyr Met His Asp Ser
660 665 670

Asp Asp Val Leu Phe Ala Leu Asp Pro Tyr Asn Glu Val Val Val Ser
675 680 685
Ser Pro Arg Thr His Tyr Leu Met Leu Leu Lys Asn Gly Thr Val Leu
690 695 700
Glu Val Thr Asp Val Val Val Asp Ala Thr Asp Ser Arg Leu Leu Met
705 710 715 720
Met Ser Val Tyr Ala Leu Ser Ala Ile Ile Gly Ile Tyr Leu Leu Tyr

725 730 735

Arg Met Leu Lys Thr Cys
740

<210> 138
<211> 694
<212> PRT
<213> Human cytomegalovirus
<400> 138

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

Phe Asn Phe Phe Gln Ser Tyr Asn Gln Tyr Tyr Val Phe His Met Pro
50 55 60
Arg Cys Leu Phe Ala Gly Pro Leu Ala Glu Gln Phe Leu Asn Gln Val
65 70 75 80
Asp Leu Thr Glu Thr Leu Glu Arg Tyr Gln Gln Arg Leu Asn Thr Tyr
85 90 95
Ala Leu Val Ser Lys Asp Leu Ala Ser Tyr Arg Ser Phe Ser Gln Gln
100 105 110

Leu Lys Ala Gln Asp Ser Leu Gly Glu Gln Pro Thr Thr Val Pro Pro
115 120 125
Pro Ile Asp Leu Ser Ile Pro His Val Trp Met Pro Pro Gln Thr Thr
130 135 140
Pro His Gly Trp Thr Glu Ser His Thr Thr Ser Gly Leu His Arg Pro
145 150 155 160
His Phe Asn Gln Thr Cys Ile Leu Phe Asp Gly His Asp Leu Leu Phe
165 170 175

Ser Thr Val Thr Pro Cys Leu His Gln Gly Phe Tyr Leu Ile Asp Glu

180 185 190

Leu Arg Tyr Val Lys Ile Thr Leu Thr Glu Asp Phe Phe Val Val Thr

195 200 205

Val Ser Ile Asp Asp Asp Thr Pro Met Leu Leu Ile Phe Gly His Leu

210 215 220

Pro Arg Val Leu Phe Lys Ala Pro Tyr Gln Arg Asp Asn Phe Ile Leu

225 230 235 240

Arg Gln Thr Glu Lys His Glu Leu Leu Val Leu Val Lys Lys Asp Gln

245 250 255

Leu Asn Arg His Ser Tyr Leu Lys Asp Pro Asp Phe Leu Asp Ala Ala

260 265 270

Leu Asp Phe Asn Tyr Leu Asp Leu Ser Ala Leu Leu Arg Asn Ser Phe

275 280 285

His Arg Tyr Ala Val Asp Val Leu Lys Ser Gly Arg Cys Gln Met Leu

290 295 300

Asp Arg Arg Thr Val Glu Met Ala Phe Ala Tyr Ala Leu Ala Leu Phe

305 310 315 320

Ala Ala Ala Arg Gln Glu Glu Ala Gly Ala Gln Val Ser Val Pro Arg

325 330 335

Ala Leu Asp Arg Gln Ala Ala Leu Leu Gln Ile Gln Glu Phe Met Ile

340 345 350

Thr Cys Leu Ser Gln Thr Pro Pro Arg Thr Thr Leu Leu Leu Tyr Pro

355 360 365

Thr Ala Val Asp Leu Ala Lys Arg Ala Leu Trp Thr Pro Asn Gln Ile

370 375 380

Thr Asp Ile Thr Ser Leu Val Arg Leu Val Tyr Ile Leu Ser Lys Gln

385 390 395 400

Asn Gln Gln His Leu Ile Pro Gln Trp Ala Leu Arg Gln Ile Ala Asp

405 410 415

Phe Ala Leu Lys Leu His Lys Thr His Leu Ala Ser Phe Leu Ser Ala

420 425 430

Phe Ala Arg Gln Glu Leu Tyr Leu Met Gly Ser Leu Val His Ser Met
435 440 445

Leu Val His Thr Thr Glu Arg Arg Glu Ile Phe Ile Val Glu Thr Gly
450 455 460

Leu Cys Ser Leu Ala Glu Leu Ser His Phe Thr Gln Leu Leu Ala His
465 470 475 480

Pro His His Glu Tyr Leu Ser Asp Leu Tyr Thr Pro Cys Ser Ser Ser
485 490 495

Gly Arg Arg Asp His Ser Leu Glu Arg Leu Thr Arg Leu Phe Pro Asp
500 505 510

Ala Thr Val Pro Thr Thr Val Pro Thr Ala Leu Ser Ile Leu Ser Thr
515 520 525

Met Gln Pro Ser Thr Leu Glu Thr Phe Pro Asp Leu Phe Cys Leu Pro
530 535 540

Leu Gly Glu Ser Phe Ser Ala Leu Thr Val Ser Glu His Val Ser Tyr
545 550 555 560

Val Val Thr Asn Gln Tyr Leu Ile Lys Gly Ile Ser Tyr Pro Val Ser
565 570 575

Thr Thr Val Val Gly Gln Ser Leu Ile Ile Thr Gln Thr Asp Ser Gln
580 585 590

Ser Lys Cys Glu Leu Thr Arg Asn Met His Thr Thr His Ser Ile Thr
595 600 605

Ala Ala Leu Asn Ile Ser Leu Glu Asn Cys Ala Phe Cys Gln Ser Ala
610 615 620

Leu Leu Glu Tyr Asp Asp Thr Gln Gly Val Ile Asn Ile Met Tyr Met
625 630 635 640

His Asp Ser Asp Asp Val Leu Phe Ala Leu Asp Pro Tyr Asn Glu Val
645 650 655

Val Val Ser Ser Pro Arg Thr His Tyr Leu Met Leu Leu Lys Asn Gly
660 665 670

Thr Val Leu Glu Val Thr Asp Val Val Val Asp Ala Thr Asp Ser Arg

675 680 685

Arg Met Leu Lys Thr Cys
690

<210> 139
<211> 120
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Construct
<400> 139

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

Tyr Gln Gln Arg Leu Asn Thr Tyr Ala Leu Val Ser Lys Asp Leu Ala
50 55 60
Ser Tyr Arg Ser Phe Ser Gly Pro Gly Pro Gly Ser His Thr Thr Ser
65 70 75 80
Gly Leu His Arg Pro His Phe Asn Gln Thr Cys Ile Leu Phe Asp Gly
85 90 95
Pro Gly Pro Gly Gln Leu Asn Arg His Ser Tyr Leu Lys Asp Pro Asp
100 105 110

Phe Leu Asp Ala Ala Leu Asp Phe
115 120

<210> 140
<211> 120
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Construct
<400> 140

Thr Tyr Asn Ser Ser Leu Arg Asn Ser Thr Val Val Arg Glu Asn Ala

1 5 10 15

Ile Ser Phe Asn Phe Phe Gln Ser Tyr Asn Gln Tyr Tyr Val Phe His

20 25 30

Met Pro Arg Pro Met Gly Leu Pro Asp Leu Thr Glu Thr Leu Glu Arg

35 40 45

Tyr Gln Gln Arg Leu Asn Thr Tyr Ala Leu Val Ser Lys Asp Leu Ala

50 55 60

Ser Tyr Arg Ser Phe Ser Pro Met Gly Leu Pro Ser His Thr Thr Ser

65 70 75 80

Gly Leu His Arg Pro His Phe Asn Gln Thr Cys Ile Leu Phe Asp Pro

85 90 95

Met Gly Leu Pro Gln Leu Asn Arg His Ser Tyr Leu Lys Asp Pro Asp

100 105 110

Phe Leu Asp Ala Ala Leu Asp Phe

115 120

<210> 141

<211> 579

<212> PRT

<213> Human cytomegalovirus

<220><223> Strain Towne

<400> 141

Met Glu Ser Ser Ala Lys Arg Lys Met Asp Pro Asp Asn Pro Asp Glu

1 5 10 15

Gly Pro Ser Ser Lys Val Pro Arg Pro Glu Thr Pro Val Thr Lys Ala

20 25 30

Thr Thr Phe Leu Gln Thr Met Leu Arg Lys Glu Val Asn Ser Gln Leu

35 40 45

Ser Leu Gly Asp Pro Leu Phe Pro Glu Leu Ala Glu Glu Ser Leu Lys

50 55 60

Thr Phe Glu Arg Val Thr Glu Asp Cys Asn Glu Asn Pro Glu Lys Asp

65 70 75 80

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

85 90 95

Gly Ile Asp Ser Ser Ser Thr Gly Pro Thr Leu Thr Thr His Ser Cys

100 105 110

Ser Val Ser Ser Ala Pro Leu Asn Lys Pro Thr Pro Thr Ser Val Ala

115 120 125

Val Thr Asn Thr Pro Leu Pro Gly Ala Ser Ala Thr Pro Glu Leu Ser

130 135 140

Pro Arg Lys Lys Pro Arg Lys Thr Thr Arg Pro Phe Lys Val Ile Ile

145 150 155 160

Lys Pro Pro Val Pro Pro Ala Pro Ile Met Leu Pro Leu Ile Lys Gln

165 170 175

Glu Asp Ile Lys Pro Glu Pro Asp Phe Thr Ile Gln Tyr Arg Asn Lys

180 185 190

Ile Ile Asp Thr Ala Gly Cys Ile Val Ile Ser Asp Ser Glu Glu Glu

195 200 205

Gln Gly Glu Glu Val Glu Thr Arg Gly Ala Thr Ala Ser Ser Pro Ser

210 215 220

Thr Gly Ser Gly Thr Pro Arg Val Thr Ser Pro Thr His Pro Leu Ser

225 230 235 240

Gln Met Asn His Pro Pro Leu Pro Asp Pro Leu Gly Arg Pro Asp Glu

245 250 255

Asp Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Cys Ser Ser Ala Ser Asp Ser Glu

260 265 270

Ser Glu Ser Glu Glu Met Lys Cys Ser Ser Gly Gly Gly Ala Ser Val

275 280 285

Thr Ser Ser His His Gly Arg Gly Gly Phe Gly Gly Ala Ala Ser Ser

290 295 300

Ser Leu Leu Ser Cys Gly His Gln Ser Ser Gly Gly Ala Ser Thr Gly

305 310 315 320

Pro Arg Lys Lys Lys Ser Lys Arg Ile Ser Glu Leu Asp Asn Glu Lys

325 330 335

Val Arg Asn Ile Met Lys Asp Lys Asn Thr Pro Phe Cys Thr Pro Asn
340 345 350
Val Gln Thr Arg Arg Gly Arg Val Lys Ile Asp Glu Val Ser Arg Met

355 360 365
Phe Arg Asn Thr Asn Arg Ser Leu Glu Tyr Lys Asn Leu Pro Phe Thr
370 375 380
Ile Pro Ser Met His Gln Val Leu Asp Glu Ala Ile Lys Ala Cys Lys
385 390 395 400
Thr Met Gln Val Asn Asn Lys Gly Ile Gln Ile Ile Tyr Thr Arg Asn
405 410 415
His Glu Val Lys Ser Glu Val Asp Ala Val Arg Cys Arg Leu Gly Thr

420 425 430
Met Cys Asn Leu Ala Leu Ser Thr Pro Phe Leu Met Glu His Thr Met
435 440 445
Pro Val Thr His Pro Pro Glu Val Ala Gln Arg Thr Ala Asp Ala Cys
450 455 460
Asn Glu Gly Val Lys Ala Ala Trp Ser Leu Lys Glu Leu His Thr His
465 470 475 480
Gln Leu Cys Pro Arg Ser Ser Asp Tyr Arg Asn Met Ile Ile His Ala

485 490 495
Ala Thr Pro Val Asp Leu Leu Gly Ala Leu Asn Leu Cys Leu Pro Leu
500 505 510
Met Gln Lys Phe Pro Lys Gln Val Met Val Arg Ile Phe Ser Thr Asn
515 520 525
Gln Gly Gly Phe Met Leu Pro Ile Tyr Glu Thr Ala Ala Lys Ala Tyr
530 535 540
Ala Val Gly Gln Phe Glu Gln Pro Thr Glu Thr Pro Pro Glu Asp Leu

545 550 555 560
Asp Thr Leu Ser Leu Ala Ile Glu Ala Ala Ile Gln Asp Leu Arg Asn
565 570 575
Lys Ser Gln

<210> 142

<211> 60

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 142

Arg Arg Gly Arg Val Lys Ile Asp Glu Val Ser Arg Met Phe Arg Gly
1 5 10 15

Pro Gly Pro Gly Gly Ile Gln Ile Ile Tyr Thr Arg Asn His Glu Val
20 25 30

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

His Thr Met Pro Val Thr His Pro Pro Glu Val Ala
50 55 60

<210> 143

<211> 60

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 143

Arg Arg Gly Arg Val Lys Ile Asp Glu Val Ser Arg Met Phe Arg Pro
1 5 10 15

Met Gly Leu Pro Gly Ile Gln Ile Ile Tyr Thr Arg Asn His Glu Val
20 25 30

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

His Thr Met Pro Val Thr His Pro Pro Glu Val Ala
50 55 60

<210> 144

<211> 1132

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 144

Met Pro Arg Ala Pro Arg Cys Arg Ala Val Arg Ser Leu Leu Arg Ser
1 5 10 15

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

Val Ala Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Arg Gly Ala Lys Asn Val
85 90 95
Leu Ala Phe Gly Phe Ala Leu Leu Asp Gly Ala Arg Gly Gly Pro Pro
100 105 110
Glu Ala Phe Thr Thr Ser Val Arg Ser Tyr Leu Pro Asn Thr Val Thr
115 120 125
Asp Ala Leu Arg Gly Ser Gly Ala Trp Gly Leu Leu Leu Arg Arg Val
130 135 140

Gly Asp Asp Val Leu Val His Leu Leu Ala Arg Cys Ala Leu Phe Val
145 150 155 160
Leu Val Ala Pro Ser Cys Ala Tyr Gln Val Cys Gly Pro Pro Leu Tyr
165 170 175
Gln Leu Gly Ala Ala Thr Gln Ala Arg Pro Pro Pro His Ala Ser Gly
180 185 190
Pro Arg Arg Arg Leu Gly Cys Glu Arg Ala Trp Asn His Ser Val Arg
195 200 205

Glu Ala Gly Val Pro Leu Gly Leu Pro Ala Pro Gly Ala Arg Arg Arg
210 215 220
Gly Gly Ser Ala Ser Arg Ser Leu Pro Leu Pro Lys Arg Pro Arg Arg
225 230 235 240
Gly Ala Ala Pro Glu Pro Glu Arg Thr Pro Val Gly Gln Gly Ser Trp

245 250 255

Ala His Pro Gly Arg Thr Arg Gly Pro Ser Asp Arg Gly Phe Cys Val

260 265 270

Val Ser Pro Ala Arg Pro Ala Glu Glu Ala Thr Ser Leu Glu Gly Ala

275 280 285

Leu Ser Gly Thr Arg His Ser His Pro Ser Val Gly Arg Gln His His

290 295 300

Ala Gly Pro Pro Ser Thr Ser Arg Pro Pro Arg Pro Trp Asp Thr Pro

305 310 315 320

Cys Pro Pro Val Tyr Ala Glu Thr Lys His Phe Leu Tyr Ser Ser Gly

325 330 335

Asp Lys Glu Gln Leu Arg Pro Ser Phe Leu Leu Ser Ser Leu Arg Pro

340 345 350

Ser Leu Thr Gly Ala Arg Arg Leu Val Glu Thr Ile Phe Leu Gly Ser

355 360 365

Arg Pro Trp Met Pro Gly Thr Pro Arg Arg Leu Pro Arg Leu Pro Gln

370 375 380

Arg Tyr Trp Gln Met Arg Pro Leu Phe Leu Glu Leu Leu Gly Asn His

385 390 395 400

Ala Gln Cys Pro Tyr Gly Val Leu Leu Lys Thr His Cys Pro Leu Arg

405 410 415

Ala Ala Val Thr Pro Ala Ala Gly Val Cys Ala Arg Glu Lys Pro Gln

420 425 430

Gly Ser Val Ala Ala Pro Glu Glu Glu Asp Thr Asp Pro Arg Arg Leu

435 440 445

Val Gln Leu Leu Arg Gln His Ser Ser Pro Trp Gln Val Tyr Gly Phe

450 455 460

Val Arg Ala Cys Leu Arg Arg Leu Val Pro Pro Gly Leu Trp Gly Ser

465 470 475 480

Arg His Asn Glu Arg Arg Phe Leu Arg Asn Thr Lys Lys Phe Ile Ser

485 490 495

Leu Gly Lys His Ala Lys Leu Ser Leu Gln Glu Leu Thr Trp Lys Met
500 505 510
Ser Val Arg Asp Cys Ala Trp Leu Arg Arg Ser Pro Gly Val Gly Cys
515 520 525

Val Pro Ala Ala Glu His Arg Leu Arg Glu Glu Ile Leu Ala Lys Phe
530 535 540
Leu His Trp Leu Met Ser Val Tyr Val Val Glu Leu Leu Arg Ser Phe
545 550 555 560
Phe Tyr Val Thr Glu Thr Thr Phe Gln Lys Asn Arg Leu Phe Phe Tyr
565 570 575
Arg Lys Ser Val Trp Ser Lys Leu Gln Ser Ile Gly Ile Arg Gln His
580 585 590

Leu Lys Arg Val Gln Leu Arg Glu Leu Ser Glu Ala Glu Val Arg Gln
595 600 605
His Arg Glu Ala Arg Pro Ala Leu Leu Thr Ser Arg Leu Arg Phe Ile
610 615 620
Pro Lys Pro Asp Gly Leu Arg Pro Ile Val Asn Met Asp Tyr Val Val
625 630 635 640
Gly Ala Arg Thr Phe Arg Arg Glu Lys Arg Ala Glu Arg Leu Thr Ser
645 650 655

Arg Val Lys Ala Leu Phe Ser Val Leu Asn Tyr Glu Arg Ala Arg Arg
660 665 670
Pro Gly Leu Leu Gly Ala Ser Val Leu Gly Leu Asp Asp Ile His Arg
675 680 685
Ala Trp Arg Thr Phe Val Leu Arg Val Arg Ala Gln Asp Pro Pro Pro
690 695 700
Glu Leu Tyr Phe Val Lys Val Asp Val Thr Gly Ala Tyr Asp Thr Ile
705 710 715 720

Pro Gln Asp Arg Leu Thr Glu Val Ile Ala Ser Ile Ile Lys Pro Gln
725 730 735
Asn Thr Tyr Cys Val Arg Arg Tyr Ala Val Val Gln Lys Ala Ala His

740 745 750

Gly His Val Arg Lys Ala Phe Lys Ser His Val Ser Thr Leu Thr Asp

755 760 765

Leu Gln Pro Tyr Met Arg Gln Phe Val Ala His Leu Gln Glu Thr Ser

770 775 780

Pro Leu Arg Asp Ala Val Val Ile Glu Gln Ser Ser Ser Leu Asn Glu

785 790 795 800

Ala Ser Ser Gly Leu Phe Asp Val Phe Leu Arg Phe Met Cys His His

805 810 815

Ala Val Arg Ile Arg Gly Lys Ser Tyr Val Gln Cys Gln Gly Ile Pro

820 825 830

Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Leu Leu Cys Ser Leu Cys Tyr Gly Asp

835 840 845

Met Glu Asn Lys Leu Phe Ala Gly Ile Arg Arg Asp Gly Leu Leu Leu

850 855 860

Arg Leu Val Asp Asp Phe Leu Leu Val Thr Pro His Leu Thr His Ala

865 870 875 880

Lys Thr Phe Leu Arg Thr Leu Val Arg Gly Val Pro Glu Tyr Gly Cys

885 890 895

Val Val Asn Leu Arg Lys Thr Val Val Asn Phe Pro Val Glu Asp Glu

900 905 910

Ala Leu Gly Gly Thr Ala Phe Val Gln Met Pro Ala His Gly Leu Phe

915 920 925

Pro Trp Cys Gly Leu Leu Leu Asp Thr Arg Thr Leu Glu Val Gln Ser

930 935 940

Asp Tyr Ser Ser Tyr Ala Arg Thr Ser Ile Arg Ala Ser Leu Thr Phe

945 950 955 960

Asn Arg Gly Phe Lys Ala Gly Arg Asn Met Arg Arg Lys Leu Phe Gly

965 970 975

Val Leu Arg Leu Lys Cys His Ser Leu Phe Leu Asp Leu Gln Val Asn

980 985 990

Ser Leu Gln Thr Val Cys Thr Asn Ile Tyr Lys Ile Leu Leu Leu Gln
995 1000 1005

Ala Tyr Arg Phe His Ala Cys Val Leu Gln Leu Pro Phe His Gln
1010 1015 1020

Gln Val Trp Lys Asn Pro Thr Phe Phe Leu Arg Val Ile Ser Asp
1025 1030 1035

Thr Ala Ser Leu Cys Tyr Ser Ile Leu Lys Ala Lys Asn Ala Gly
1040 1045 1050

Met Ser Leu Gly Ala Lys Gly Ala Ala Gly Pro Leu Pro Ser Glu
1055 1060 1065

Ala Val Gln Trp Leu Cys His Gln Ala Phe Leu Leu Lys Leu Thr
1070 1075 1080

Arg His Arg Val Thr Tyr Val Pro Leu Leu Gly Ser Leu Arg Thr
1085 1090 1095

Ala Gln Thr Gln Leu Ser Arg Lys Leu Pro Gly Thr Thr Leu Thr
1100 1105 1110

Ala Leu Glu Ala Ala Ala Asn Pro Ala Leu Pro Ser Asp Phe Lys
1115 1120 1125

Thr Ile Leu Asp
1130

<210> 145

<211> 965

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 145

Tyr Gln Val Cys Gly Pro Pro Leu Tyr Gln Leu Gly Ala Ala Thr Gln
1 5 10 15

Ala Arg Pro Pro Pro His Ala Ser Gly Pro Arg Arg Arg Leu Gly Cys
20 25 30

Glu Arg Ala Trp Asn His Ser Val Arg Glu Ala Gly Val Pro Leu Gly
35 40 45

Leu Pro Ala Pro Gly Ala Arg Arg Arg Gly Gly Ser Ala Ser Arg Ser

50 55 60

Leu Pro Leu Pro Lys Arg Pro Arg Arg Gly Ala Ala Pro Glu Pro Glu

65 70 75 80

Arg Thr Pro Val Gly Gln Gly Ser Trp Ala His Pro Gly Arg Thr Arg

85 90 95

Gly Pro Ser Asp Arg Gly Phe Cys Val Val Ser Pro Ala Arg Pro Ala

100 105 110

Glu Glu Ala Thr Ser Leu Glu Gly Ala Leu Ser Gly Thr Arg His Ser

115 120 125

His Pro Ser Val Gly Arg Gln His His Ala Gly Pro Pro Ser Thr Ser

130 135 140

Arg Pro Pro Arg Pro Trp Asp Thr Pro Cys Pro Pro Val Tyr Ala Glu

145 150 155 160

Thr Lys His Phe Leu Tyr Ser Ser Gly Asp Lys Glu Gln Leu Arg Pro

165 170 175

Ser Phe Leu Leu Ser Ser Leu Arg Pro Ser Leu Thr Gly Ala Arg Arg

180 185 190

Leu Val Glu Thr Ile Phe Leu Gly Ser Arg Pro Trp Met Pro Gly Thr

195 200 205

Pro Arg Arg Leu Pro Arg Leu Pro Gln Arg Tyr Trp Gln Met Arg Pro

210 215 220

Leu Phe Leu Glu Leu Leu Gly Asn His Ala Gln Cys Pro Tyr Gly Val

225 230 235 240

Leu Leu Lys Thr His Cys Pro Leu Arg Ala Ala Val Thr Pro Ala Ala

245 250 255

Gly Val Cys Ala Arg Glu Lys Pro Gln Gly Ser Val Ala Ala Pro Glu

260 265 270

Glu Glu Asp Thr Asp Pro Arg Arg Leu Val Gln Leu Leu Arg Gln His

275 280 285

Ser Ser Pro Trp Gln Val Tyr Gly Phe Val Arg Ala Cys Leu Arg Arg

290 295 300

Leu Val Pro Pro Gly Leu Trp Gly Ser Arg His Asn Glu Arg Arg Phe
305 310 315 320
Leu Arg Asn Thr Lys Lys Phe Ile Ser Leu Gly Lys His Ala Lys Leu
325 330 335
Ser Leu Gln Glu Leu Thr Trp Lys Met Ser Val Arg Asp Cys Ala Trp

340 345 350
Leu Arg Arg Ser Pro Gly Val Gly Cys Val Pro Ala Ala Glu His Arg
355 360 365
Leu Arg Glu Glu Ile Leu Ala Lys Phe Leu His Trp Leu Met Ser Val
370 375 380
Tyr Val Val Glu Leu Leu Arg Ser Phe Phe Tyr Val Thr Glu Thr Thr
385 390 395 400
Phe Gln Lys Asn Arg Leu Phe Phe Tyr Arg Lys Ser Val Trp Ser Lys

405 410 415
Leu Gln Ser Ile Gly Ile Arg Gln His Leu Lys Arg Val Gln Leu Arg
420 425 430
Glu Leu Ser Glu Ala Glu Val Arg Gln His Arg Glu Ala Arg Pro Ala
435 440 445
Leu Leu Thr Ser Arg Leu Arg Phe Ile Pro Lys Pro Asp Gly Leu Arg
450 455 460
Pro Ile Val Asn Met Asp Tyr Val Val Gly Ala Arg Thr Phe Arg Arg

465 470 475 480
Glu Lys Arg Ala Glu Arg Leu Thr Ser Arg Val Lys Ala Leu Phe Ser
485 490 495
Val Leu Asn Tyr Glu Arg Ala Arg Arg Pro Gly Leu Leu Gly Ala Ser
500 505 510
Val Leu Gly Leu Asp Asp Ile His Arg Ala Trp Arg Thr Phe Val Leu
515 520 525
Arg Val Arg Ala Gln Asp Pro Pro Pro Glu Leu Tyr Phe Val Lys Val

530 535 540
Asp Val Thr Gly Ala Tyr Asp Thr Ile Pro Gln Asp Arg Leu Thr Glu

545 550 555 560

Val Ile Ala Ser Ile Ile Lys Pro Gln Asn Thr Tyr Cys Val Arg Arg

565 570 575

Tyr Ala Val Val Gln Lys Ala Ala His Gly His Val Arg Lys Ala Phe

580 585 590

Lys Ser His Val Ser Thr Leu Thr Asp Leu Gln Pro Tyr Met Arg Gln

595 600 605

Phe Val Ala His Leu Gln Glu Thr Ser Pro Leu Arg Asp Ala Val Val

610 615 620

Ile Glu Gln Ser Ser Ser Leu Asn Glu Ala Ser Ser Gly Leu Phe Asp

625 630 635 640

Val Phe Leu Arg Phe Met Cys His His Ala Val Arg Ile Arg Gly Lys

645 650 655

Ser Tyr Val Gln Cys Gln Gly Ile Pro Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr

660 665 670

Leu Leu Cys Ser Leu Cys Tyr Gly Asp Met Glu Asn Lys Leu Phe Ala

675 680 685

Gly Ile Arg Arg Asp Gly Leu Leu Leu Arg Leu Val Asp Asp Phe Leu

690 695 700

Leu Val Thr Pro His Leu Thr His Ala Lys Thr Phe Leu Arg Thr Leu

705 710 715 720

Val Arg Gly Val Pro Glu Tyr Gly Cys Val Val Asn Leu Arg Lys Thr

725 730 735

Val Val Asn Phe Pro Val Glu Asp Glu Ala Leu Gly Gly Thr Ala Phe

740 745 750

Val Gln Met Pro Ala His Gly Leu Phe Pro Trp Cys Gly Leu Leu Leu

755 760 765

Asp Thr Arg Thr Leu Glu Val Gln Ser Asp Tyr Ser Ser Tyr Ala Arg

770 775 780

Thr Ser Ile Arg Ala Ser Leu Thr Phe Asn Arg Gly Phe Lys Ala Gly

785 790 795 800

Arg Asn Met Arg Arg Lys Leu Phe Gly Val Leu Arg Leu Lys Cys His

805 810 815

Ser Leu Phe Leu Asp Leu Gln Val Asn Ser Leu Gln Thr Val Cys Thr

820 825 830

Asn Ile Tyr Lys Ile Leu Leu Leu Gln Ala Tyr Arg Phe His Ala Cys

835 840 845

Val Leu Gln Leu Pro Phe His Gln Gln Val Trp Lys Asn Pro Thr Phe

850 855 860

Phe Leu Arg Val Ile Ser Asp Thr Ala Ser Leu Cys Tyr Ser Ile Leu

865 870 875 880

Lys Ala Lys Asn Ala Gly Met Ser Leu Gly Ala Lys Gly Ala Ala Gly

885 890 895

Pro Leu Pro Ser Glu Ala Val Gln Trp Leu Cys His Gln Ala Phe Leu

900 905 910

Leu Lys Leu Thr Arg His Arg Val Thr Tyr Val Pro Leu Leu Gly Ser

915 920 925

Leu Arg Thr Ala Gln Thr Gln Leu Ser Arg Lys Leu Pro Gly Thr Thr

930 935 940

Leu Thr Ala Leu Glu Ala Ala Ala Asn Pro Ala Leu Pro Ser Asp Phe

945 950 955 960

Lys Thr Ile Leu Asp

965

<210> 146

<211> 1065

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 146

Met Pro Arg Ala Pro Arg Cys Arg Ala Val Arg Ser Leu Leu Arg Ser

1 5 10 15

His Tyr Arg Glu Val Leu Pro Leu Ala Thr Phe Val Arg Arg Leu Gly

20 25 30

Pro Gln Gly Trp Arg Leu Val Gln Arg Gly Asp Pro Ala Ala Phe Arg

35 40 45

Ala Leu Val Ala Gln Cys Leu Val Cys Val Pro Trp Asp Ala Arg Pro

50 55 60

Pro Pro Ala Ala Pro Ser Phe Arg Gln Val Ser Cys Leu Lys Glu Leu

65 70 75 80

Val Ala Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Arg Gly Ala Lys Asn Val

85 90 95

Leu Ala Phe Gly Phe Ala Leu Leu Asp Gly Ala Arg Gly Gly Pro Pro

100 105 110

Glu Ala Phe Thr Thr Ser Val Arg Ser Tyr Leu Pro Asn Thr Val Thr

115 120 125

Asp Ala Leu Arg Gly Ser Gly Ala Trp Gly Leu Leu Leu Arg Arg Val

130 135 140

Gly Asp Asp Gly Pro Pro Leu Tyr Gln Leu Gly Ala Ala Thr Gln Ala

145 150 155 160

Arg Pro Pro Pro His Ala Ser Gly Pro Arg Arg Arg Leu Gly Cys Glu

165 170 175

Arg Ala Trp Asn His Ser Val Arg Glu Ala Gly Val Pro Leu Gly Leu

180 185 190

Pro Ala Pro Gly Ala Arg Arg Arg Gly Gly Ser Ala Ser Arg Ser Leu

195 200 205

Pro Leu Pro Lys Arg Pro Arg Arg Gly Ala Ala Pro Glu Pro Glu Arg

210 215 220

Thr Pro Val Gly Gln Gly Ser Trp Ala His Pro Gly Arg Thr Arg Gly

225 230 235 240

Pro Ser Asp Arg Gly Phe Cys Val Val Ser Pro Ala Arg Pro Ala Glu

245 250 255

Glu Ala Thr Ser Leu Glu Gly Ala Leu Ser Gly Thr Arg His Ser His

260 265 270

Pro Ser Val Gly Arg Gln His His Ala Gly Pro Pro Ser Thr Ser Arg

275 280 285

Pro Pro Arg Pro Trp Asp Thr Pro Cys Pro Pro Val Tyr Ala Glu Thr
290 295 300
Lys His Phe Leu Tyr Ser Ser Gly Asp Lys Glu Gln Leu Arg Pro Ser
305 310 315 320
Phe Leu Leu Ser Ser Leu Arg Pro Ser Leu Thr Gly Ala Arg Arg Leu

325 330 335
Val Glu Thr Ile Phe Leu Gly Ser Arg Pro Trp Met Pro Gly Thr Pro
340 345 350
Arg Arg Leu Pro Arg Leu Pro Gln Arg Tyr Trp Gln Met Arg Pro Leu
355 360 365
Phe Leu Glu Leu Leu Gly Asn His Ala Gln Cys Pro Tyr Gly Val Leu
370 375 380
Leu Lys Thr His Cys Pro Leu Arg Ala Ala Val Thr Pro Ala Ala Gly

385 390 395 400
Val Cys Ala Arg Glu Lys Pro Gln Gly Ser Val Ala Ala Pro Glu Glu
405 410 415
Glu Asp Thr Asp Pro Arg Arg Leu Val Gln Leu Leu Arg Gln His Ser
420 425 430
Ser Pro Trp Gln Val Tyr Gly Phe Val Arg Ala Cys Leu Arg Arg Leu
435 440 445
Val Pro Pro Gly Leu Trp Gly Ser Arg His Asn Glu Arg Arg Phe Leu

450 455 460
Arg Asn Thr Lys Lys Phe Ile Ser Leu Gly Lys His Ala Lys Leu Ser
465 470 475 480
Leu Gln Glu Leu Thr Trp Lys Met Ser Val Arg Asp Cys Ala Trp Leu
485 490 495
Arg Arg Ser Pro Gly Val Gly Cys Val Pro Ala Ala Glu His Arg Leu
500 505 510
Arg Glu Glu Ile Leu Ala Lys Phe Leu His Trp Leu Met Ser Val Tyr

515 520 525
Val Val Glu Leu Leu Arg Ser Phe Phe Tyr Val Thr Glu Thr Thr Phe

530 535 540

Gln Lys Asn Arg Leu Phe Phe Tyr Arg Lys Ser Val Trp Ser Lys Leu

545 550 555 560

Gln Ser Ile Gly Ile Arg Gln His Leu Lys Arg Val Gln Leu Arg Glu

565 570 575

Leu Ser Glu Ala Glu Val Arg Gln His Arg Glu Ala Arg Pro Ala Leu

580 585 590

Leu Thr Ser Arg Leu Arg Phe Ile Pro Lys Pro Asp Gly Leu Arg Pro

595 600 605

Ile Val Asn Met Asp Tyr Val Val Gly Ala Arg Thr Phe Arg Arg Glu

610 615 620

Lys Arg Ala Glu Arg Leu Thr Ser Arg Val Lys Ala Leu Phe Ser Val

625 630 635 640

Leu Asn Tyr Glu Arg Ala Arg Arg Pro Gly Leu Leu Gly Ala Ser Val

645 650 655

Leu Gly Leu Asp Asp Ile His Arg Ala Trp Arg Thr Phe Val Leu Arg

660 665 670

Val Arg Ala Gln Asp Pro Pro Pro Glu Leu Tyr Phe Val Lys Val Ala

675 680 685

Ile Thr Gly Ala Tyr Asp Thr Ile Pro Gln Asp Arg Leu Thr Glu Val

690 695 700

Ile Ala Ser Ile Ile Lys Pro Gln Asn Thr Tyr Cys Val Arg Arg Tyr

705 710 715 720

Ala Val Val Gln Lys Ala Ala His Gly His Val Arg Lys Ala Phe Lys

725 730 735

Ser His Val Ser Thr Leu Thr Asp Leu Gln Pro Tyr Met Arg Gln Phe

740 745 750

Val Ala His Leu Gln Glu Thr Ser Pro Leu Arg Asp Ala Val Val Ile

755 760 765

Glu Gln Ser Ser Ser Leu Asn Glu Ala Ser Ser Gly Leu Phe Asp Val

770 775 780

Phe Leu Arg Phe Met Cys His His Ala Val Arg Ile Arg Gly Lys Ser
785 790 795 800
Tyr Val Gln Glu Asn Lys Leu Phe Ala Gly Ile Arg Arg Asp Gly Leu
805 810 815
Leu Leu Arg Leu Val Asp Asp Phe Leu Leu Val Thr Pro His Leu Thr
820 825 830
His Ala Lys Thr Phe Leu Arg Thr Leu Val Arg Gly Val Pro Glu Tyr

835 840 845
Gly Cys Val Val Asn Leu Arg Lys Thr Val Val Asn Phe Pro Val Glu
850 855 860
Asp Glu Ala Leu Asp Thr Arg Thr Leu Glu Val Gln Ser Asp Tyr Ser
865 870 875 880
Ser Tyr Ala Arg Thr Ser Ile Arg Ala Ser Leu Thr Phe Asn Arg Gly
885 890 895
Phe Lys Ala Gly Arg Asn Met Arg Arg Lys Leu Phe Gly Val Leu Arg

900 905 910
Leu Lys Cys His Ser Leu Phe Leu Asp Leu Gln Val Asn Ser Leu Gln
915 920 925
Thr Val Cys Thr Asn Ile Tyr Lys Ile Leu Leu Leu Gln Ala Tyr Arg
930 935 940
Phe His Ala Cys Val Leu Gln Leu Pro Phe His Gln Gln Val Trp Lys
945 950 955 960
Asn Pro Thr Phe Phe Leu Arg Val Ile Ser Asp Thr Ala Ser Leu Cys

965 970 975
Tyr Ser Ile Leu Lys Ala Lys Asn Ala Gly Met Ser Leu Gly Ala Lys
980 985 990
Gly Ala Ala Gly Pro Leu Pro Ser Glu Ala Val Gln Trp Leu Cys His
995 1000 1005
Gln Ala Phe Leu Leu Lys Leu Thr Arg His Arg Val Thr Tyr Val
1010 1015 1020
Pro Leu Leu Gly Ser Leu Arg Thr Ala Gln Thr Gln Leu Ser Arg

1025 1030 1035

Lys Leu Pro Gly Thr Thr Leu Thr Ala Leu Glu Ala Ala Ala Asn

1040 1045 1050

Pro Ala Leu Pro Ser Asp Phe Lys Thr Ile Leu Asp

1055 1060 1065

<210> 147

<211> 142

<212> PRT

<213> Pongo abelii

<400> 147

Met Gly Ala Pro Thr Leu Pro Pro Ala Trp Gln Pro Phe Leu Lys Asp

1 5 10 15

His Arg Ile Ser Thr Phe Lys Asn Trp Pro Phe Leu Glu Gly Cys Ala

20 25 30

Cys Thr Pro Glu Arg Met Ala Glu Ala Gly Phe Ile His Cys Pro Thr

35 40 45

Glu Asn Glu Pro Asp Leu Ala Gln Cys Phe Phe Cys Phe Lys Glu Leu

50 55 60

Glu Gly Trp Glu Pro Asp Asp Asp Pro Ile Glu Glu His Lys Lys His

65 70 75 80

Ser Ser Gly Cys Ala Phe Leu Ser Val Lys Lys Gln Phe Glu Glu Leu

85 90 95

Thr Leu Gly Glu Phe Leu Lys Leu Asp Arg Glu Arg Ala Lys Asn Lys

100 105 110

Ile Ala Lys Glu Thr Asn Asn Lys Lys Lys Glu Phe Glu Glu Thr Ala

115 120 125

Lys Lys Val Arg Arg Ala Ile Glu Gln Leu Ala Ala Met Asp

130 135 140

<210> 148

<211> 452

<212> PRT

<213> Clostridium tetani

<400>

148

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

Asn Glu Ser Ser Glu Val Ile Val His Lys Ala Met Asp Ile Glu Tyr
65 70 75 80
Asn Asp Met Phe Asn Asn Phe Thr Val Ser Phe Trp Leu Arg Val Pro
85 90 95
Lys Val Ser Ala Ser His Leu Glu Gln Tyr Gly Thr Asn Glu Tyr Ser
100 105 110
Ile Ile Ser Ser Met Lys Lys His Ser Leu Ser Ile Gly Ser Gly Trp
115 120 125

Ser Val Ser Leu Lys Gly Asn Asn Leu Ile Trp Thr Leu Lys Asp Ser
130 135 140
Ala Gly Glu Val Arg Gln Ile Thr Phe Arg Asp Leu Pro Asp Lys Phe
145 150 155 160
Asn Ala Tyr Leu Ala Asn Lys Trp Val Phe Ile Thr Ile Thr Asn Asp
165 170 175
Arg Leu Ser Ser Ala Asn Leu Tyr Ile Asn Gly Val Leu Met Gly Ser
180 185 190

Ala Glu Ile Thr Gly Leu Gly Ala Ile Arg Glu Asp Asn Asn Ile Thr
195 200 205
Leu Lys Leu Asp Arg Cys Asn Asn Asn Asn Gln Tyr Val Ser Ile Asp
210 215 220
Lys Phe Arg Ile Phe Cys Lys Ala Leu Asn Pro Lys Glu Ile Glu Lys
225 230 235 240
Leu Tyr Thr Ser Tyr Leu Ser Ile Thr Phe Leu Arg Asp Phe Trp Gly

245 250 255

Asn Pro Leu Arg Tyr Asp Thr Glu Tyr Tyr Leu Ile Pro Val Ala Ser
260 265 270
Ser Ser Lys Asp Val Gln Leu Lys Asn Ile Thr Asp Tyr Met Tyr Leu
275 280 285
Thr Asn Ala Pro Ser Tyr Thr Asn Gly Lys Leu Asn Ile Tyr Tyr Arg
290 295 300
Arg Leu Tyr Asn Gly Leu Lys Phe Ile Ile Lys Arg Tyr Thr Pro Asn
305 310 315 320

Asn Glu Ile Asp Ser Phe Val Lys Ser Gly Asp Phe Ile Lys Leu Tyr
325 330 335
Val Ser Tyr Asn Asn Asn Glu His Ile Val Gly Tyr Pro Lys Asp Gly
340 345 350
Asn Ala Phe Asn Asn Leu Asp Arg Ile Leu Arg Val Gly Tyr Asn Ala
355 360 365
Pro Gly Ile Pro Leu Tyr Lys Lys Met Glu Ala Val Lys Leu Arg Asp
370 375 380

Leu Lys Thr Tyr Ser Val Gln Leu Lys Leu Tyr Asp Asp Lys Asn Ala
385 390 395 400
Ser Leu Gly Leu Val Gly Thr His Asn Gly Gln Ile Gly Asn Asp Pro
405 410 415
Asn Arg Asp Ile Leu Ile Ala Ser Asn Trp Tyr Phe Asn His Leu Lys
420 425 430
Asp Lys Ile Leu Gly Cys Asp Trp Tyr Phe Val Pro Thr Asp Glu Gly
435 440 445

Trp Thr Asn Asp
450

<210> 149
<211> 111
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 149

Pro Gly Ile Asn Gly Lys Ala Ile His Leu Val Asn Asn Glu Ser Ser
1 5 10 15

Glu Gly Pro Gly Pro Gly Phe Asn Asn Phe Thr Val Ser Phe Trp Leu
20 25 30

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

Pro Gly Pro Gly Tyr Val Ser Ile Asp Lys Phe Arg Ile Phe Cys Lys
50 55 60

Ala Leu Asn Pro Lys Glu Ile Glu Lys Leu Tyr Thr Ser Tyr Leu Ser
65 70 75 80

Gly Pro Gly Pro Gly Ile Leu Arg Val Gly Tyr Asn Ala Pro Gly Ile
85 90 95

Pro Leu Tyr Lys Lys Met Glu Ala Val Lys Leu Arg Asp Leu Lys
100 105 110

<210> 150

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 150

Pro Gly Ile Asn Gly Lys Ala Ile His Leu Val Asn Asn Glu Ser Ser
1 5 10 15

Glu Pro Met Gly Leu Pro Phe Asn Asn Phe Thr Val Ser Phe Trp Leu
20 25 30

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

Met Gly Leu Pro Tyr Val Ser Ile Asp Lys Phe Arg Ile Phe Cys Lys
50 55 60

Ala Leu Asn Pro Lys Glu Ile Glu Lys Leu Tyr Thr Ser Tyr Leu Ser
65 70 75 80

Pro Met Gly Leu Pro Ile Leu Arg Val Gly Tyr Asn Ala Pro Gly Ile
85 90 95
Pro Leu Tyr Lys Lys Met Glu Ala Val Lys Leu Arg Asp Leu Lys
100 105 110

<210> 151
<211> 180
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 151
Met Gln Ala Glu Gly Arg Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gly Asp Ala Asp
1 5 10 15
Gly Pro Gly Gly Pro Gly Ile Pro Asp Gly Pro Gly Gly Asn Ala Gly
20 25 30
Gly Pro Gly Glu Ala Gly Ala Thr Gly Gly Arg Gly Pro Arg Gly Ala
35 40 45
Gly Ala Ala Arg Ala Ser Gly Pro Gly Gly Gly Ala Pro Arg Gly Pro

50 55 60
His Gly Gly Ala Ala Ser Gly Leu Asn Gly Cys Cys Arg Cys Gly Ala
65 70 75 80
Arg Gly Pro Glu Ser Arg Leu Leu Glu Phe Tyr Leu Ala Met Pro Phe
85 90 95
Ala Thr Pro Met Glu Ala Glu Leu Ala Arg Arg Ser Leu Ala Gln Asp
100 105 110
Ala Pro Pro Leu Pro Val Pro Gly Val Leu Leu Lys Glu Phe Thr Val

115 120 125
Ser Gly Asn Ile Leu Thr Ile Arg Leu Thr Ala Ala Asp His Arg Gln
130 135 140
Leu Gln Leu Ser Ile Ser Ser Cys Leu Gln Gln Leu Ser Leu Leu Met
145 150 155 160
Trp Ile Thr Gln Cys Phe Leu Pro Val Phe Leu Ala Gln Pro Pro Ser
165 170 175
Gly Gln Arg Arg

180

<210> 152

<211> 1255

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 152

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

50 55 60
Leu Pro Thr Asn Ala Ser Leu Ser Phe Leu Gln Asp Ile Gln Glu Val
65 70 75 80
Gln Gly Tyr Val Leu Ile Ala His Asn Gln Val Arg Gln Val Pro Leu
85 90 95
Gln Arg Leu Arg Ile Val Arg Gly Thr Gln Leu Phe Glu Asp Asn Tyr
100 105 110
Ala Leu Ala Val Leu Asp Asn Gly Asp Pro Leu Asn Asn Thr Thr Pro

115 120 125
Val Thr Gly Ala Ser Pro Gly Gly Leu Arg Glu Leu Gln Leu Arg Ser
130 135 140
Leu Thr Glu Ile Leu Lys Gly Gly Val Leu Ile Gln Arg Asn Pro Gln
145 150 155 160
Leu Cys Tyr Gln Asp Thr Ile Leu Trp Lys Asp Ile Phe His Lys Asn
165 170 175
Asn Gln Leu Ala Leu Thr Leu Ile Asp Thr Asn Arg Ser Arg Ala Cys

180 185 190
His Pro Cys Ser Pro Met Cys Lys Gly Ser Arg Cys Trp Gly Glu Ser

195 200 205

Ser Glu Asp Cys Gln Ser Leu Thr Arg Thr Val Cys Ala Gly Gly Cys

210 215 220

Ala Arg Cys Lys Gly Pro Leu Pro Thr Asp Cys Cys His Glu Gln Cys

225 230 235 240

Ala Ala Gly Cys Thr Gly Pro Lys His Ser Asp Cys Leu Ala Cys Leu

245 250 255

His Phe Asn His Ser Gly Ile Cys Glu Leu His Cys Pro Ala Leu Val

260 265 270

Thr Tyr Asn Thr Asp Thr Phe Glu Ser Met Pro Asn Pro Glu Gly Arg

275 280 285

Tyr Thr Phe Gly Ala Ser Cys Val Thr Ala Cys Pro Tyr Asn Tyr Leu

290 295 300

Ser Thr Asp Val Gly Ser Cys Thr Leu Val Cys Pro Leu His Asn Gln

305 310 315 320

Glu Val Thr Ala Glu Asp Gly Thr Gln Arg Cys Glu Lys Cys Ser Lys

325 330 335

Pro Cys Ala Arg Val Cys Tyr Gly Leu Gly Met Glu His Leu Arg Glu

340 345 350

Val Arg Ala Val Thr Ser Ala Asn Ile Gln Glu Phe Ala Gly Cys Lys

355 360 365

Lys Ile Phe Gly Ser Leu Ala Phe Leu Pro Glu Ser Phe Asp Gly Asp

370 375 380

Pro Ala Ser Asn Thr Ala Pro Leu Gln Pro Glu Gln Leu Gln Val Phe

385 390 395 400

Glu Thr Leu Glu Glu Ile Thr Gly Tyr Leu Tyr Ile Ser Ala Trp Pro

405 410 415

Asp Ser Leu Pro Asp Leu Ser Val Phe Gln Asn Leu Gln Val Ile Arg

420 425 430

Gly Arg Ile Leu His Asn Gly Ala Tyr Ser Leu Thr Leu Gln Gly Leu

435 440 445

Gly Ile Ser Trp Leu Gly Leu Arg Ser Leu Arg Glu Leu Gly Ser Gly
450 455 460
Leu Ala Leu Ile His His Asn Thr His Leu Cys Phe Val His Thr Val
465 470 475 480
Pro Trp Asp Gln Leu Phe Arg Asn Pro His Gln Ala Leu Leu His Thr
485 490 495
Ala Asn Arg Pro Glu Asp Glu Cys Val Gly Glu Gly Leu Ala Cys His

500 505 510
Gln Leu Cys Ala Arg Gly His Cys Trp Gly Pro Gly Pro Thr Gln Cys
515 520 525
Val Asn Cys Ser Gln Phe Leu Arg Gly Gln Glu Cys Val Glu Glu Cys
530 535 540
Arg Val Leu Gln Gly Leu Pro Arg Glu Tyr Val Asn Ala Arg His Cys
545 550 555 560
Leu Pro Cys His Pro Glu Cys Gln Pro Gln Asn Gly Ser Val Thr Cys

565 570 575
Phe Gly Pro Glu Ala Asp Gln Cys Val Ala Cys Ala His Tyr Lys Asp
580 585 590
Pro Pro Phe Cys Val Ala Arg Cys Pro Ser Gly Val Lys Pro Asp Leu
595 600 605
Ser Tyr Met Pro Ile Trp Lys Phe Pro Asp Glu Glu Gly Ala Cys Gln
610 615 620
Pro Cys Pro Ile Asn Cys Thr His Ser Cys Val Asp Leu Asp Asp Lys

625 630 635 640
Gly Cys Pro Ala Glu Gln Arg Ala Ser Pro Leu Thr Ser Ile Val Ser
645 650 655
Ala Val Val Gly Ile Leu Leu Val Val Val Leu Gly Val Val Phe Gly
660 665 670
Ile Leu Ile Lys Arg Arg Gln Gln Lys Ile Arg Lys Tyr Thr Met Arg
675 680 685
Arg Leu Leu Gln Glu Thr Glu Leu Val Glu Pro Leu Thr Pro Ser Gly

690 695 700

Ala Met Pro Asn Gln Ala Gln Met Arg Ile Leu Lys Glu Thr Glu Leu

705 710 715 720

Arg Lys Val Lys Val Leu Gly Ser Gly Ala Phe Gly Thr Val Tyr Lys

725 730 735

Gly Ile Trp Ile Pro Asp Gly Glu Asn Val Lys Ile Pro Val Ala Ile

740 745 750

Lys Val Leu Arg Glu Asn Thr Ser Pro Lys Ala Asn Lys Glu Ile Leu

755 760 765

Asp Glu Ala Tyr Val Met Ala Gly Val Gly Ser Pro Tyr Val Ser Arg

770 775 780

Leu Leu Gly Ile Cys Leu Thr Ser Thr Val Gln Leu Val Thr Gln Leu

785 790 795 800

Met Pro Tyr Gly Cys Leu Leu Asp His Val Arg Glu Asn Arg Gly Arg

805 810 815

Leu Gly Ser Gln Asp Leu Leu Asn Trp Cys Met Gln Ile Ala Lys Gly

820 825 830

Met Ser Tyr Leu Glu Asp Val Arg Leu Val His Arg Asp Leu Ala Ala

835 840 845

Arg Asn Val Leu Val Lys Ser Pro Asn His Val Lys Ile Thr Asp Phe

850 855 860

Gly Leu Ala Arg Leu Leu Asp Ile Asp Glu Thr Glu Tyr His Ala Asp

865 870 875 880

Gly Gly Lys Val Pro Ile Lys Trp Met Ala Leu Glu Ser Ile Leu Arg

885 890 895

Arg Arg Phe Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Val Thr Val

900 905 910

Trp Glu Leu Met Thr Phe Gly Ala Lys Pro Tyr Asp Gly Ile Pro Ala

915 920 925

Arg Glu Ile Pro Asp Leu Leu Glu Lys Gly Glu Arg Leu Pro Gln Pro

930 935 940

Pro Ile Cys Thr Ile Asp Val Tyr Met Ile Met Val Lys Cys Trp Met

945 950 955 960

Ile Asp Ser Glu Cys Arg Pro Arg Phe Arg Glu Leu Val Ser Glu Phe

965 970 975

Ser Arg Met Ala Arg Asp Pro Gln Arg Phe Val Val Ile Gln Asn Glu

980 985 990

Asp Leu Gly Pro Ala Ser Pro Leu Asp Ser Thr Phe Tyr Arg Ser Leu

995 1000 1005

Leu Glu Asp Asp Asp Met Gly Asp Leu Val Asp Ala Glu Glu Tyr

1010 1015 1020

Leu Val Pro Gln Gln Gly Phe Phe Cys Pro Asp Pro Ala Pro Gly

1025 1030 1035

Ala Gly Gly Met Val His His Arg His Arg Ser Ser Ser Thr Arg

1040 1045 1050

Ser Gly Gly Gly Asp Leu Thr Leu Gly Leu Glu Pro Ser Glu Glu

1055 1060 1065

Glu Ala Pro Arg Ser Pro Leu Ala Pro Ser Glu Gly Ala Gly Ser

1070 1075 1080

Asp Val Phe Asp Gly Asp Leu Gly Met Gly Ala Ala Lys Gly Leu

1085 1090 1095

Gln Ser Leu Pro Thr His Asp Pro Ser Pro Leu Gln Arg Tyr Ser

1100 1105 1110

Glu Asp Pro Thr Val Pro Leu Pro Ser Glu Thr Asp Gly Tyr Val

1115 1120 1125

Ala Pro Leu Thr Cys Ser Pro Gln Pro Glu Tyr Val Asn Gln Pro

1130 1135 1140

Asp Val Arg Pro Gln Pro Pro Ser Pro Arg Glu Gly Pro Leu Pro

1145 1150 1155

Ala Ala Arg Pro Ala Gly Ala Thr Leu Glu Arg Ala Lys Thr Leu

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Lys Asn Gly Val Val Lys Asp Val Phe Ala Phe Gly

1175 1180 1185

Gly Ala Val Glu Asn Pro Glu Tyr Leu Thr Pro Gln Gly Gly Ala

1190 1195 1200

Ala Pro Gln Pro His Pro Pro Pro Ala Phe Ser Pro Ala Phe Asp

1205 1210 1215

Asn Leu Tyr Tyr Trp Asp Gln Asp Pro Pro Glu Arg Gly Ala Pro

1220 1225 1230

Pro Ser Thr Phe Lys Gly Thr Pro Thr Ala Glu Asn Pro Glu Tyr

1235 1240 1245

Leu Gly Leu Asp Val Pro Val

1250 1255

<210> 153

<211> 1196

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 153

Thr Gln Val Cys Thr Gly Thr Asp Met Lys Leu Arg Leu Pro Ala Ser

1 5 10 15

Pro Glu Thr His Leu Asp Met Leu Arg His Leu Tyr Gln Gly Cys Gln

20 25 30

Val Val Gln Gly Asn Leu Glu Leu Thr Tyr Leu Pro Thr Asn Ala Ser

35 40 45

Leu Ser Phe Leu Gln Asp Ile Gln Glu Val Gln Gly Tyr Val Leu Ile

50 55 60

Ala His Asn Gln Val Arg Gln Val Pro Leu Gln Arg Leu Arg Ile Val

65 70 75 80

Arg Gly Thr Gln Leu Phe Glu Asp Asn Tyr Ala Leu Ala Val Leu Asp

85 90 95

Asn Gly Asp Pro Leu Asn Asn Thr Thr Pro Val Thr Gly Ala Ser Pro

100 105 110

Gly Gly Leu Arg Glu Leu Gln Leu Arg Ser Leu Thr Glu Ile Leu Lys
115 120 125
Gly Gly Val Leu Ile Gln Arg Asn Pro Gln Leu Cys Tyr Gln Asp Thr
130 135 140
Ile Leu Trp Lys Asp Ile Phe His Lys Asn Asn Gln Leu Ala Leu Thr
145 150 155 160
Leu Ile Asp Thr Asn Arg Ser Arg Ala Cys His Pro Cys Ser Pro Met
165 170 175

Cys Lys Gly Ser Arg Cys Trp Gly Glu Ser Ser Glu Asp Cys Gln Ser
180 185 190
Leu Thr Arg Thr Val Cys Ala Gly Gly Cys Ala Arg Cys Lys Gly Pro
195 200 205
Leu Pro Thr Asp Cys Cys His Glu Gln Cys Ala Ala Gly Cys Thr Gly
210 215 220
Pro Lys His Ser Asp Cys Leu Ala Cys Leu His Phe Asn His Ser Gly
225 230 235 240

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

Gly Thr Gln Arg Cys Glu Lys Cys Ser Lys Pro Cys Ala Arg Val Cys
305 310 315 320
Tyr Gly Leu Gly Met Glu His Leu Arg Glu Val Arg Ala Val Thr Ser
325 330 335
Ala Asn Ile Gln Glu Phe Ala Gly Cys Lys Lys Ile Phe Gly Ser Leu
340 345 350
Ala Phe Leu Pro Glu Ser Phe Asp Gly Asp Pro Ala Ser Asn Thr Ala

355 360 365

Pro Leu Gln Pro Glu Gln Leu Gln Val Phe Glu Thr Leu Glu Glu Ile
370 375 380
Thr Gly Tyr Leu Tyr Ile Ser Ala Trp Pro Asp Ser Leu Pro Asp Leu
385 390 395 400
Ser Val Phe Gln Asn Leu Gln Val Ile Arg Gly Arg Ile Leu His Asn
405 410 415
Gly Ala Tyr Ser Leu Thr Leu Gln Gly Leu Gly Ile Ser Trp Leu Gly
420 425 430

Leu Arg Ser Leu Arg Glu Leu Gly Ser Gly Leu Ala Leu Ile His His
435 440 445
Asn Thr His Leu Cys Phe Val His Thr Val Pro Trp Asp Gln Leu Phe
450 455 460
Arg Asn Pro His Gln Ala Leu Leu His Thr Ala Asn Arg Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Cys Val Gly Glu Gly Leu Ala Cys His Gln Leu Cys Ala Arg Gly
485 490 495

His Cys Trp Gly Pro Gly Pro Thr Gln Cys Val Asn Cys Ser Gln Phe
500 505 510
Leu Arg Gly Gln Glu Cys Val Glu Glu Cys Arg Val Leu Gln Gly Leu
515 520 525
Pro Arg Glu Tyr Val Asn Ala Arg His Cys Leu Pro Cys His Pro Glu
530 535 540
Cys Gln Pro Gln Asn Gly Ser Val Thr Cys Phe Gly Pro Glu Ala Asp
545 550 555 560

Gln Cys Val Ala Cys Ala His Tyr Lys Asp Pro Pro Phe Cys Val Ala
565 570 575
Arg Cys Pro Ser Gly Val Lys Pro Asp Leu Ser Tyr Met Pro Ile Trp
580 585 590
Lys Phe Pro Asp Glu Glu Gly Ala Cys Gln Pro Cys Pro Ile Asn Cys
595 600 605

Thr His Ser Cys Val Asp Leu Asp Asp Lys Gly Cys Pro Ala Glu Gln
610 615 620

Arg Ala Ser Pro Leu Thr Leu Leu Gln Glu Thr Glu Leu Val Glu Pro
625 630 635 640
Leu Thr Pro Ser Gly Ala Met Pro Asn Gln Ala Gln Met Arg Ile Leu
645 650 655
Lys Glu Thr Glu Leu Arg Lys Val Lys Val Leu Gly Ser Gly Ala Phe
660 665 670
Gly Thr Val Tyr Lys Gly Ile Trp Ile Pro Asp Gly Glu Asn Val Lys
675 680 685

Ile Pro Val Ala Ile Ala Val Leu Arg Glu Asn Thr Ser Pro Lys Ala
690 695 700
Asn Lys Glu Ile Leu Asp Glu Ala Tyr Val Met Ala Gly Val Gly Ser
705 710 715 720
Pro Tyr Val Ser Arg Leu Leu Gly Ile Cys Leu Thr Ser Thr Val Gln
725 730 735
Leu Val Thr Gln Leu Met Pro Tyr Gly Cys Leu Leu Asp His Val Arg
740 745 750

Glu Asn Arg Gly Arg Leu Gly Ser Gln Asp Leu Leu Asn Trp Cys Met
755 760 765
Gln Ile Ala Lys Gly Met Ser Tyr Leu Glu Asp Val Arg Leu Val His
770 775 780
Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Val Lys Ser Pro Asn His Val
785 790 795 800
Lys Ile Thr Asp Phe Gly Leu Ala Arg Leu Leu Asp Ile Asp Glu Thr
805 810 815

Glu Tyr His Ala Asp Gly Gly Lys Val Pro Ile Lys Trp Met Ala Leu
820 825 830
Glu Ser Ile Leu Arg Arg Arg Phe Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser
835 840 845
Tyr Gly Val Thr Val Trp Glu Leu Met Thr Phe Gly Ala Lys Pro Tyr

```
    850                 855                 860
Asp Gly Ile Pro Ala Arg Glu Ile Pro Asp Leu Leu Glu Lys Gly Glu
865                 870                 875                 880

Arg Leu Pro Gln Pro Pro Ile Cys Thr Ile Asp Val Tyr Met Ile Met
                885                 890                 895
Val Lys Cys Trp Met Ile Asp Ser Glu Cys Arg Pro Arg Phe Arg Glu
            900                 905                 910
Leu Val Ser Glu Phe Ser Arg Met Ala Arg Asp Pro Gln Arg Phe Val
        915                 920                 925
Val Ile Gln Asn Glu Asp Leu Gly Pro Ala Ser Pro Leu Asp Ser Thr
    930                 935                 940

Phe Tyr Arg Ser Leu Leu Glu Asp Asp Asp Met Gly Asp Leu Val Asp
945                 950                 955                 960
Ala Glu Glu Tyr Leu Val Pro Gln Gln Gly Phe Phe Cys Pro Asp Pro
                965                 970                 975
Ala Pro Gly Ala Gly Gly Met Val His His Arg His Arg Ser Ser Ser
            980                 985                 990
Thr Arg Ser Gly Gly Gly Asp Leu  Thr Leu Gly Leu Glu  Pro Ser Glu
        995                 1000                1005

Glu Glu  Ala Pro Arg Ser Pro  Leu Ala Pro Ser Glu  Gly Ala Gly
    1010                1015                1020
Ser Asp  Val Phe Asp Gly Asp  Leu Gly Met Gly Ala  Ala Lys Gly
    1025                1030                1035
Leu Gln  Ser Leu Pro Thr His  Asp Pro Ser Pro Leu  Gln Arg Tyr
    1040                1045                1050
Ser Glu  Asp Pro Thr Val Pro  Leu Pro Ser Glu Thr  Asp Gly Tyr
    1055                1060                1065

Val Ala  Pro Leu Thr Cys Ser  Pro Gln Pro Glu Tyr  Val Asn Gln
    1070                1075                1080
Pro Asp  Val Arg Pro Gln Pro  Pro Ser Pro Arg Glu  Gly Pro Leu
    1085                1090                1095
```

Pro Ala Ala Arg Pro Ala Gly Ala Thr Leu Glu Arg Ala Lys Thr
1100 1105 1110
Leu Ser Pro Gly Lys Asn Gly Val Val Lys Asp Val Phe Ala Phe
1115 1120 1125

Gly Gly Ala Val Glu Asn Pro Glu Tyr Leu Thr Pro Gln Gly Gly
1130 1135 1140
Ala Ala Pro Gln Pro His Pro Pro Pro Ala Phe Ser Pro Ala Phe
1145 1150 1155
Asp Asn Leu Tyr Tyr Trp Asp Gln Asp Pro Pro Glu Arg Gly Ala
1160 1165 1170
Pro Pro Ser Thr Phe Lys Gly Thr Pro Thr Ala Glu Asn Pro Glu
1175 1180 1185

Tyr Leu Gly Leu Asp Val Pro Val
1190 1195

<210> 154
<211> 610
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Construct
<400> 154
Thr Gln Val Cys Thr Gly Thr Asp Met Lys Leu Arg Leu Pro Ala Ser
1 5 10 15
Pro Glu Thr His Leu Asp Met Leu Arg His Leu Tyr Gln Gly Cys Gln
20 25 30
Val Val Gln Gly Asn Leu Glu Leu Thr Tyr Leu Pro Thr Asn Ala Ser

35 40 45
Leu Ser Phe Leu Gln Asp Ile Gln Glu Val Gln Gly Tyr Val Leu Ile
50 55 60
Ala His Asn Gln Val Arg Gln Val Pro Leu Gln Arg Leu Arg Ile Val
65 70 75 80
Arg Gly Thr Gln Leu Phe Glu Asp Asn Tyr Ala Leu Ala Val Leu Asp
85 90 95

Asn Gly Asp Pro Leu Asn Asn Thr Thr Pro Val Thr Gly Ala Ser Pro

100 105 110

Gly Gly Leu Arg Glu Leu Gln Leu Arg Ser Leu Thr Glu Ile Leu Lys

115 120 125

Gly Gly Val Leu Ile Gln Arg Asn Pro Gln Leu Cys Tyr Gln Asp Thr

130 135 140

Ile Leu Trp Lys Asp Ile Phe His Lys Asn Asn Gln Leu Ala Leu Thr

145 150 155 160

Leu Ile Asp Thr Asn Arg Ser Arg Ala Cys His Pro Cys Ser Pro Met

165 170 175

Cys Lys Gly Ser Arg Cys Trp Gly Glu Ser Ser Glu Asp Cys Gln Ser

180 185 190

Leu Thr Arg Thr Val Cys Ala Gly Gly Cys Ala Arg Cys Lys Gly Pro

195 200 205

Leu Pro Thr Asp Cys Cys His Glu Gln Cys Ala Ala Gly Cys Thr Gly

210 215 220

Pro Lys His Ser Asp Cys Leu Ala Cys Leu His Phe Asn His Ser Gly

225 230 235 240

Ile Cys Glu Leu His Cys Pro Ala Leu Val Thr Tyr Asn Thr Asp Thr

245 250 255

Phe Glu Ser Met Pro Asn Pro Glu Gly Arg Tyr Thr Phe Gly Ala Ser

260 265 270

Cys Val Thr Ala Cys Pro Tyr Asn Tyr Leu Ser Thr Asp Val Gly Ser

275 280 285

Cys Thr Leu Val Cys Pro Leu His Asn Gln Glu Val Thr Ala Glu Asp

290 295 300

Gly Thr Gln Arg Cys Glu Lys Cys Ser Lys Pro Cys Ala Arg Val Cys

305 310 315 320

Tyr Gly Leu Gly Met Glu His Leu Arg Glu Val Arg Ala Val Thr Ser

325 330 335

Ala Asn Ile Gln Glu Phe Ala Gly Cys Lys Lys Ile Phe Gly Ser Leu

340 345 350

Ala Phe Leu Pro Glu Ser Phe Asp Gly Asp Pro Ala Ser Asn Thr Ala

355 360 365

Pro Leu Gln Pro Glu Gln Leu Gln Val Phe Glu Thr Leu Glu Glu Ile

370 375 380

Thr Gly Tyr Leu Tyr Ile Ser Ala Trp Pro Asp Ser Leu Pro Asp Leu

385 390 395 400

Ser Val Phe Gln Asn Leu Gln Val Ile Arg Gly Arg Ile Leu His Asn

405 410 415

Gly Ala Tyr Ser Leu Thr Leu Gln Gly Leu Gly Ile Ser Trp Leu Gly

420 425 430

Leu Arg Ser Leu Arg Glu Leu Gly Ser Gly Leu Ala Leu Ile His His

435 440 445

Asn Thr His Leu Cys Phe Val His Thr Val Pro Trp Asp Gln Leu Phe

450 455 460

Arg Asn Pro His Gln Ala Leu Leu His Thr Ala Asn Arg Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Cys Val Gly Glu Gly Leu Ala Cys His Gln Leu Cys Ala Arg Gly

485 490 495

His Cys Trp Gly Pro Gly Pro Thr Gln Cys Val Asn Cys Ser Gln Phe

500 505 510

Leu Arg Gly Gln Glu Cys Val Glu Glu Cys Arg Val Leu Gln Gly Leu

515 520 525

Pro Arg Glu Tyr Val Asn Ala Arg His Cys Leu Pro Cys His Pro Glu

530 535 540

Cys Gln Pro Gln Asn Gly Ser Val Thr Cys Phe Gly Pro Glu Ala Asp

545 550 555 560

Gln Cys Val Ala Cys Ala His Tyr Lys Asp Pro Pro Phe Cys Val Ala

565 570 575

Arg Cys Pro Ser Gly Val Lys Pro Asp Leu Ser Tyr Met Pro Ile Trp

580 585 590

Lys Phe Pro Asp Glu Glu Gly Ala Cys Gln Pro Cys Pro Ile Asn Cys
595 600 605

Thr His
610

<210> 155

<211> 1342

<

212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 155

Met Arg Ala Asn Asp Ala Leu Gln Val Leu Gly Leu Leu Phe Ser Leu
1 5 10 15

Ala Arg Gly Ser Glu Val Gly Asn Ser Gln Ala Val Cys Pro Gly Thr
20 25 30

Leu Asn Gly Leu Ser Val Thr Gly Asp Ala Glu Asn Gln Tyr Gln Thr
35 40 45

Leu Tyr Lys Leu Tyr Glu Arg Cys Glu Val Val Met Gly Asn Leu Glu
50 55 60

Ile Val Leu Thr Gly His Asn Ala Asp Leu Ser Phe Leu Gln Trp Ile
65 70 75 80

Arg Glu Val Thr Gly Tyr Val Leu Val Ala Met Asn Glu Phe Ser Thr
85 90 95

Leu Pro Leu Pro Asn Leu Arg Val Val Arg Gly Thr Gln Val Tyr Asp
100 105 110

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

His Ala Leu Arg Gln Leu Arg Leu Thr Gln Leu Thr Glu Ile Leu Ser
130 135 140

Gly Gly Val Tyr Ile Glu Lys Asn Asp Lys Leu Cys His Met Asp Thr
145 150 155 160

Ile Asp Trp Arg Asp Ile Val Arg Asp Arg Asp Ala Glu Ile Val Val
165 170 175

Lys Asp Asn Gly Arg Ser Cys Pro Pro Cys His Glu Val Cys Lys Gly

180 185 190

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

Pro Arg Cys Pro Gln Pro Leu Val Tyr Asn Lys Leu Thr Phe Gln Leu
260 265 270
Glu Pro Asn Pro His Thr Lys Tyr Gln Tyr Gly Gly Val Cys Val Ala
275 280 285
Ser Cys Pro His Asn Phe Val Val Asp Gln Thr Ser Cys Val Arg Ala
290 295 300
Cys Pro Pro Asp Lys Met Glu Val Asp Lys Asn Gly Leu Lys Met Cys
305 310 315 320

Glu Pro Cys Gly Gly Leu Cys Pro Lys Ala Cys Glu Gly Thr Gly Ser
325 330 335
Gly Ser Arg Phe Gln Thr Val Asp Ser Ser Asn Ile Asp Gly Phe Val
340 345 350
Asn Cys Thr Lys Ile Leu Gly Asn Leu Asp Phe Leu Ile Thr Gly Leu
355 360 365
Asn Gly Asp Pro Trp His Lys Ile Pro Ala Leu Asp Pro Glu Lys Leu
370 375 380

Asn Val Phe Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr Gly Tyr Leu Asn Ile Gln
385 390 395 400
Ser Trp Pro Pro His Met His Asn Phe Ser Val Phe Ser Asn Leu Thr
405 410 415
Thr Ile Gly Gly Arg Ser Leu Tyr Asn Arg Gly Phe Ser Leu Leu Ile
420 425 430

Met Lys Asn Leu Asn Val Thr Ser Leu Gly Phe Arg Ser Leu Lys Glu
435 440 445

Ile Ser Ala Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Ala Asn Arg Gln Leu Cys Tyr
450 455 460

His His Ser Leu Asn Trp Thr Lys Val Leu Arg Gly Pro Thr Glu Glu
465 470 475 480

Arg Leu Asp Ile Lys His Asn Arg Pro Arg Arg Asp Cys Val Ala Glu
485 490 495

Gly Lys Val Cys Asp Pro Leu Cys Ser Ser Gly Gly Cys Trp Gly Pro
500 505 510

Gly Pro Gly Gln Cys Leu Ser Cys Arg Asn Tyr Ser Arg Gly Gly Val
515 520 525

Cys Val Thr His Cys Asn Phe Leu Asn Gly Glu Pro Arg Glu Phe Ala
530 535 540

His Glu Ala Glu Cys Phe Ser Cys His Pro Glu Cys Gln Pro Met Glu
545 550 555 560

Gly Thr Ala Thr Cys Asn Gly Ser Gly Ser Asp Thr Cys Ala Gln Cys
565 570 575

Ala His Phe Arg Asp Gly Pro His Cys Val Ser Ser Cys Pro His Gly
580 585 590

Val Leu Gly Ala Lys Gly Pro Ile Tyr Lys Tyr Pro Asp Val Gln Asn
595 600 605

Glu Cys Arg Pro Cys His Glu Asn Cys Thr Gln Gly Cys Lys Gly Pro
610 615 620

Glu Leu Gln Asp Cys Leu Gly Gln Thr Leu Val Leu Ile Gly Lys Thr
625 630 635 640

His Leu Thr Met Ala Leu Thr Val Ile Ala Gly Leu Val Val Ile Phe
645 650 655

Met Met Leu Gly Gly Thr Phe Leu Tyr Trp Arg Gly Arg Arg Ile Gln
660 665 670

Asn Lys Arg Ala Met Arg Arg Tyr Leu Glu Arg Gly Glu Ser Ile Glu

675 680 685

Pro Leu Asp Pro Ser Glu Lys Ala Asn Lys Val Leu Ala Arg Ile Phe

690 695 700

Lys Glu Thr Glu Leu Arg Lys Leu Lys Val Leu Gly Ser Gly Val Phe

705 710 715 720

Gly Thr Val His Lys Gly Val Trp Ile Pro Glu Gly Glu Ser Ile Lys

725 730 735

Ile Pro Val Cys Ile Lys Val Ile Glu Asp Lys Ser Gly Arg Gln Ser

740 745 750

Phe Gln Ala Val Thr Asp His Met Leu Ala Ile Gly Ser Leu Asp His

755 760 765

Ala His Ile Val Arg Leu Leu Gly Leu Cys Pro Gly Ser Ser Leu Gln

770 775 780

Leu Val Thr Gln Tyr Leu Pro Leu Gly Ser Leu Leu Asp His Val Arg

785 790 795 800

Gln His Arg Gly Ala Leu Gly Pro Gln Leu Leu Leu Asn Trp Gly Val

805 810 815

Gln Ile Ala Lys Gly Met Tyr Tyr Leu Glu Glu His Gly Met Val His

820 825 830

Arg Asn Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Leu Lys Ser Pro Ser Gln Val

835 840 845

Gln Val Ala Asp Phe Gly Val Ala Asp Leu Leu Pro Pro Asp Asp Lys

850 855 860

Gln Leu Leu Tyr Ser Glu Ala Lys Thr Pro Ile Lys Trp Met Ala Leu

865 870 875 880

Glu Ser Ile His Phe Gly Lys Tyr Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser

885 890 895

Tyr Gly Val Thr Val Trp Glu Leu Met Thr Phe Gly Ala Glu Pro Tyr

900 905 910

Ala Gly Leu Arg Leu Ala Glu Val Pro Asp Leu Leu Glu Lys Gly Glu

915 920 925

Arg Leu Ala Gln Pro Gln Ile Cys Thr Ile Asp Val Tyr Met Val Met
930 935 940
Val Lys Cys Trp Met Ile Asp Glu Asn Ile Arg Pro Thr Phe Lys Glu
945 950 955 960

Leu Ala Asn Glu Phe Thr Arg Met Ala Arg Asp Pro Pro Arg Tyr Leu
965 970 975
Val Ile Lys Arg Glu Ser Gly Pro Gly Ile Ala Pro Gly Pro Glu Pro
980 985 990
His Gly Leu Thr Asn Lys Lys Leu Glu Glu Val Glu Leu Glu Pro Glu
995 1000 1005
Leu Asp Leu Asp Leu Asp Leu Glu Ala Glu Glu Asp Asn Leu Ala
1010 1015 1020

Thr Thr Thr Leu Gly Ser Ala Leu Ser Leu Pro Val Gly Thr Leu
1025 1030 1035
Asn Arg Pro Arg Gly Ser Gln Ser Leu Leu Ser Pro Ser Ser Gly
1040 1045 1050
Tyr Met Pro Met Asn Gln Gly Asn Leu Gly Glu Ser Cys Gln Glu
1055 1060 1065
Ser Ala Val Ser Gly Ser Ser Glu Arg Cys Pro Arg Pro Val Ser
1070 1075 1080

Leu His Pro Met Pro Arg Gly Cys Leu Ala Ser Glu Ser Ser Glu
1085 1090 1095
Gly His Val Thr Gly Ser Glu Ala Glu Leu Gln Glu Lys Val Ser
1100 1105 1110
Met Cys Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Pro Arg Pro Arg Gly
1115 1120 1125
Asp Ser Ala Tyr His Ser Gln Arg His Ser Leu Leu Thr Pro Val
1130 1135 1140

Thr Pro Leu Ser Pro Pro Gly Leu Glu Glu Glu Asp Val Asn Gly
1145 1150 1155
Tyr Val Met Pro Asp Thr His Leu Lys Gly Thr Pro Ser Ser Arg

1160 1165 1170

Glu Gly Thr Leu Ser Ser Val Gly Leu Ser Ser Val Leu Gly Thr

1175 1180 1185

Glu Glu Glu Asp Glu Asp Glu Glu Tyr Glu Tyr Met Asn Arg Arg

1190 1195 1200

Arg Arg His Ser Pro Pro His Pro Pro Arg Pro Ser Ser Leu Glu

1205 1210 1215

Glu Leu Gly Tyr Glu Tyr Met Asp Val Gly Ser Asp Leu Ser Ala

1220 1225 1230

Ser Leu Gly Ser Thr Gln Ser Cys Pro Leu His Pro Val Pro Ile

1235 1240 1245

Met Pro Thr Ala Gly Thr Thr Pro Asp Glu Asp Tyr Glu Tyr Met

1250 1255 1260

Asn Arg Gln Arg Asp Gly Gly Gly Pro Gly Gly Asp Tyr Ala Ala

1265 1270 1275

Met Gly Ala Cys Pro Ala Ser Glu Gln Gly Tyr Glu Glu Met Arg

1280 1285 1290

Ala Phe Gln Gly Pro Gly His Gln Ala Pro His Val His Tyr Ala

1295 1300 1305

Arg Leu Lys Thr Leu Arg Ser Leu Glu Ala Thr Asp Ser Ala Phe

1310 1315 1320

Asp Asn Pro Asp Tyr Trp His Ser Arg Leu Phe Pro Lys Ala Asn

1325 1330 1335

Ala Gln Arg Thr

1340

<210> 156

<211> 1295

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 156

Ser Glu Val Gly Asn Ser Gln Ala Val Cys Pro Gly Thr Leu Asn Gly

1 5 10 15

Leu Ser Val Thr Gly Asp Ala Glu Asn Gln Tyr Gln Thr Leu Tyr Lys

20 25 30

Leu Tyr Glu Arg Cys Glu Val Val Met Gly Asn Leu Glu Ile Val Leu

35 40 45

Thr Gly His Asn Ala Asp Leu Ser Phe Leu Gln Trp Ile Arg Glu Val

50 55 60

Thr Gly Tyr Val Leu Val Ala Met Asn Glu Phe Ser Thr Leu Pro Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Ile Phe Val Met Leu Asn Tyr Asn Thr Asn Ser Ser His Ala Leu

100 105 110

Arg Gln Leu Arg Leu Thr Gln Leu Thr Glu Ile Leu Ser Gly Gly Val

115 120 125

Tyr Ile Glu Lys Asn Asp Lys Leu Cys His Met Asp Thr Ile Asp Trp

130 135 140

Arg Asp Ile Val Arg Asp Arg Asp Ala Glu Ile Val Val Lys Asp Asn

145 150 155 160

Gly Arg Ser Cys Pro Pro Cys His Glu Val Cys Lys Gly Arg Cys Trp

165 170 175

Gly Pro Gly Ser Glu Asp Cys Gln Thr Leu Thr Lys Thr Ile Cys Ala

180 185 190

Pro Gln Cys Asn Gly His Cys Phe Gly Pro Asn Pro Asn Gln Cys Cys

195 200 205

His Asp Glu Cys Ala Gly Gly Cys Ser Gly Pro Gln Asp Thr Asp Cys

210 215 220

Phe Ala Cys Arg His Phe Asn Asp Ser Gly Ala Cys Val Pro Arg Cys

225 230 235 240

Pro Gln Pro Leu Val Tyr Asn Lys Leu Thr Phe Gln Leu Glu Pro Asn

245 250 255

Pro His Thr Lys Tyr Gln Tyr Gly Gly Val Cys Val Ala Ser Cys Pro
260 265 270
His Asn Phe Val Val Asp Gln Thr Ser Cys Val Arg Ala Cys Pro Pro
275 280 285

Asp Lys Met Glu Val Asp Lys Asn Gly Leu Lys Met Cys Glu Pro Cys
290 295 300
Gly Gly Leu Cys Pro Lys Ala Cys Glu Gly Thr Gly Ser Gly Ser Arg
305 310 315 320
Phe Gln Thr Val Asp Ser Ser Asn Ile Asp Gly Phe Val Asn Cys Thr
325 330 335
Lys Ile Leu Gly Asn Leu Asp Phe Leu Ile Thr Gly Leu Asn Gly Asp
340 345 350

Pro Trp His Lys Ile Pro Ala Leu Asp Pro Glu Lys Leu Asn Val Phe
355 360 365
Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr Gly Tyr Leu Asn Ile Gln Ser Trp Pro
370 375 380
Pro His Met His Asn Phe Ser Val Phe Ser Asn Leu Thr Thr Ile Gly
385 390 395 400
Gly Arg Ser Leu Tyr Asn Arg Gly Phe Ser Leu Leu Ile Met Lys Asn
405 410 415

Leu Asn Val Thr Ser Leu Gly Phe Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Ala
420 425 430
Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Ala Asn Arg Gln Leu Cys Tyr His His Ser
435 440 445
Leu Asn Trp Thr Lys Val Leu Arg Gly Pro Thr Glu Glu Arg Leu Asp
450 455 460
Ile Lys His Asn Arg Pro Arg Arg Asp Cys Val Ala Glu Gly Lys Val
465 470 475 480

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

500 505 510

His Cys Asn Phe Leu Asn Gly Glu Pro Arg Glu Phe Ala His Glu Ala

515 520 525

Glu Cys Phe Ser Cys His Pro Glu Cys Gln Pro Met Glu Gly Thr Ala

530 535 540

Thr Cys Asn Gly Ser Gly Ser Asp Thr Cys Ala Gln Cys Ala His Phe

545 550 555 560

Arg Asp Gly Pro His Cys Val Ser Ser Cys Pro His Gly Val Leu Gly

565 570 575

Ala Lys Gly Pro Ile Tyr Lys Tyr Pro Asp Val Gln Asn Glu Cys Arg

580 585 590

Pro Cys His Glu Asn Cys Thr Gln Gly Cys Lys Gly Pro Glu Leu Gln

595 600 605

Asp Cys Leu Gly Gln Thr Leu Val Leu Ile Gly Lys Thr His Leu Thr

610 615 620

Tyr Trp Arg Gly Arg Arg Ile Gln Asn Lys Arg Ala Met Arg Arg Tyr

625 630 635 640

Leu Glu Arg Gly Glu Ser Ile Glu Pro Leu Asp Pro Ser Glu Lys Ala

645 650 655

Asn Lys Val Leu Ala Arg Ile Phe Lys Glu Thr Glu Leu Arg Lys Leu

660 665 670

Lys Val Leu Gly Ser Gly Val Phe Gly Thr Val His Lys Gly Val Trp

675 680 685

Ile Pro Glu Gly Glu Ser Ile Lys Ile Pro Val Cys Ile Lys Val Ile

690 695 700

Glu Asp Lys Ser Gly Arg Gln Ser Phe Gln Ala Val Thr Asp His Met

705 710 715 720

Leu Ala Ile Gly Ser Leu Asp His Ala His Ile Val Arg Leu Leu Gly

725 730 735

Leu Cys Pro Gly Ser Ser Leu Gln Leu Val Thr Gln Tyr Leu Pro Leu

740 745 750

Gly Ser Leu Leu Asp His Val Arg Gln His Arg Gly Ala Leu Gly Pro
755 760 765

Gln Leu Leu Leu Asn Trp Gly Val Gln Ile Ala Lys Gly Met Tyr Tyr
770 775 780

Leu Glu Glu His Gly Met Val His Arg Asn Leu Ala Ala Arg Asn Val
785 790 795 800

Leu Leu Lys Ser Pro Ser Gln Val Gln Val Ala Asp Phe Gly Val Ala
805 810 815

Asp Leu Leu Pro Pro Asp Asp Lys Gln Leu Leu Glu Ser Glu Ala Lys
820 825 830

Thr Pro Ile Lys Trp Met Ala Leu Glu Ser Ile His Phe Gly Lys Tyr
835 840 845

Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Val Thr Val Trp Glu Leu
850 855 860

Met Thr Phe Gly Ala Glu Pro Tyr Ala Gly Leu Arg Leu Ala Glu Val
865 870 875 880

Pro Asp Leu Leu Glu Lys Gly Glu Arg Leu Ala Gln Pro Gln Ile Cys
885 890 895

Thr Ile Asp Val Tyr Met Val Met Val Lys Cys Trp Met Ile Asp Glu
900 905 910

Asn Ile Arg Pro Thr Phe Lys Glu Leu Ala Asn Glu Phe Thr Arg Met
915 920 925

Ala Arg Asp Pro Pro Arg Tyr Leu Val Ile Lys Arg Glu Ser Gly Pro
930 935 940

Gly Ile Ala Pro Gly Pro Glu Pro His Gly Leu Thr Asn Lys Lys Leu
945 950 955 960

Glu Glu Val Glu Leu Glu Pro Glu Leu Asp Leu Asp Leu Asp Leu Glu
965 970 975

Ala Glu Glu Asp Asn Leu Ala Thr Thr Thr Leu Gly Ser Ala Leu Ser
980 985 990

Leu Pro Val Gly Thr Leu Asn Arg Pro Arg Gly Ser Gln Ser Leu Leu

995 1000 1005

Ser Pro Ser Ser Gly Tyr Met Pro Met Asn Gln Gly Asn Leu Gly

1010 1015 1020

Glu Ser Cys Gln Glu Ser Ala Val Ser Gly Ser Ser Glu Arg Cys

1025 1030 1035

Pro Arg Pro Val Ser Leu His Pro Met Pro Arg Gly Cys Leu Ala

1040 1045 1050

Ser Glu Ser Ser Glu Gly His Val Thr Gly Ser Glu Ala Glu Leu

1055 1060 1065

Gln Glu Lys Val Ser Met Cys Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser

1070 1075 1080

Pro Arg Pro Arg Gly Asp Ser Ala Tyr His Ser Gln Arg His Ser

1085 1090 1095

Leu Leu Thr Pro Val Thr Pro Leu Ser Pro Pro Gly Leu Glu Glu

1100 1105 1110

Glu Asp Val Asn Gly Tyr Val Met Pro Asp Thr His Leu Lys Gly

1115 1120 1125

Thr Pro Ser Ser Arg Glu Gly Thr Leu Ser Ser Val Gly Leu Ser

1130 1135 1140

Ser Val Leu Gly Thr Glu Glu Glu Asp Glu Asp Glu Glu Tyr Glu

1145 1150 1155

Tyr Met Asn Pro His Pro Pro Arg Pro Ser Ser Leu Glu Glu Leu

1160 1165 1170

Gly Tyr Glu Tyr Met Asp Val Gly Ser Asp Leu Ser Ala Ser Leu

1175 1180 1185

Gly Ser Thr Gln Ser Cys Pro Leu His Pro Val Pro Ile Met Pro

1190 1195 1200

Thr Ala Gly Thr Thr Pro Asp Glu Asp Tyr Glu Tyr Met Asn Arg

1205 1210 1215

Gln Arg Asp Gly Gly Gly Pro Gly Gly Asp Tyr Ala Ala Met Gly

1220 1225 1230

Ala Cys Pro Ala Ser Glu Gln Gly Tyr Glu Glu Met Arg Ala Phe
1235 1240 1245
Gln Gly Pro Gly His Gln Ala Pro His Val His Tyr Ala Arg Leu
1250 1255 1260
Lys Thr Leu Arg Ser Leu Glu Ala Thr Asp Ser Ala Phe Asp Asn
1265 1270 1275
Pro Asp Tyr Trp His Ser Arg Leu Phe Pro Lys Ala Asn Ala Gln
1280 1285 1290

Arg Thr
1295

<210> 157
<211> 624
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Construct
<400> 157

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

Thr Gly His Asn Ala Asp Leu Ser Phe Leu Gln Trp Ile Arg Glu Val
50 55 60
Thr Gly Tyr Val Leu Val Ala Met Asn Glu Phe Ser Thr Leu Pro Leu
65 70 75 80
Pro Asn Leu Arg Val Val Arg Gly Thr Gln Val Tyr Asp Gly Lys Phe
85 90 95
Ala Ile Phe Val Met Leu Asn Tyr Asn Thr Asn Ser Ser His Ala Leu
100 105 110

Arg Gln Leu Arg Leu Thr Gln Leu Thr Glu Ile Leu Ser Gly Gly Val
115 120 125

Tyr Ile Glu Lys Asn Asp Lys Leu Cys His Met Asp Thr Ile Asp Trp
130 135 140
Arg Asp Ile Val Arg Asp Arg Asp Ala Glu Ile Val Val Lys Asp Asn
145 150 155 160
Gly Arg Ser Cys Pro Pro Cys His Glu Val Cys Lys Gly Arg Cys Trp
165 170 175

Gly Pro Gly Ser Glu Asp Cys Gln Thr Leu Thr Lys Thr Ile Cys Ala
180 185 190
Pro Gln Cys Asn Gly His Cys Phe Gly Pro Asn Pro Asn Gln Cys Cys
195 200 205
His Asp Glu Cys Ala Gly Gly Cys Ser Gly Pro Gln Asp Thr Asp Cys
210 215 220
Phe Ala Cys Arg His Phe Asn Asp Ser Gly Ala Cys Val Pro Arg Cys
225 230 235 240

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

Gly Gly Leu Cys Pro Lys Ala Cys Glu Gly Thr Gly Ser Gly Ser Arg
305 310 315 320
Phe Gln Thr Val Asp Ser Ser Asn Ile Asp Gly Phe Val Asn Cys Thr
325 330 335
Lys Ile Leu Gly Asn Leu Asp Phe Leu Ile Thr Gly Leu Asn Gly Asp
340 345 350
Pro Trp His Lys Ile Pro Ala Leu Asp Pro Glu Lys Leu Asn Val Phe
355 360 365

Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr Gly Tyr Leu Asn Ile Gln Ser Trp Pro

370 375 380

Pro His Met His Asn Phe Ser Val Phe Ser Asn Leu Thr Thr Ile Gly

385 390 395 400

Gly Arg Ser Leu Tyr Asn Arg Gly Phe Ser Leu Leu Ile Met Lys Asn

405 410 415

Leu Asn Val Thr Ser Leu Gly Phe Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Ala

420 425 430

Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Ala Asn Arg Gln Leu Cys Tyr His His Ser

435 440 445

Leu Asn Trp Thr Lys Val Leu Arg Gly Pro Thr Glu Glu Arg Leu Asp

450 455 460

Ile Lys His Asn Arg Pro Arg Arg Asp Cys Val Ala Glu Gly Lys Val

465 470 475 480

Cys Asp Pro Leu Cys Ser Ser Gly Gly Cys Trp Gly Pro Gly Pro Gly

485 490 495

Gln Cys Leu Ser Cys Arg Asn Tyr Ser Arg Gly Gly Val Cys Val Thr

500 505 510

His Cys Asn Phe Leu Asn Gly Glu Pro Arg Glu Phe Ala His Glu Ala

515 520 525

Glu Cys Phe Ser Cys His Pro Glu Cys Gln Pro Met Glu Gly Thr Ala

530 535 540

Thr Cys Asn Gly Ser Gly Ser Asp Thr Cys Ala Gln Cys Ala His Phe

545 550 555 560

Arg Asp Gly Pro His Cys Val Ser Ser Cys Pro His Gly Val Leu Gly

565 570 575

Ala Lys Gly Pro Ile Tyr Lys Tyr Pro Asp Val Gln Asn Glu Cys Arg

580 585 590

Pro Cys His Glu Asn Cys Thr Gln Gly Cys Lys Gly Pro Glu Leu Gln

595 600 605

Asp Cys Leu Gly Gln Thr Leu Val Leu Ile Gly Lys Thr His Leu Thr

610 615 620

<210> 158

<211> 283

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 158

Met Glu Pro Pro Gly Asp Trp Gly Pro Pro Pro Trp Arg Ser Thr Pro
1 5 10 15

Lys Thr Asp Val Leu Arg Leu Val Leu Tyr Leu Thr Phe Leu Gly Ala
20 25 30

Pro Cys Tyr Ala Pro Ala Leu Pro Ser Cys Lys Glu Asp Glu Tyr Pro
35 40 45

Val Gly Ser Glu Cys Cys Pro Lys Cys Ser Pro Gly Tyr Arg Val Lys
50 55 60

Glu Ala Cys Gly Glu Leu Thr Gly Thr Val Cys Glu Pro Cys Pro Pro
65 70 75 80

Gly Thr Tyr Ile Ala His Leu Asn Gly Leu Ser Lys Cys Leu Gln Cys
85 90 95

Gln Met Cys Asp Pro Ala Met Gly Leu Arg Ala Ser Arg Asn Cys Ser
100 105 110

Arg Thr Glu Asn Ala Val Cys Gly Cys Ser Pro Gly His Phe Cys Ile
115 120 125

Val Gln Asp Gly Asp His Cys Ala Ala Cys Arg Ala Tyr Ala Thr Ser
130 135 140

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

Leu Cys Gln Asn Cys Pro Pro Gly Thr Phe Ser Pro Asn Gly Thr Leu
165 170 175

Glu Glu Cys Gln His Gln Thr Lys Cys Ser Trp Leu Val Thr Lys Ala
180 185 190

Gly Ala Gly Thr Ser Ser Ser His Trp Val Trp Trp Phe Leu Ser Gly
195 200 205

Ser Leu Val Ile Val Ile Val Cys Ser Thr Val Gly Leu Ile Ile Cys

210 215 220

Val Lys Arg Arg Lys Pro Arg Gly Asp Val Val Lys Val Ile Val Ser

225 230 235 240

Val Gln Arg Lys Arg Gln Glu Ala Glu Gly Glu Ala Thr Val Ile Glu

245 250 255

Ala Leu Gln Ala Pro Pro Asp Val Thr Thr Val Ala Val Glu Glu Thr

260 265 270

Ile Pro Ser Phe Thr Gly Arg Ser Pro Asn His

275 280

<210> 159

<211> 164

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 159

Leu Pro Ser Cys Lys Glu Asp Glu Tyr Pro Val Gly Ser Glu Cys Cys

1 5 10 15

Pro Lys Cys Ser Pro Gly Tyr Arg Val Lys Glu Ala Cys Gly Glu Leu

20 25 30

Thr Gly Thr Val Cys Glu Pro Cys Pro Pro Gly Thr Tyr Ile Ala His

35 40 45

Leu Asn Gly Leu Ser Lys Cys Leu Gln Cys Gln Met Cys Asp Pro Ala

50 55 60

Met Gly Leu Arg Ala Ser Arg Asn Cys Ser Arg Thr Glu Asn Ala Val

65 70 75 80

Cys Gly Cys Ser Pro Gly His Phe Cys Ile Val Gln Asp Gly Asp His

85 90 95

Cys Ala Ala Cys Arg Ala Tyr Ala Thr Ser Ser Pro Gly Gln Arg Val

100 105 110

Gln Lys Gly Gly Thr Glu Ser Gln Asp Thr Leu Cys Gln Asn Cys Pro

115 120 125

Pro Gly Thr Phe Ser Pro Asn Gly Thr Leu Glu Glu Cys Gln His Gln

130 135 140

Thr Lys Cys Ser Trp Leu Val Thr Lys Ala Gly Ala Gly Thr Ser Ser
145 150 155 160
Ser His Trp Val

<210> 160
<211> 150
<212> PRT
<213> Human papillomavirus type 16
<400> 160

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

35 40 45
Val Tyr Asp Arg Asp Leu Cys Ile Val Tyr Arg Asp Gly Asn Pro Tyr
50 55 60
Ala Val Cys Asp Lys Cys Leu Lys Phe Tyr Ser Lys Ile Ser Glu Tyr
65 70 75 80
Arg His Tyr Cys Tyr Ser Leu Tyr Gly Thr Thr Leu Glu Gln Gln Tyr
85 90 95
Asn Lys Pro Leu Cys Asp Leu Leu Ile Arg Cys Ile Asn Cys Gln Lys

100 105 110
Pro Leu Gln Arg His Leu Asp Lys Lys Gln Arg Phe His Asn Ile Arg
115 120 125
Gly Arg Trp Thr Gly Arg Cys Met Ser Cys Cys Arg Ser Ser Arg Thr
130 135 140
Arg Arg Glu Thr Gln Leu
145 150

<210> 161
<211> 150
<212> PRT

<213> Human papillomavirus type 18

<400> 161

Met Ala Arg Phe Glu Asp Pro Thr Arg Ser Gly Tyr Lys Leu Pro Asp

1 5 10 15

Leu Cys Thr Glu Leu Asn Thr Ser Leu Gln Asp Ile Glu Ile Thr Cys

20 25 30

Val Tyr Cys Lys Thr Val Leu Glu Leu Thr Glu Val Phe Glu Lys Asp

35 40 45

Leu Phe Val Val Tyr Arg Asp Ser Ile Pro His Ala Ala Cys His Lys

50 55 60

Cys Ile Asp Phe Tyr Ser Arg Ile Arg Glu Leu Arg His Tyr Ser Asp

65 70 75 80

Ser Val Tyr Gly Asp Thr Leu Glu Lys Leu Thr Asn Thr Gly Leu Tyr

85 90 95

Asn Leu Leu Ile Arg Cys Leu Arg Cys Gln Lys Pro Leu Leu Arg His

100 105 110

Leu Asn Glu Lys Arg Arg Phe His Asn Ile Ala Gly His Tyr Arg Gly

115 120 125

Gln Cys His Ser Cys Cys Asn Arg Ala Arg Gln Glu Arg Leu Gln Arg

130 135 140

Arg Arg Glu Thr Gln Val

145 150

<210> 162

<211> 98

<212> PRT

<213> Human papillomavirus type 16

<400> 162

Met His Gly Asp Thr Pro Thr Leu His Glu Tyr Met Leu Asp Leu Gln

1 5 10 15

Pro Glu Thr Thr Asp Leu Tyr Gly Tyr Gly Gln Leu Asn Asp Ser Ser

20 25 30

Glu Glu Glu Asp Glu Ile Asp Gly Pro Ala Gly Gln Ala Glu Pro Asp

35 40 45

Arg Ala His Tyr Asn Ile Val Thr Phe Cys Cys Lys Cys Asp Ser Thr

50 55 60

Leu Arg Leu Cys Val Gln Ser Thr His Val Asp Ile Arg Thr Leu Glu

65 70 75 80

Asp Leu Leu Met Gly Thr Leu Gly Ile Val Cys Pro Ile Cys Ser Gln

85 90 95

Lys Pro

<210> 163

<211> 105

<212> PRT

<213> Human papillomavirus type 18

<400> 163

Met His Gly Pro Lys Ala Thr Leu Gln Asp Ile Val Leu His Leu Glu

1 5 10 15

Pro Gln Asn Glu Ile Pro Val Asp Leu Leu Gly His Gly Gln Leu Ser

20 25 30

Asp Ser Glu Glu Glu Asn Asp Glu Ile Asp Gly Val Asn His Gln His

35 40 45

Leu Pro Ala Arg Arg Ala Glu Pro Gln Arg His Thr Met Leu Cys Met

50 55 60

Cys Cys Lys Cys Glu Ala Arg Ile Glu Leu Val Val Glu Ser Ser Ala

65 70 75 80

Asp Asp Leu Arg Ala Phe Gln Gln Leu Phe Leu Asn Thr Leu Ser Phe

85 90 95

Val Cys Pro Trp Cys Ala Ser Gln Gln

100 105

<210> 164

<211> 253

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400

> 164

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

Ala Val Cys Asp Lys Cys Leu Lys Phe Tyr Ser Lys Ile Ser Glu Tyr
65 70 75 80
Arg His Tyr Cys Tyr Ser Leu Tyr Gly Thr Thr Leu Glu Gln Gln Tyr
85 90 95
Asn Lys Pro Leu Cys Asp Leu Leu Ile Arg Cys Ile Asn Cys Gln Lys
100 105 110
Pro Leu Gln Arg His Leu Asp Lys Lys Gln Arg Phe His Asn Ile Arg
115 120 125

Gly Arg Trp Thr Gly Arg Cys Met Ser Cys Cys Arg Ser Ser Arg Thr
130 135 140
Arg Arg Glu Thr Gln Leu Gly Pro Gly Pro Gly Met His Gly Asp Thr
145 150 155 160
Pro Thr Leu His Glu Tyr Met Leu Asp Leu Gln Pro Glu Thr Thr Asp
165 170 175
Leu Tyr Gly Tyr Gly Gln Leu Asn Asp Ser Ser Glu Glu Glu Asp Glu
180 185 190

Ile Asp Gly Pro Ala Gly Gln Ala Glu Pro Asp Arg Ala His Tyr Asn
195 200 205
Ile Val Thr Phe Cys Cys Lys Cys Asp Ser Thr Leu Arg Leu Cys Val
210 215 220
Gln Ser Thr His Val Asp Ile Arg Thr Leu Glu Asp Leu Leu Met Gly

225 230 235 240

Thr Leu Gly Ile Val Cys Pro Ile Cys Ser Gln Lys Pro

245 250

<210> 165

<211> 260

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 165

Met Ala Arg Phe Glu Asp Pro Thr Arg Ser Gly Tyr Lys Leu Pro Asp

1 5 10 15

Leu Cys Thr Glu Leu Asn Thr Ser Leu Gln Asp Ile Glu Ile Thr Cys

20 25 30

Val Tyr Cys Lys Thr Val Leu Glu Leu Thr Glu Val Phe Glu Lys Asp

35 40 45

Leu Phe Val Val Tyr Arg Asp Ser Ile Pro His Ala Ala Cys His Lys

50 55 60

Cys Ile Asp Phe Tyr Ser Arg Ile Arg Glu Leu Arg His Tyr Ser Asp

65 70 75 80

Ser Val Tyr Gly Asp Thr Leu Glu Lys Leu Thr Asn Thr Gly Leu Tyr

85 90 95

Asn Leu Leu Ile Arg Cys Leu Arg Cys Gln Lys Pro Leu Leu Arg His

100 105 110

Leu Asn Glu Lys Arg Arg Phe His Asn Ile Ala Gly His Tyr Arg Gly

115 120 125

Gln Cys His Ser Cys Cys Asn Arg Ala Arg Gln Glu Arg Leu Gln Arg

130 135 140

Arg Arg Glu Thr Gln Val Gly Pro Gly Pro Gly Met His Gly Pro Lys

145 150 155 160

Ala Thr Leu Gln Asp Ile Val Leu His Leu Glu Pro Gln Asn Glu Ile

165 170 175

Pro Val Asp Leu Leu Gly His Gly Gln Leu Ser Asp Ser Glu Glu Glu

180 185 190

Asn Asp Glu Ile Asp Gly Val Asn His Gln His Leu Pro Ala Arg Arg

195 200 205

Ala Glu Pro Gln Arg His Thr Met Leu Cys Met Cys Cys Lys Cys Glu

210 215 220

Ala Arg Ile Glu Leu Val Val Glu Ser Ser Ala Asp Asp Leu Arg Ala

225 230 235 240

Phe Gln Gln Leu Phe Leu Asn Thr Leu Ser Phe Val Cys Pro Trp Cys

245 250 255

Ala Ser Gln Gln

260

<210> 166

<211> 518

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 166

Met His Gln Lys Arg Thr Ala Met Phe Gln Asp Pro Gln Glu Ser Gly

1 5 10 15

Arg Lys Leu Pro Gln Leu Cys Thr Glu Leu Gln Thr Thr Ile His Asp

20 25 30

Ile Ile Leu Glu Cys Val Tyr Cys Lys Gln Gln Leu Leu Arg Arg Glu

35 40 45

Val Tyr Asp Arg Asp Leu Cys Ile Val Tyr Arg Asp Gly Asn Pro Tyr

50 55 60

Ala Val Cys Asp Lys Cys Leu Lys Phe Tyr Ser Lys Ile Ser Glu Tyr

65 70 75 80

Arg His Tyr Cys Tyr Ser Leu Tyr Gly Thr Thr Leu Glu Gln Gln Tyr

85 90 95

Asn Lys Pro Leu Cys Asp Leu Leu Ile Arg Cys Ile Asn Cys Gln Lys

100 105 110

Pro Leu Gln Arg His Leu Asp Lys Lys Gln Arg Phe His Asn Ile Arg

115 120 125

Gly Arg Trp Thr Gly Arg Cys Met Ser Cys Cys Arg Ser Ser Arg Thr

130 135 140

Arg Arg Glu Thr Gln Leu Gly Pro Gly Pro Gly Met Ala Arg Phe Glu

145 150 155 160

Asp Pro Thr Arg Ser Gly Tyr Lys Leu Pro Asp Leu Cys Thr Glu Leu

165 170 175

Asn Thr Ser Leu Gln Asp Ile Glu Ile Thr Cys Val Tyr Cys Lys Thr

180 185 190

Val Leu Glu Leu Thr Glu Val Phe Glu Lys Asp Leu Phe Val Val Tyr

195 200 205

Arg Asp Ser Ile Pro His Ala Ala Cys His Lys Cys Ile Asp Phe Tyr

210 215 220

Ser Arg Ile Arg Glu Leu Arg His Tyr Ser Asp Ser Val Tyr Gly Asp

225 230 235 240

Thr Leu Glu Lys Leu Thr Asn Thr Gly Leu Tyr Asn Leu Leu Ile Arg

245 250 255

Cys Leu Arg Cys Gln Lys Pro Leu Leu Arg His Leu Asn Glu Lys Arg

260 265 270

Arg Phe His Asn Ile Ala Gly His Tyr Arg Gly Gln Cys His Ser Cys

275 280 285

Cys Asn Arg Ala Arg Gln Glu Arg Leu Gln Arg Arg Arg Glu Thr Gln

290 295 300

Val Gly Pro Gly Pro Gly Met His Gly Asp Thr Pro Thr Leu His Glu

305 310 315 320

Tyr Met Leu Asp Leu Gln Pro Glu Thr Thr Asp Leu Tyr Gly Tyr Gly

325 330 335

Gln Leu Asn Asp Ser Ser Glu Glu Glu Asp Glu Ile Asp Gly Pro Ala

340 345 350

Gly Gln Ala Glu Pro Asp Arg Ala His Tyr Asn Ile Val Thr Phe Cys

355 360 365

Cys Lys Cys Asp Ser Thr Leu Arg Leu Cys Val Gln Ser Thr His Val

370 375 380

Asp Ile Arg Thr Leu Glu Asp Leu Leu Met Gly Thr Leu Gly Ile Val

385 390 395 400

Cys Pro Ile Cys Ser Gln Lys Pro Gly Pro Gly Pro Gly Met His Gly

405 410 415

Pro Lys Ala Thr Leu Gln Asp Ile Val Leu His Leu Glu Pro Gln Asn

420 425 430

Glu Ile Pro Val Asp Leu Leu Gly His Gly Gln Leu Ser Asp Ser Glu

435 440 445

Glu Glu Asn Asp Glu Ile Asp Gly Val Asn His Gln His Leu Pro Ala

450 455 460

Arg Arg Ala Glu Pro Gln Arg His Thr Met Leu Cys Met Cys Cys Lys

465 470 475 480

Cys Glu Ala Arg Ile Glu Leu Val Val Glu Ser Ser Ala Asp Asp Leu

485 490 495

Arg Ala Phe Gln Gln Leu Phe Leu Asn Thr Leu Ser Phe Val Cys Pro

500 505 510

Trp Cys Ala Ser Gln Gln

515

<210> 167

<211> 158

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 167

Met Gln Ala Glu Gly Arg Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gly Asp Ala Asp

1 5 10 15

Gly Pro Gly Gly Pro Gly Ile Pro Asp Gly Pro Gly Gly Asn Ala Gly

20 25 30

Gly Pro Gly Glu Ala Gly Ala Thr Gly Gly Arg Gly Pro Arg Gly Ala

35 40 45

Gly Ala Ala Arg Ala Ser Gly Pro Gly Gly Gly Ala Pro Arg Gly Pro

50 55 60

His Gly Gly Ala Ala Ser Gly Leu Asn Gly Cys Cys Arg Cys Gly Ala

65 70 75 80

Arg Gly Pro Glu Ser Arg Leu Leu Glu Phe Tyr Leu Ala Met Pro Phe

85 90 95

Ala Thr Pro Met Glu Ala Glu Leu Ala Arg Arg Ser Leu Ala Gln Asp

100 105 110

Ala Pro Pro Leu Pro Val Pro Gly Val Leu Leu Lys Glu Phe Thr Val

115 120 125

Ser Gly Asn Ile Leu Thr Ile Arg Leu Thr Ala Ala Asp His Arg Gln

130 135 140

Leu Gln Leu Ser Ile Ser Ser Cys Leu Gln Gln Gln Arg Arg

145 150 155

<210> 168

<211> 79

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 168

Ala Arg Gly Pro Glu Ser Arg Leu Leu Glu Phe Tyr Leu Ala Met Pro

1 5 10 15

Phe Ala Thr Pro Met Glu Ala Glu Leu Ala Arg Arg Ser Leu Ala Gln

20 25 30

Asp Ala Pro Pro Leu Pro Val Pro Gly Val Leu Leu Lys Glu Phe Thr

35 40 45

Val Ser Gly Asn Ile Leu Thr Ile Arg Leu Thr Ala Ala Asp His Arg

50 55 60

Gln Leu Gln Leu Ser Ile Ser Ser Cys Leu Gln Gln Gln Arg Arg

65 70 75

<210> 169

<211> 641

<212> PRT

<213> Human gammaherpesvirus 4

<400> 169

Met Ser Asp Glu Gly Pro Gly Thr Gly Pro Gly Asn Gly Leu Gly Glu
1 5 10 15

Lys Gly Asp Thr Ser Gly Pro Glu Gly Ser Gly Gly Ser Gly Pro Gln

20 25 30

Arg Arg Gly Gly Asp Asn His Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly
35 40 45

Arg Gly Gly Gly Arg Pro Gly Ala Pro Gly Gly Ser Gly Ser Gly Pro
50 55 60

Arg His Arg Asp Gly Val Arg Arg Pro Gln Lys Arg Pro Ser Cys Ile
65 70 75 80

Gly Cys Lys Gly Thr His Gly Gly Thr Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly

85 90 95

Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly
100 105 110

Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly
115 120 125

Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala
130 135 140

Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly

145 150 155 160

Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Gly
165 170 175

Ala Gly Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Gly Gly
180 185 190

Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly
195 200 205

Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala

210 215 220

Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala

225 230 235 240

Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly

245 250 255

Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly

260 265 270

Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly

275 280 285

Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly

290 295 300

Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly

305 310 315 320

Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Gly Arg Gly Arg Gly Gly Ser Gly Gly

325 330 335

Arg Gly Arg Gly Gly Ser Gly Gly Arg Gly Arg Gly Gly Ser Gly Gly

340 345 350

Arg Arg Gly Arg Gly Arg Glu Arg Ala Arg Gly Gly Ser Arg Glu Arg

355 360 365

Ala Arg Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly Glu Lys Arg Pro Arg Ser Pro

370 375 380

Ser Ser Gln Ser Ser Ser Ser Gly Ser Pro Pro Arg Arg Pro Pro Pro

385 390 395 400

Gly Arg Arg Pro Phe Phe His Pro Val Gly Glu Ala Asp Tyr Phe Glu

405 410 415

Tyr His Gln Glu Gly Gly Pro Asp Gly Glu Pro Asp Val Pro Pro Gly

420 425 430

Ala Ile Glu Gln Gly Pro Ala Asp Asp Pro Gly Glu Gly Pro Ser Thr

435 440 445

Gly Pro Arg Gly Gln Gly Asp Gly Gly Arg Arg Lys Lys Gly Gly Trp

450 455 460

Phe Gly Lys His Arg Gly Gln Gly Gly Ser Asn Pro Lys Phe Glu Asn

465 470 475 480

Ile Ala Glu Gly Leu Arg Ala Leu Leu Ala Arg Ser His Val Glu Arg

485 490 495

Thr Thr Asp Glu Gly Thr Trp Val Ala Gly Val Phe Val Tyr Gly Gly

500 505 510

Ser Lys Thr Ser Leu Tyr Asn Leu Arg Arg Gly Thr Ala Leu Ala Ile

515 520 525

Pro Gln Cys Arg Leu Thr Pro Leu Ser Arg Leu Pro Phe Gly Met Ala

530 535 540

Pro Gly Pro Gly Pro Gln Pro Gly Pro Leu Arg Glu Ser Ile Val Cys

545 550 555 560

Tyr Phe Met Val Phe Leu Gln Thr His Ile Phe Ala Glu Val Leu Lys

565 570 575

Asp Ala Ile Lys Asp Leu Val Met Thr Lys Pro Ala Pro Thr Cys Asn

580 585 590

Ile Arg Val Thr Val Cys Ser Phe Asp Asp Gly Val Asp Leu Pro Pro

595 600 605

Trp Phe Pro Pro Met Val Glu Gly Ala Ala Ala Glu Gly Asp Asp Gly

610 615 620

Asp Asp Gly Asp Glu Gly Gly Asp Gly Asp Glu Gly Glu Glu Gly Gln

625 630 635 640

Glu

<210> 170

<211> 391

<212> PRT

<213> Human gammaherpesvirus 4

<400> 170

Met Ser Asp Glu Gly Pro Gly Thr Gly Pro Gly Asn Gly Leu Gly Glu

1 5 10 15

Lys Gly Asp Thr Ser Gly Pro Glu Gly Ser Gly Gly Ser Gly Pro Gln

20 25 30

Arg Arg Gly Gly Asp Asn His Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly

35 40 45

Arg Gly Gly Gly Arg Pro Gly Ala Pro Gly Gly Ser Gly Ser Gly Pro

50 55 60

Arg His Arg Asp Gly Val Arg Arg Pro Gln Lys Arg Pro Ser Cys Ile

65 70 75 80

Gly Cys Lys Gly Thr His Arg Gly Arg Gly Gly Ser Gly Gly Arg Gly

85 90 95

Arg Gly Gly Ser Gly Gly Arg Arg Gly Arg Gly Arg Glu Arg Ala Arg

100 105 110

Gly Gly Ser Arg Glu Arg Ala Arg Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly Glu

115 120 125

Lys Arg Pro Arg Ser Pro Ser Ser Gln Ser Ser Ser Ser Gly Ser Pro

130 135 140

Pro Arg Arg Pro Pro Pro Gly Arg Arg Pro Phe Phe His Pro Val Gly

145 150 155 160

Glu Ala Asp Tyr Phe Glu Tyr His Gln Glu Gly Gly Pro Asp Gly Glu

165 170 175

Pro Asp Val Pro Pro Gly Ala Ile Glu Gln Gly Pro Ala Asp Asp Pro

180 185 190

Gly Glu Gly Pro Ser Thr Gly Pro Arg Gly Gln Gly Asp Gly Gly Arg

195 200 205

Arg Lys Lys Gly Gly Trp Phe Gly Lys His Arg Gly Gln Gly Gly Ser

210 215 220

Asn Pro Lys Phe Glu Asn Ile Ala Glu Gly Leu Arg Ala Leu Leu Ala

225 230 235 240

Arg Ser His Val Glu Arg Thr Thr Asp Glu Gly Thr Trp Val Ala Gly

245 250 255

Val Phe Val Tyr Gly Gly Ser Lys Thr Ser Leu Tyr Asn Leu Arg Arg

260 265 270

Gly Thr Ala Leu Ala Ile Pro Gln Cys Arg Leu Thr Pro Leu Ser Arg
275 280 285
Leu Pro Phe Gly Met Ala Pro Gly Pro Gly Pro Gln Pro Gly Pro Leu
290 295 300
Arg Glu Ser Ile Val Cys Tyr Phe Met Val Phe Leu Gln Thr His Ile
305 310 315 320
Phe Ala Glu Val Leu Lys Asp Ala Ile Lys Asp Leu Val Met Thr Lys
325 330 335

Pro Ala Pro Thr Cys Asn Ile Arg Val Thr Val Cys Ser Phe Asp Asp
340 345 350
Gly Val Asp Leu Pro Pro Trp Phe Pro Pro Met Val Glu Gly Ala Ala
355 360 365
Ala Glu Gly Asp Asp Gly Asp Asp Gly Asp Glu Gly Gly Asp Gly Asp
370 375 380
Glu Gly Glu Glu Gly Gln Glu
385 390

<210> 171
<211> 860
<212> PRT
<213> Human gammaherpesvirus 4

<400> 171
Met Glu Ala Ala Leu Leu Val Cys Gln Tyr Thr Ile Gln Ser Leu Ile
1 5 10 15
His Leu Thr Gly Glu Asp Pro Gly Phe Phe Asn Val Glu Ile Pro Glu
20 25 30
Phe Pro Phe Tyr Pro Thr Cys Asn Val Cys Thr Ala Asp Val Asn Val
35 40 45
Thr Ile Asn Phe Asp Val Gly Gly Lys Lys His Gln Leu Asp Leu Asp
50 55 60

Phe Gly Gln Leu Thr Pro His Thr Lys Ala Val Tyr Gln Pro Arg Gly
65 70 75 80
Ala Phe Gly Gly Ser Glu Asn Ala Thr Asn Leu Phe Leu Leu Glu Leu

85 90 95

Leu Gly Ala Gly Glu Leu Ala Leu Thr Met Arg Ser Lys Lys Leu Pro

100 105 110

Ile Asn Val Thr Thr Gly Glu Glu Gln Gln Val Ser Leu Glu Ser Val

115 120 125

Asp Val Tyr Phe Gln Asp Val Phe Gly Thr Met Trp Cys His His Ala

130 135 140

Glu Met Gln Asn Pro Val Tyr Leu Ile Pro Glu Thr Val Pro Tyr Ile

145 150 155 160

Lys Trp Asp Asn Cys Asn Ser Thr Asn Ile Thr Ala Val Val Arg Ala

165 170 175

Gln Gly Leu Asp Val Thr Leu Pro Leu Ser Leu Pro Thr Ser Ala Gln

180 185 190

Asp Ser Asn Phe Ser Val Lys Thr Glu Met Leu Gly Asn Glu Ile Asp

195 200 205

Ile Glu Cys Ile Met Glu Asp Gly Glu Ile Ser Gln Val Leu Pro Gly

210 215 220

Asp Asn Lys Phe Asn Ile Thr Cys Ser Gly Tyr Glu Ser His Val Pro

225 230 235 240

Ser Gly Gly Ile Leu Thr Ser Thr Ser Pro Val Ala Thr Pro Ile Pro

245 250 255

Gly Thr Gly Tyr Ala Tyr Ser Leu Arg Leu Thr Pro Arg Pro Val Ser

260 265 270

Arg Phe Leu Gly Asn Asn Ser Ile Leu Tyr Val Phe Tyr Ser Gly Asn

275 280 285

Gly Pro Lys Ala Ser Gly Gly Asp Tyr Cys Ile Gln Ser Asn Ile Val

290 295 300

Phe Ser Asp Glu Ile Pro Ala Ser Gln Asp Met Pro Thr Asn Thr Thr

305 310 315 320

Asp Ile Thr Tyr Val Gly Asp Asn Ala Thr Tyr Ser Val Pro Met Val

325 330 335

Thr Ser Glu Asp Ala Asn Ser Pro Asn Val Thr Val Thr Ala Phe Trp
340 345 350
Ala Trp Pro Asn Asn Thr Glu Thr Asp Phe Lys Cys Lys Trp Thr Leu
355 360 365
Thr Ser Gly Thr Pro Ser Gly Cys Glu Asn Ile Ser Gly Ala Phe Ala
370 375 380

Ser Asn Arg Thr Phe Asp Ile Thr Val Ser Gly Leu Gly Thr Ala Pro
385 390 395 400
Lys Thr Leu Ile Ile Thr Arg Thr Ala Thr Asn Ala Thr Thr Thr Thr
405 410 415
His Lys Val Ile Phe Ser Lys Ala Pro Glu Ser Thr Thr Thr Ser Pro
420 425 430
Thr Leu Asn Thr Thr Gly Phe Ala Asp Pro Asn Thr Thr Thr Gly Leu
435 440 445

Pro Ser Ser Thr His Val Pro Thr Asn Leu Thr Ala Pro Ala Ser Thr
450 455 460
Gly Pro Thr Val Ser Thr Ala Asp Val Thr Ser Pro Thr Pro Ala Gly
465 470 475 480
Thr Thr Ser Gly Ala Ser Pro Val Thr Pro Ser Pro Ser Pro Trp Asp
485 490 495
Asn Gly Thr Glu Ser Lys Ala Pro Asp Met Thr Ser Ser Thr Ser Pro
500 505 510

Val Thr Thr Pro Thr Pro Asn Ala Thr Ser Pro Thr Pro Ala Val Thr
515 520 525
Thr Pro Thr Pro Asn Ala Thr Ser Pro Thr Pro Ala Val Thr Thr Pro
530 535 540
Thr Pro Asn Ala Thr Ser Pro Thr Leu Gly Lys Thr Ser Pro Thr Ser
545 550 555 560
Ala Val Thr Thr Pro Thr Pro Asn Ala Thr Ser Pro Thr Leu Gly Lys
565 570 575

Thr Ser Pro Thr Ser Ala Val Thr Thr Pro Thr Pro Asn Ala Thr Ser

580 585 590

Pro Thr Leu Gly Lys Thr Ser Pro Thr Ser Ala Val Thr Thr Pro Thr

595 600 605

Pro Asn Ala Thr Gly Pro Thr Val Gly Glu Thr Ser Pro Gln Ala Asn

610 615 620

Ala Thr Asn His Thr Leu Gly Gly Thr Ser Pro Thr Pro Val Val Thr

625 630 635 640

Ser Gln Pro Lys Asn Ala Thr Ser Ala Val Thr Thr Gly Gln His Asn

645 650 655

Ile Thr Ser Ser Ser Thr Ser Ser Met Ser Leu Arg Pro Ser Ser Asn

660 665 670

Pro Glu Thr Leu Ser Pro Ser Thr Ser Asp Asn Ser Thr Ser His Met

675 680 685

Pro Leu Leu Thr Ser Ala His Pro Thr Gly Gly Glu Asn Ile Thr Gln

690 695 700

Val Thr Pro Ala Ser Ile Ser Thr His His Val Ser Thr Ser Ser Pro

705 710 715 720

Ala Pro Arg Pro Gly Thr Thr Ser Gln Ala Ser Gly Pro Gly Asn Ser

725 730 735

Ser Thr Ser Thr Lys Pro Gly Glu Val Asn Val Thr Lys Gly Thr Pro

740 745 750

Pro Gln Asn Ala Thr Ser Pro Gln Ala Pro Ser Gly Gln Lys Thr Ala

755 760 765

Val Pro Thr Val Thr Ser Thr Gly Gly Lys Ala Asn Ser Thr Thr Gly

770 775 780

Gly Lys His Thr Thr Gly His Gly Ala Arg Thr Ser Thr Glu Pro Thr

785 790 795 800

Thr Asp Tyr Gly Gly Asp Ser Thr Thr Pro Arg Pro Arg Tyr Asn Ala

805 810 815

Thr Thr Tyr Leu Pro Pro Ser Thr Ser Ser Lys Leu Arg Pro Arg Trp

820 825 830

Thr Phe Thr Ser Pro Pro Val Thr Thr Ala Gln Ala Thr Val Pro Val

835 840 845

Pro Pro Thr Ser Gln Pro Arg Phe Ser Asn Leu Ser

850 855 860

<210> 172

<211> 497

<212> PRT

<213> Human gammaherpesvirus 4

<400> 172

Met Gly Ser Leu Glu Met Val Pro Met Gly Ala Gly Pro Pro Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Asp Pro Asp Gly Tyr Asp Gly Gly Asn Asn Ser Gln Tyr Pro

20 25 30

Ser Ala Ser Gly Ser Ser Gly Asn Thr Pro Thr Pro Pro Asn Asp Glu

35 40 45

Glu Arg Glu Ser Asn Glu Glu Pro Pro Pro Pro Tyr Glu Asp Pro Tyr

50 55 60

Trp Gly Asn Gly Asp Arg His Ser Asp Tyr Gln Pro Leu Gly Thr Gln

65 70 75 80

Asp Gln Ser Leu Tyr Leu Gly Leu Gln His Asp Gly Asn Asp Gly Leu

85 90 95

Pro Pro Pro Pro Tyr Ser Pro Arg Asp Asp Ser Ser Gln His Ile Tyr

100 105 110

Glu Glu Ala Gly Arg Gly Ser Met Asn Pro Val Cys Leu Pro Val Ile

115 120 125

Val Ala Pro Tyr Leu Phe Trp Leu Ala Ala Ile Ala Ala Ser Cys Phe

130 135 140

Thr Ala Ser Val Ser Thr Val Val Thr Ala Thr Gly Leu Ala Leu Ser

145 150 155 160

Leu Leu Leu Leu Ala Ala Val Ala Ser Ser Tyr Ala Ala Ala Gln Arg

165 170 175

Lys Leu Leu Thr Pro Val Thr Val Leu Thr Ala Val Val Thr Phe Phe

180 185 190

Ala Ile Cys Leu Thr Trp Arg Ile Glu Asp Pro Pro Phe Asn Ser Leu

195 200 205

Leu Phe Ala Leu Leu Ala Ala Ala Gly Gly Leu Gln Gly Ile Tyr Val

210 215 220

Leu Val Met Leu Val Leu Leu Ile Leu Ala Tyr Arg Arg Arg Trp Arg

225 230 235 240

Arg Leu Thr Val Cys Gly Gly Ile Met Phe Leu Ala Cys Val Leu Val

245 250 255

Leu Ile Val Asp Ala Val Leu Gln Leu Ser Pro Leu Leu Gly Ala Val

260 265 270

Thr Val Val Ser Met Thr Leu Leu Leu Leu Ala Phe Val Leu Trp Leu

275 280 285

Ser Ser Pro Gly Gly Leu Gly Thr Leu Gly Ala Ala Leu Leu Thr Leu

290 295 300

Ala Ala Ala Leu Ala Leu Leu Ala Ser Leu Ile Leu Gly Thr Leu Asn

305 310 315 320

Leu Thr Thr Met Phe Leu Leu Met Leu Leu Trp Thr Leu Val Val Leu

325 330 335

Leu Ile Cys Ser Ser Cys Ser Ser Cys Pro Leu Ser Lys Ile Leu Leu

340 345 350

Ala Arg Leu Phe Leu Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ala

355 360 365

Leu Ile Ala Gly Gly Ser Ile Leu Gln Thr Asn Phe Lys Ser Leu Ser

370 375 380

Ser Thr Glu Phe Ile Pro Asn Leu Phe Cys Met Leu Leu Leu Ile Val

385 390 395 400

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

405 410 415

Asn Arg Thr Tyr Gly Pro Val Phe Met Cys Leu Gly Gly Leu Leu Thr

420 425 430

Met Val Ala Gly Ala Val Trp Leu Thr Val Met Ser Asn Thr Leu Leu
435 440 445

Ser Ala Trp Ile Leu Thr Ala Gly Phe Leu Ile Phe Leu Ile Gly Phe
450 455 460

Ala Leu Phe Gly Val Ile Arg Cys Cys Arg Tyr Cys Cys Tyr Tyr Cys

465 470 475 480

Leu Thr Leu Glu Ser Glu Glu Arg Pro Pro Thr Pro Tyr Arg Asn Thr
485 490 495

Val

<210> 173

<211> 540

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 173

Ala Gln Pro Pro Pro Pro Pro Pro Asp Ala Thr Cys His Gln Val Arg
1 5 10 15

Ser Phe Phe Gln Arg Leu Gln Pro Gly Leu Lys Trp Val Pro Glu Thr
20 25 30

Pro Val Pro Gly Ser Asp Leu Gln Val Cys Leu Pro Lys Gly Pro Thr
35 40 45

Cys Cys Ser Arg Lys Met Glu Glu Lys Tyr Gln Leu Thr Ala Arg Leu
50 55 60

Asn Met Glu Gln Leu Leu Gln Ser Ala Ser Met Glu Leu Lys Phe Leu
65 70 75 80

Ile Ile Gln Asn Ala Ala Val Phe Gln Glu Ala Phe Glu Ile Val Val
85 90 95

Arg His Ala Lys Asn Tyr Thr Asn Ala Met Phe Lys Asn Asn Tyr Pro
100 105 110

Ser Leu Thr Pro Gln Ala Phe Glu Phe Val Gly Glu Phe Phe Thr Asp
115 120 125

Val Ser Leu Tyr Ile Leu Gly Ser Asp Ile Asn Val Asp Asp Met Val
130 135 140

Asn Glu Leu Phe Asp Ser Leu Phe Pro Val Ile Tyr Thr Gln Leu Met
145 150 155 160

Asn Pro Gly Leu Pro Asp Ser Ala Leu Asp Ile Asn Glu Cys Leu Arg
165 170 175

Gly Ala Arg Arg Asp Leu Lys Val Phe Gly Asn Phe Pro Lys Leu Ile
180 185 190

Met Thr Gln Val Ser Lys Ser Leu Gln Val Thr Arg Ile Phe Leu Gln
195 200 205

Ala Leu Asn Leu Gly Ile Glu Val Ile Asn Thr Thr Asp His Leu Lys
210 215 220

Phe Ser Lys Asp Cys Gly Arg Met Leu Thr Arg Met Trp Tyr Cys Ser
225 230 235 240

Tyr Cys Gln Gly Leu Met Met Val Lys Pro Cys Gly Gly Tyr Cys Asn
245 250 255

Val Val Met Gln Gly Cys Met Ala Gly Val Val Glu Ile Asp Lys Tyr
260 265 270

Trp Arg Glu Tyr Ile Leu Ser Leu Glu Glu Leu Val Asn Gly Met Tyr
275 280 285

Arg Ile Tyr Asp Met Glu Asn Val Leu Leu Gly Leu Phe Ser Thr Ile
290 295 300

His Asp Ser Ile Gln Tyr Val Gln Lys Asn Ala Gly Lys Leu Thr Thr
305 310 315 320

Thr Ile Gly Lys Leu Cys Ala His Ser Gln Gln Arg Gln Tyr Arg Ser
325 330 335

Ala Tyr Tyr Pro Glu Asp Leu Phe Ile Asp Lys Lys Val Leu Lys Val
340 345 350

Ala His Val Glu His Glu Glu Thr Leu Ser Ser Arg Arg Arg Glu Leu
355 360 365

Ile Gln Lys Leu Lys Ser Phe Ile Ser Phe Tyr Ser Ala Leu Pro Gly
370 375 380

Tyr Ile Cys Ser His Ser Pro Val Ala Glu Asn Asp Thr Leu Cys Trp

385 390 395 400

Asn Gly Gln Glu Leu Val Glu Arg Tyr Ser Gln Lys Ala Ala Arg Asn

405 410 415

Gly Met Lys Asn Gln Phe Asn Leu His Glu Leu Lys Met Lys Gly Pro

420 425 430

Glu Pro Val Val Ser Gln Ile Ile Asp Lys Leu Lys His Ile Asn Gln

435 440 445

Leu Leu Arg Thr Met Ser Met Pro Lys Gly Arg Val Leu Asp Lys Asn

450 455 460

Leu Asp Glu Glu Gly Phe Glu Ser Gly Asp Cys Gly Asp Asp Glu Asp

465 470 475 480

Glu Cys Ile Gly Gly Ser Gly Asp Gly Met Ile Lys Val Lys Asn Gln

485 490 495

Leu Arg Phe Leu Ala Glu Leu Ala Tyr Asp Leu Asp Val Asp Asp Ala

500 505 510

Pro Gly Asn Ser Gln Gln Ala Thr Pro Lys Asp Asn Glu Ile Ser Thr

515 520 525

Phe His Asn Leu Gly Asn Val His Ser Pro Leu Lys

530 535 540

<210> 174

<

211> 192

<212> PRT

<213> Hepatitis B virus

<220><221> SITE

<222> (192)..(192)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 174

Met Gln Trp Asn Ser Thr Thr Phe His Gln Thr Leu Gln Asp Pro Arg

1 5 10 15

Val Arg Gly Leu Tyr Phe Pro Ala Gly Gly Ser Ser Ser Gly Thr Val

20 25 30

Asn Pro Val Leu Thr Thr Ala Ser Pro Leu Ser Ser Ile Phe Ser Arg

35 40 45

Ile Gly Asp Pro Ala Leu Asn Met Glu Asn Ile Thr Ser Gly Thr Ile
50 55 60
Pro Gln Ser Leu Asp Ser Trp Trp Thr Ser Leu Asn Phe Leu Gly Gly
65 70 75 80
Thr Thr Val Cys Leu Gly Gln Asn Ser Gln Ser Pro Thr Ser Asn His
85 90 95
Ser Pro Thr Ser Cys Pro Pro Thr Cys Pro Gly Tyr Arg Trp Met Cys
100 105 110

Leu Arg Arg Asp Tyr Gln Gly Met Leu Pro Val Cys Pro Leu Ile Pro
115 120 125
Gly Ser Ser Thr Thr Ser Thr Gly Pro Cys Arg Thr Cys Met Thr Thr
130 135 140
Ala Gln Gly Thr Ser Met Tyr Pro Ser Cys Cys Cys Thr Lys Pro Ser
145 150 155 160
Asp Gly Asn Cys Thr Cys Ile Pro Ile Pro Ser Ser Trp Ala Phe Gly
165 170 175

Lys Phe Leu Trp Glu Trp Ala Ser Ala Arg Tyr Trp Gly Pro Ser Xaa
180 185 190

<210> 175
<211> 120
<212> PRT
<213> Hepatitis B virus
<400> 175
Met Ala Ala Arg Leu Cys Cys Gln Leu Asp Pro Ala Arg Asp Val Leu
1 5 10 15
Cys Leu Arg Pro Val Gly Ala Glu Ser Arg Gly Arg Pro Leu Ser Gly
20 25 30
Pro Leu Gly Ala Leu Pro Ser Pro Ser Pro Ser Ala Val Pro Ala Asp

35 40 45
His Gly Ala His Leu Ser Leu Arg Gly Leu Pro Val Cys Ala Phe Ser

50 55 60

Ser Ala Gly Pro Cys Ala Leu Arg Phe Thr Ser Ala Arg Arg Met Glu

65 70 75 80

Thr Thr Val Asn Ala His Gln Ile Leu Pro Lys Val Leu His Lys Arg

85 90 95

Thr Phe Gly Leu Ser Ala Met Ser Thr Thr Asp Leu Glu Ala Tyr Phe

100 105 110

Lys Asp Cys Val Phe Lys Asp Trp

115 120

<210> 176

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 176

Met Met Thr Gly Thr Ile Glu Thr Thr Gly Asn Ile Ser Ala Glu Lys

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ile Ile Leu Gln Cys His Leu Ser Ser Thr Thr Ala Gln

20 25 30

Val Thr Gln Val Asn Trp Glu Gln Gln Asp Gln Leu Leu Ala Ile Cys

35 40 45

Asn Ala Asp Leu Gly Trp His Ile Ser Pro Ser Phe Lys Asp Arg Val

50 55 60

Ala Pro Gly Pro Gly Leu Gly Leu Thr Leu Gln Ser Leu Thr Val Asn

65 70 75 80

Asp Thr Gly Glu Tyr Phe Cys Ile Tyr His Thr Tyr Pro Asp Gly Thr

85 90 95

Tyr Thr Gly Arg Ile Phe Leu Glu Val Leu Glu Ser Ser Val Ala Glu

100 105 110

His Gly Ala Arg Phe Gln Ile Pro

115 120

<210> 177

<211> 289

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 177

Glu Asp Gly Gly Pro Ala Cys Tyr Gly Gly Phe Asp Leu Tyr Phe Ile
1 5 10 15

Leu Asp Lys Ser Gly Ser Val Leu His His Trp Asn Glu Ile Tyr Tyr
20 25 30

Phe Val Glu Gln Leu Ala His Lys Phe Ile Ser Pro Gln Leu Arg Met
35 40 45

Ser Phe Ile Val Phe Ser Thr Arg Gly Thr Thr Leu Met Lys Leu Thr
50 55 60

Glu Asp Arg Glu Gln Ile Arg Gln Gly Leu Glu Glu Leu Gln Lys Val
65 70 75 80

Leu Pro Gly Gly Asp Thr Tyr Met His Glu Gly Phe Glu Arg Ala Ser
85 90 95

Glu Gln Ile Tyr Tyr Glu Asn Arg Gln Gly Tyr Arg Thr Ala Ser Val
100 105 110

Ile Ile Ala Leu Thr Asp Gly Glu Leu His Glu Asp Leu Phe Phe Tyr
115 120 125

Ser Glu Arg Glu Ala Asn Arg Ser Arg Asp Leu Gly Ala Ile Val Tyr
130 135 140

Cys Val Gly Val Lys Asp Phe Asn Glu Thr Gln Leu Ala Arg Ile Ala
145 150 155 160

Asp Ser Lys Asp His Val Phe Pro Val Asn Asp Gly Phe Gln Ala Leu
165 170 175

Gln Gly Ile Ile His Ser Ile Leu Lys Lys Ser Cys Ile Glu Ile Leu
180 185 190

Ala Ala Glu Pro Ser Thr Ile Cys Ala Gly Glu Ser Phe Gln Val Val
195 200 205

Val Arg Gly Asn Gly Phe Arg His Ala Arg Asn Val Asp Arg Val Leu
210 215 220

Cys Ser Phe Lys Ile Asn Asp Ser Val Thr Leu Asn Glu Lys Pro Phe

225 230 235 240

Ser Val Glu Asp Thr Tyr Leu Leu Cys Pro Ala Pro Ile Leu Lys Glu

245 250 255

Val Gly Met Lys Ala Ala Leu Gln Val Ser Met Asn Asp Gly Leu Ser

260 265 270

Phe Ile Ser Ser Ser Val Ile Ile Thr Thr Thr His Cys Ser Asp Gly

275 280 285

Ser

<210> 178

<211> 719

<212> PRT

<213

> Homo sapiens

<400> 178

Gln Asp Pro Trp Ala Ala Glu Pro Arg Ala Ala Cys Gly Pro Ser Ser

1 5 10 15

Cys Tyr Ala Leu Phe Pro Arg Arg Arg Thr Phe Leu Glu Ala Trp Arg

20 25 30

Ala Cys Arg Glu Leu Gly Gly Asp Leu Ala Thr Pro Arg Thr Pro Glu

35 40 45

Glu Ala Gln Arg Val Asp Ser Leu Val Gly Ala Gly Pro Ala Ser Arg

50 55 60

Leu Leu Trp Ile Gly Leu Gln Arg Gln Ala Arg Gln Cys Gln Leu Gln

65 70 75 80

Arg Pro Leu Arg Gly Phe Thr Trp Thr Thr Gly Asp Gln Asp Thr Ala

85 90 95

Phe Thr Asn Trp Ala Gln Pro Ala Ser Gly Gly Pro Cys Pro Ala Gln

100 105 110

Arg Cys Val Ala Leu Glu Ala Ser Gly Glu His Arg Trp Leu Glu Gly

115 120 125

Ser Cys Thr Leu Ala Val Asp Gly Tyr Leu Cys Gln Phe Gly Phe Glu

130 135 140

Gly Ala Cys Pro Ala Leu Gln Asp Glu Ala Gly Gln Ala Gly Pro Ala
145 150 155 160

Val Tyr Thr Thr Pro Phe His Leu Val Ser Thr Glu Phe Glu Trp Leu
165 170 175

Pro Phe Gly Ser Val Ala Ala Val Gln Cys Gln Ala Gly Arg Gly Ala
180 185 190

Ser Leu Leu Cys Val Lys Gln Pro Glu Gly Gly Val Gly Trp Ser Arg
195 200 205

Ala Gly Pro Leu Cys Leu Gly Thr Gly Cys Ser Pro Asp Asn Gly Gly
210 215 220

Cys Glu His Glu Cys Val Glu Glu Val Asp Gly His Val Ser Cys Arg
225 230 235 240

Cys Thr Glu Gly Phe Arg Leu Ala Ala Asp Gly Arg Ser Cys Glu Asp
245 250 255

Pro Cys Ala Gln Ala Pro Cys Glu Gln Gln Cys Glu Pro Gly Gly Pro
260 265 270

Gln Gly Tyr Ser Cys His Cys Arg Leu Gly Phe Arg Pro Ala Glu Asp
275 280 285

Asp Pro His Arg Cys Val Asp Thr Asp Glu Cys Gln Ile Ala Gly Val
290 295 300

Cys Gln Gln Met Cys Val Asn Tyr Val Gly Gly Phe Glu Cys Tyr Cys
305 310 315 320

Ser Glu Gly His Glu Leu Glu Ala Asp Gly Ile Ser Cys Ser Pro Ala
325 330 335

Gly Ala Met Gly Ala Gln Ala Ser Gln Asp Leu Gly Asp Glu Leu Leu
340 345 350

Asp Asp Gly Glu Asp Glu Glu Asp Glu Asp Glu Ala Trp Lys Ala Phe
355 360 365

Asn Gly Gly Trp Thr Glu Met Pro Gly Ile Leu Trp Met Glu Pro Thr
370 375 380

Gln Pro Pro Asp Phe Ala Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Glu Asp
385 390 395 400
Arg Glu Pro Gln Ile Pro Tyr Pro Glu Pro Thr Trp Pro Pro Pro Leu
405 410 415
Ser Ala Pro Arg Val Pro Tyr His Ser Ser Val Leu Ser Val Thr Arg
420 425 430
Pro Val Val Val Ser Ala Thr His Pro Thr Leu Pro Ser Ala His Gln
435 440 445

Pro Pro Val Ile Pro Ala Thr His Pro Ala Leu Ser Arg Asp His Gln
450 455 460
Ile Pro Val Ile Ala Ala Asn Tyr Pro Asp Leu Pro Ser Ala Tyr Gln
465 470 475 480
Pro Gly Ile Leu Ser Val Ser His Ser Ala Gln Pro Pro Ala His Gln
485 490 495
Pro Pro Met Ile Ser Thr Lys Tyr Pro Glu Leu Phe Pro Ala His Gln
500 505 510

Ser Pro Met Phe Pro Asp Thr Arg Val Ala Gly Thr Gln Thr Thr Thr
515 520 525
His Leu Pro Gly Ile Pro Pro Asn His Ala Pro Leu Val Thr Thr Leu
530 535 540
Gly Ala Gln Leu Pro Pro Gln Ala Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg Thr
545 550 555 560
Gln Ala Thr Gln Leu Pro Ile Ile Pro Thr Ala Gln Pro Ser Leu Thr
565 570 575

Thr Thr Ser Arg Ser Pro Val Ser Pro Ala His Gln Ile Ser Val Pro
580 585 590
Ala Ala Thr Gln Pro Ala Ala Leu Pro Thr Leu Leu Pro Ser Gln Ser
595 600 605
Pro Thr Asn Gln Thr Ser Pro Ile Ser Pro Thr His Pro His Ser Lys
610 615 620
Ala Pro Gln Ile Pro Arg Glu Asp Gly Pro Ser Pro Lys Leu Ala Leu

625 630 635 640

Trp Leu Pro Ser Pro Ala Pro Thr Ala Ala Pro Thr Ala Leu Gly Glu
645 650 655
Ala Gly Leu Ala Glu His Ser Gln Arg Asp Asp Arg Trp Leu Tyr Cys
660 665 670
Thr Arg Cys Gly Pro His Ala Pro Asn Lys Arg Ile Thr Asp Cys Tyr
675 680 685
Arg Trp Val Ile His Ala Gly Ser Lys Ser Pro Thr Glu Pro Met Pro
690 695 700

Pro Arg Gly Ser Leu Thr Gly Val Gln Thr Cys Arg Thr Ser Val
705 710 715

<210> 179
<211> 653
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Construct
<400> 179
Thr Gln Val Cys Thr Gly Thr Asp Met Lys Leu Arg Leu Pro Ala Ser
1 5 10 15
Pro Glu Thr His Leu Asp Met Leu Arg His Leu Tyr Gln Gly Cys Gln
20 25 30
Val Val Gln Gly Asn Leu Glu Leu Thr Tyr Leu Pro Thr Asn Ala Ser

35 40 45
Leu Ser Phe Leu Gln Asp Ile Gln Glu Val Gln Gly Tyr Val Leu Ile
50 55 60
Ala His Asn Gln Val Arg Gln Val Pro Leu Gln Arg Leu Arg Ile Val
65 70 75 80
Arg Gly Thr Gln Leu Phe Glu Asp Asn Tyr Ala Leu Ala Val Leu Asp
85 90 95
Asn Gly Asp Pro Leu Asn Asn Thr Thr Pro Val Thr Gly Ala Ser Pro

100 105 110

Gly Gly Leu Arg Glu Leu Gln Leu Arg Ser Leu Thr Glu Ile Leu Lys
115 120 125
Gly Gly Val Leu Ile Gln Arg Asn Pro Gln Leu Cys Tyr Gln Asp Thr
130 135 140
Ile Leu Trp Lys Asp Ile Phe His Lys Asn Asn Gln Leu Ala Leu Thr
145 150 155 160
Leu Ile Asp Thr Asn Arg Ser Arg Ala Cys His Pro Cys Ser Pro Met

165 170 175
Cys Lys Gly Ser Arg Cys Trp Gly Glu Ser Ser Glu Asp Cys Gln Ser
180 185 190
Leu Thr Arg Thr Val Cys Ala Gly Gly Cys Ala Arg Cys Lys Gly Pro
195 200 205
Leu Pro Thr Asp Cys Cys His Glu Gln Cys Ala Ala Gly Cys Thr Gly
210 215 220
Pro Lys His Ser Asp Cys Leu Ala Cys Leu His Phe Asn His Ser Gly

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

290 295 300
Gly Thr Gln Arg Cys Glu Lys Cys Ser Lys Pro Cys Ala Arg Val Cys
305 310 315 320
Tyr Gly Leu Gly Met Glu His Leu Arg Glu Val Arg Ala Val Thr Ser
325 330 335
Ala Asn Ile Gln Glu Phe Ala Gly Cys Lys Lys Ile Phe Gly Ser Leu
340 345 350
Ala Phe Leu Pro Glu Ser Phe Asp Gly Asp Pro Ala Ser Asn Thr Ala

355 360 365

Pro Leu Gln Pro Glu Gln Leu Gln Val Phe Glu Thr Leu Glu Glu Ile

370 375 380

Thr Gly Tyr Leu Tyr Ile Ser Ala Trp Pro Asp Ser Leu Pro Asp Leu

385 390 395 400

Ser Val Phe Gln Asn Leu Gln Val Ile Arg Gly Arg Ile Leu His Asn

405 410 415

Gly Ala Tyr Ser Leu Thr Leu Gln Gly Leu Gly Ile Ser Trp Leu Gly

420 425 430

Leu Arg Ser Leu Arg Glu Leu Gly Ser Gly Leu Ala Leu Ile His His

435 440 445

Asn Thr His Leu Cys Phe Val His Thr Val Pro Trp Asp Gln Leu Phe

450 455 460

Arg Asn Pro His Gln Ala Leu Leu His Thr Ala Asn Arg Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Cys Val Gly Glu Gly Leu Ala Cys His Gln Leu Cys Ala Arg Gly

485 490 495

His Cys Trp Gly Pro Gly Pro Thr Gln Cys Val Asn Cys Ser Gln Phe

500 505 510

Leu Arg Gly Gln Glu Cys Val Glu Glu Cys Arg Val Leu Gln Gly Leu

515 520 525

Pro Arg Glu Tyr Val Asn Ala Arg His Cys Leu Pro Cys His Pro Glu

530 535 540

Cys Gln Pro Gln Asn Gly Ser Val Thr Cys Phe Gly Pro Glu Ala Asp

545 550 555 560

Gln Cys Val Ala Cys Ala His Tyr Lys Asp Pro Pro Phe Cys Val Ala

565 570 575

Arg Cys Pro Ser Gly Val Lys Pro Asp Leu Ser Tyr Met Pro Ile Trp

580 585 590

Lys Phe Pro Asp Glu Glu Gly Ala Cys Gln Pro Cys Pro Ile Asn Cys

595 600 605

Thr His Ser Cys Val Asp Leu Asp Asp Lys Gly Cys Pro Ala Glu Gln

610 615 620

Arg Ala Ser Pro Leu Thr Ser Ile Val Ser Ala Val Val Gly Ile Leu

625 630 635 640

Leu Val Val Val Leu Gly Val Val Phe Gly Ile Leu Ile

645 650

<210> 180

<211> 651

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 180

Lys Leu Thr Ile Glu Ser Thr Pro Phe Asn Val Ala Glu Gly Lys Glu

1 5 10 15

Val Leu Leu Leu Val His Asn Leu Pro Gln His Leu Phe Gly Tyr Ser

20 25 30

Trp Tyr Lys Gly Glu Arg Val Asp Gly Asn Arg Gln Ile Ile Gly Tyr

35 40 45

Val Ile Gly Thr Gln Gln Ala Thr Pro Gly Pro Ala Tyr Ser Gly Arg

50 55 60

Glu Ile Ile Tyr Pro Asn Ala Ser Leu Leu Ile Gln Asn Ile Ile Gln

65 70 75 80

Asn Asp Thr Gly Phe Tyr Thr Leu His Val Ile Lys Ser Asp Leu Val

85 90 95

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

100 105 110

Pro Ser Ile Ser Ser Asn Asn Ser Lys Pro Val Glu Asp Lys Asp Ala

115 120 125

Val Ala Phe Thr Cys Glu Pro Glu Thr Gln Asp Ala Thr Tyr Leu Trp

130 135 140

Trp Val Asn Asn Gln Ser Leu Pro Val Ser Pro Arg Leu Gln Leu Ser

145 150 155 160

Asn Gly Asn Arg Thr Leu Thr Leu Phe Asn Val Thr Arg Asn Asp Thr
165 170 175
Ala Ser Tyr Lys Cys Glu Thr Gln Asn Pro Val Ser Ala Arg Arg Ser
180 185 190
Asp Ser Val Ile Leu Asn Val Leu Tyr Gly Pro Asp Ala Pro Thr Ile
195 200 205
Ser Pro Leu Asn Thr Ser Tyr Arg Ser Gly Glu Asn Leu Asn Leu Ser

210 215 220
Cys His Ala Ala Ser Asn Pro Pro Ala Gln Tyr Ser Trp Phe Val Asn
225 230 235 240
Gly Thr Phe Gln Gln Ser Thr Gln Glu Leu Phe Ile Pro Asn Ile Thr
245 250 255
Val Asn Asn Ser Gly Ser Tyr Thr Cys Gln Ala His Asn Ser Asp Thr
260 265 270
Gly Leu Asn Arg Thr Thr Val Thr Thr Ile Thr Val Tyr Ala Glu Pro

275 280 285
Pro Lys Pro Phe Ile Thr Ser Asn Asn Ser Asn Pro Val Glu Asp Glu
290 295 300
Asp Ala Val Ala Leu Thr Cys Glu Pro Glu Ile Gln Asn Thr Thr Tyr
305 310 315 320
Leu Trp Trp Val Asn Asn Gln Ser Leu Pro Val Ser Pro Arg Leu Gln
325 330 335
Leu Ser Asn Asp Asn Arg Thr Leu Thr Leu Leu Ser Val Thr Arg Asn

340 345 350
Asp Val Gly Pro Tyr Glu Cys Gly Ile Gln Asn Lys Leu Ser Val Asp
355 360 365
His Ser Asp Pro Val Ile Leu Asn Val Leu Tyr Gly Pro Asp Asp Pro
370 375 380
Thr Ile Ser Pro Ser Tyr Thr Tyr Tyr Arg Pro Gly Val Asn Leu Ser
385 390 395 400
Leu Ser Cys His Ala Ala Ser Asn Pro Pro Ala Gln Tyr Ser Trp Leu

405 410 415

Ile Asp Gly Asn Ile Gln Gln His Thr Gln Glu Leu Phe Ile Ser Asn

420 425 430

Ile Thr Glu Lys Asn Ser Gly Leu Tyr Thr Cys Gln Ala Asn Asn Ser

435 440 445

Ala Ser Gly His Ser Arg Thr Thr Val Lys Thr Ile Thr Val Ser Ala

450 455 460

Glu Leu Pro Lys Pro Ser Ile Ser Ser Asn Asn Ser Lys Pro Val Glu

465 470 475 480

Asp Lys Asp Ala Val Ala Phe Thr Cys Glu Pro Glu Ala Gln Asn Thr

485 490 495

Thr Tyr Leu Trp Trp Val Asn Gly Gln Ser Leu Pro Val Ser Pro Arg

500 505 510

Leu Gln Leu Ser Asn Gly Asn Arg Thr Leu Thr Leu Phe Asn Val Thr

515 520 525

Arg Asn Asp Ala Arg Ala Tyr Val Cys Gly Ile Gln Asn Ser Val Ser

530 535 540

Ala Asn Arg Ser Asp Pro Val Thr Leu Asp Val Leu Tyr Gly Pro Asp

545 550 555 560

Thr Pro Ile Ile Ser Pro Pro Asp Ser Ser Tyr Leu Ser Gly Ala Asn

565 570 575

Leu Asn Leu Ser Cys His Ser Ala Ser Asn Pro Ser Pro Gln Tyr Ser

580 585 590

Trp Arg Ile Asn Gly Ile Pro Gln Gln His Thr Gln Val Leu Phe Ile

595 600 605

Ala Lys Ile Thr Pro Asn Asn Asn Gly Thr Tyr Ala Cys Phe Val Ser

610 615 620

Asn Leu Ala Thr Gly Arg Asn Asn Ser Ile Val Lys Ser Ile Thr Val

625 630 635 640

Ser Ala Ser Gly Thr Ser Pro Gly Leu Ser Ala

645 650

<210> 181

<211> 76

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 181

Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro

1 5 10 15

Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn

20 25 30

Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr

35 40 45

Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn

50 55 60

Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala

65 70 75

<210> 182

<211> 324

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 182

Met Val Gln Arg Leu Trp Val Ser Arg Leu Leu Arg His Arg Lys Ala

1 5 10 15

Gln Leu Pro Pro Leu Leu Leu Glu Val Gly Val Glu Glu Lys Ser Ala

20 25 30

Ser Asp His Trp Arg Gly Arg Tyr Gly Arg Arg Arg Pro Leu Ala Gly

35 40 45

Leu Leu Cys Pro Asp Pro Arg Pro Thr Pro Leu Glu Ala Leu Leu Ser

50 55 60

Asp Leu Phe Arg Asp Pro Asp His Cys Arg Gln Ala Asp Trp Asp Thr

65 70 75 80

Ser Ala Leu Ala Pro Tyr Leu Gly Thr Gln Glu Glu Cys Glu Glu Ala

85 90 95

Ala Leu Gly Pro Thr Glu Pro Ala Glu Gly Leu Ser Ala Pro Ser Leu

100 105 110

Ser Pro His Cys Cys Pro Cys Arg Ala Arg Leu Ala Phe Arg Asn Leu
115 120 125
Gly Ala Leu Leu Pro Arg Leu His Gln Leu Cys Cys Arg Met Pro Arg
130 135 140
Thr Leu Arg Arg Leu Val Gly Glu Gly Leu Tyr Gln Gly Val Pro Arg
145 150 155 160
Ala Glu Pro Gly Thr Glu Ala Arg Arg His Tyr Asp Glu Gly Val Arg
165 170 175

Arg Leu Val Gln Arg Phe Gly Thr Arg Ala Ser Val Ala Val Val Thr
180 185 190
Ala Ser Tyr His Arg Glu Lys Gln Val Phe Leu Pro Lys Tyr Arg Gly
195 200 205
Asp Thr Gly Gly Ala Ser Ser Glu Asp Ser Leu Met Thr Ser Phe Leu
210 215 220
Pro Gly Pro Lys Pro Gly Ala Pro Phe Pro Asn Gly His Val Gly Ala
225 230 235 240

Gly Gly Ser Gly Leu Leu Pro Pro Pro Pro Ala Leu Cys Gly Ala Ser
245 250 255
Ala Cys Asp Val Ser Val Arg Val Val Val Gly Glu Pro Thr Glu Ala
260 265 270
Arg Val Val Pro Gly Arg Gly Ile Cys Leu Asp Leu Ala Ile Leu Asp
275 280 285
Ser Ala Phe Leu Leu Ser Gln Val Ala Pro Ser Leu Phe Met Gly Ser
290 295 300

Ile Val Gln Leu Ser Gln Ser Val Thr Phe Asp Lys Ser Asp Leu Ala
305 310 315 320
Lys Tyr Ser Ala
<210> 183
<211> 729
<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 183

Met Trp Asn Leu Leu His Glu Thr Asp Ser Ala Val Ala Thr Ala Arg
1 5 10 15

Arg Pro Arg Trp Leu Cys Lys Ser Ser Asn Glu Ala Thr Asn Ile Thr
20 25 30

Pro Lys His Asn Met Lys Ala Phe Leu Asp Glu Leu Lys Ala Glu Asn
35 40 45

Ile Lys Lys Phe Leu Tyr Asn Phe Thr Gln Ile Pro His Leu Ala Gly
50 55 60

Thr Glu Gln Asn Phe Gln Leu Ala Lys Gln Ile Gln Ser Gln Trp Lys
65 70 75 80

Glu Phe Gly Leu Asp Ser Val Glu Leu Ala His Tyr Asp Val Leu Leu
85 90 95

Ser Tyr Pro Asn Lys Thr His Pro Asn Tyr Ile Ser Ile Ile Asn Glu
100 105 110

Asp Gly Asn Glu Ile Phe Asn Thr Ser Leu Phe Glu Pro Pro Pro Pro
115 120 125

Gly Tyr Glu Asn Val Ser Asp Ile Val Pro Pro Phe Ser Ala Phe Ser
130 135 140

Pro Gln Gly Met Pro Glu Gly Asp Leu Val Tyr Val Asn Tyr Ala Arg
145 150 155 160

Thr Glu Asp Phe Phe Lys Leu Glu Arg Asp Met Lys Ile Asn Cys Ser
165 170 175

Gly Lys Ile Val Ile Ala Arg Tyr Gly Lys Val Phe Arg Gly Asn Lys
180 185 190

Val Lys Asn Ala Gln Leu Ala Gly Ala Lys Gly Val Ile Leu Tyr Ser
195 200 205

Asp Pro Ala Asp Tyr Phe Ala Pro Gly Val Lys Ser Tyr Pro Asp Gly
210 215 220

Trp Asn Leu Pro Gly Gly Gly Val Gln Arg Gly Asn Ile Leu Asn Leu

225 230 235 240

Asn Gly Ala Gly Asp Pro Leu Thr Pro Gly Tyr Pro Ala Asn Glu Tyr

245 250 255

Ala Tyr Arg Arg Gly Ile Ala Glu Ala Val Gly Leu Pro Ser Ile Pro

260 265 270

Val His Pro Ile Gly Tyr Tyr Asp Ala Gln Lys Leu Leu Glu Lys Met

275 280 285

Gly Gly Ser Ala Pro Pro Asp Ser Ser Trp Arg Gly Ser Leu Lys Val

290 295 300

Pro Tyr Asn Val Gly Pro Gly Phe Thr Gly Asn Phe Ser Thr Gln Lys

305 310 315 320

Val Lys Met His Ile His Ser Thr Asn Glu Val Thr Arg Ile Tyr Asn

325 330 335

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

340 345 350

Leu Gly Gly His Arg Asp Ser Trp Val Phe Gly Gly Ile Asp Pro Gln

355 360 365

Ser Gly Ala Ala Val Val His Glu Ile Val Arg Ser Phe Gly Thr Leu

370 375 380

Lys Lys Glu Gly Trp Arg Pro Arg Arg Thr Ile Leu Phe Ala Ser Trp

385 390 395 400

Asp Ala Glu Glu Phe Gly Leu Leu Gly Ser Thr Glu Trp Ala Glu Glu

405 410 415

Asn Ser Arg Leu Leu Gln Glu Arg Gly Val Ala Tyr Ile Asn Ala Asp

420 425 430

Ser Ser Ile Glu Gly Asn Tyr Thr Leu Arg Val Asp Cys Thr Pro Leu

435 440 445

Met Tyr Ser Leu Val His Asn Leu Thr Lys Glu Leu Lys Ser Pro Asp

450 455 460

Glu Gly Phe Glu Gly Lys Ser Leu Tyr Glu Ser Trp Thr Lys Lys Ser

465 470 475 480

Pro Ser Pro Glu Phe Ser Gly Met Pro Arg Ile Ser Lys Leu Gly Ser

485 490 495

Gly Asn Asp Phe Glu Val Phe Phe Gln Arg Leu Gly Ile Ala Ser Gly

500 505 510

Arg Ala Arg Tyr Thr Lys Asn Trp Glu Thr Asn Lys Phe Ser Gly Tyr

515 520 525

Pro Leu Tyr His Ser Val Tyr Glu Thr Tyr Glu Leu Val Glu Lys Phe

530 535 540

Tyr Asp Pro Met Phe Lys Tyr His Leu Thr Val Ala Gln Val Arg Gly

545 550 555 560

Gly Met Val Phe Glu Leu Ala Asn Ser Ile Val Leu Pro Phe Asp Cys

565 570 575

Arg Asp Tyr Ala Val Val Leu Arg Lys Tyr Ala Asp Lys Ile Tyr Ser

580 585 590

Ile Ser Met Lys His Pro Gln Glu Met Lys Thr Tyr Ser Val Ser Phe

595 600 605

Asp Ser Leu Phe Ser Ala Val Lys Asn Phe Thr Glu Ile Ala Ser Lys

610 615 620

Phe Ser Glu Arg Leu Gln Asp Phe Asp Lys Ser Asn Pro Ile Val Leu

625 630 635 640

Arg Met Met Asn Asp Gln Leu Met Phe Leu Glu Arg Ala Phe Ile Asp

645 650 655

Pro Leu Gly Leu Pro Asp Arg Pro Phe Tyr Arg His Val Ile Tyr Ala

660 665 670

Pro Ser Ser His Asn Lys Tyr Ala Gly Glu Ser Phe Pro Gly Ile Tyr

675 680 685

Asp Ala Leu Phe Asp Ile Glu Ser Lys Val Asp Pro Ser Lys Ala Trp

690 695 700

Gly Glu Val Lys Arg Gln Ile Tyr Val Ala Ala Phe Thr Val Gln Ala

705 710 715 720

Ala Ala Glu Thr Leu Ser Glu Val Ala

725

<210> 184

<211> 165

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 184

Met Gly Ala Pro Thr Leu Pro Pro Ala Trp Gln Pro Phe Leu Lys Asp

1 5 10 15

His Arg Ile Ser Thr Phe Lys Asn Trp Pro Phe Leu Glu Gly Cys Ala

20 25 30

Cys Thr Pro Glu Arg Met Ala Glu Ala Gly Phe Ile His Cys Pro Thr

35 40 45

Glu Asn Glu Pro Asp Leu Ala Gln Cys Phe Phe Cys Phe Lys Glu Leu

50 55 60

Glu Gly Trp Glu Pro Asp Asp Asp Pro Ile Gly Pro Gly Thr Val Ala

65 70 75 80

Tyr Ala Cys Asn Thr Ser Thr Leu Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ile Thr

85 90 95

Arg Glu Glu His Lys Lys His Ser Ser Gly Cys Ala Phe Leu Ser Val

100 105 110

Lys Lys Gln Phe Glu Glu Leu Thr Leu Gly Glu Phe Leu Lys Leu Asp

115 120 125

Arg Glu Arg Ala Lys Asn Lys Ile Ala Lys Glu Thr Asn Asn Lys Lys

130 135 140

Lys Glu Phe Glu Glu Thr Ala Lys Lys Val Arg Arg Ala Ile Glu Gln

145 150 155 160

Leu Ala Ala Met Asp

165

<210> 185

<211> 1137

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 185

Thr Gly Ser Gly His Ala Ser Ser Thr Pro Gly Gly Glu Lys Glu Thr
1 5 10 15
Ser Ala Thr Gln Arg Ser Ser Val Pro Ser Ser Thr Glu Lys Asn Ala

20 25 30
Val Ser Met Thr Ser Ser Val Leu Ser Ser His Ser Pro Gly Ser Gly
35 40 45
Ser Ser Thr Thr Gln Gly Gln Asp Val Thr Leu Ala Pro Ala Thr Glu
50 55 60
Pro Ala Ser Gly Ser Ala Ala Thr Trp Gly Gln Asp Val Thr Ser Val
65 70 75 80
Pro Val Thr Arg Pro Ala Leu Gly Ser Thr Thr Pro Pro Ala His Asp

85 90 95
Val Thr Ser Ala Pro Asp Asn Lys Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro
100 105 110
Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly
115 120 125
Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg
130 135 140
Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala

145 150 155 160
Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly
165 170 175
Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro
180 185 190
Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly
195 200 205
Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg

210 215 220
Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala
225 230 235 240

Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly
245 250 255
Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro
260 265 270
Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly

275 280 285
Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg
290 295 300
Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala
305 310 315 320
Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly
325 330 335
Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro

340 345 350
Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly
355 360 365
Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg
370 375 380
Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala
385 390 395 400
Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly

405 410 415
Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro
420 425 430
Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly
435 440 445
Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg
450 455 460
Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala

465 470 475 480
Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly

485 490 495

Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro

500 505 510

Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly

515 520 525

Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg

530 535 540

Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala

545 550 555 560

Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly

565 570 575

Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro

580 585 590

Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly

595 600 605

Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg

610 615 620

Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala

625 630 635 640

Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly

645 650 655

Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro

660 665 670

Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly

675 680 685

Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg

690 695 700

Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala

705 710 715 720

Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly

725 730 735

Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro

740 745 750

Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly

755 760 765

Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg

770 775 780

Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala

785 790 795 800

Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly

805 810 815

Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro

820 825 830

Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly

835 840 845

Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg

850 855 860

Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala

865 870 875 880

Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly

885 890 895

Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro

900 905 910

Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Asn Arg Pro Ala Leu Gly

915 920 925

Ser Thr Ala Pro Pro Val His Asn Val Thr Ser Ala Ser Gly Ser Ala

930 935 940

Ser Gly Ser Ala Ser Thr Leu Val His Asn Gly Thr Ser Ala Arg Ala

945 950 955 960

Thr Thr Thr Pro Ala Ser Lys Ser Thr Pro Phe Ser Ile Pro Ser His

965 970 975

His Ser Asp Thr Pro Thr Thr Leu Ala Ser His Ser Thr Lys Thr Asp

980 985 990

Ala Ser Ser Thr His His Ser Ser Val Pro Pro Leu Thr Ser Ser Asn

995 1000 1005

His Ser Thr Ser Pro Gln Leu Ser Thr Gly Val Ser Phe Phe Phe

1010 1015 1020

Leu Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu Glu

1025 1030 1035

Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg Asp Ile Ser

1040 1045 1050

Glu Met Phe Leu Gln Ile Tyr Lys Gln Gly Gly Phe Leu Gly Leu

1055 1060 1065

Ser Asn Ile Lys Phe Arg Pro Gly Ser Val Val Val Gln Leu Thr

1070 1075 1080

Leu Ala Phe Arg Glu Gly Thr Ile Asn Val His Asp Val Glu Thr

1085 1090 1095

Gln Phe Asn Gln Tyr Lys Thr Glu Ala Ala Ser Arg Tyr Asn Leu

1100 1105 1110

Thr Ile Ser Asp Val Ser Val Ser Asp Val Pro Phe Pro Phe Ser

1115 1120 1125

Ala Gln Ser Gly Ala Gly Val Pro Gly

1130 1135

<210> 186

<211> 252

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 186

Thr Gly Ser Gly His Ala Ser Ser Thr Pro Gly Gly Glu Lys Glu Thr

1 5 10 15

Ser Ala Thr Gln Arg Ser Ser Val Pro Ser Ser Thr Glu Lys Asn Ala

20 25 30

Leu Ser Thr Gly Val Ser Phe Phe Phe Leu Ser Phe His Ile Ser Asn

35 40 45

Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu Glu Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln
50 55 60
Glu Leu Gln Arg Asp Ile Ser Glu Met Phe Leu Gln Ile Tyr Lys Gln
65 70 75 80
Gly Gly Phe Leu Gly Leu Ser Asn Ile Lys Phe Arg Pro Gly Ser Val

85 90 95
Val Val Gln Leu Thr Leu Ala Phe Arg Glu Gly Thr Ile Asn Val His
100 105 110
Asp Val Glu Thr Gln Phe Asn Gln Tyr Lys Thr Glu Ala Ala Ser Arg
115 120 125
Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asp Val Ser Val Ser Asp Val Pro Phe Pro
130 135 140
Phe Ser Ala Gln Ser Gly Ala Gly Val Pro Gly Trp Gly Ile Ala Leu

145 150 155 160
Leu Val Leu Val Cys Val Leu Val Ala Leu Ala Ile Val Tyr Leu Ile
165 170 175
Ala Leu Ala Val Cys Gln Cys Arg Arg Lys Asn Tyr Gly Gln Leu Asp
180 185 190
Ile Phe Pro Ala Arg Asp Thr Tyr His Pro Met Ser Glu Tyr Pro Thr
195 200 205
Tyr His Thr His Gly Arg Tyr Val Pro Pro Ser Ser Thr Asp Arg Ser

210 215 220
Pro Tyr Glu Lys Val Ser Ala Gly Asn Gly Gly Ser Ser Leu Ser Tyr
225 230 235 240
Thr Asn Pro Ala Val Ala Ala Thr Ser Ala Asn Leu
245 250

<210> 187
<211> 241
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 187
Met Lys Ile Phe Met Tyr Leu Leu Thr Val Phe Leu Ile Thr Gln Met

1 5 10 15

Ile Gly Ser Ala Leu Phe Ala Val Tyr Leu His Arg Arg Leu Asp Lys

20 25 30

Ile Glu Asp Glu Arg Asn Leu His Glu Asp Phe Val Phe Met Lys Thr

35 40 45

Ile Gln Arg Cys Asn Thr Gly Glu Arg Ser Leu Ser Leu Leu Asn Cys

50 55 60

Glu Glu Ile Lys Ser Gln Phe Glu Gly Phe Val Lys Asp Ile Met Leu

65 70 75 80

Asn Lys Glu Glu Thr Lys Lys Glu Asn Ser Phe Glu Met Gln Lys Gly

85 90 95

Asp Gln Asn Pro Gln Ile Ala Ala His Val Ile Ser Glu Ala Ser Ser

100 105 110

Lys Thr Thr Ser Val Leu Gln Trp Ala Glu Lys Gly Tyr Tyr Thr Met

115 120 125

Ser Asn Asn Leu Val Thr Leu Glu Asn Gly Lys Gln Leu Thr Val Lys

130 135 140

Arg Gln Gly Leu Tyr Tyr Ile Tyr Ala Gln Val Thr Phe Cys Ser Asn

145 150 155 160

Arg Glu Ala Ser Ser Gln Ala Pro Phe Ile Ala Ser Leu Cys Leu Lys

165 170 175

Ser Pro Gly Arg Phe Glu Arg Ile Leu Leu Arg Ala Ala Asn Thr His

180 185 190

Ser Ser Ala Lys Pro Cys Gly Gln Gln Ser Ile His Leu Gly Gly Val

195 200 205

Phe Glu Leu Gln Pro Gly Ala Ser Val Phe Val Asn Val Thr Asp Pro

210 215 220

Ser Gln Val Ser His Gly Thr Gly Phe Thr Ser Phe Gly Leu Leu Lys

225 230 235 240

Leu

<210> 188

<211> 449

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 188

Met Gly Ser Asp Val Arg Asp Leu Asn Ala Leu Leu Pro Ala Val Pro
1 5 10 15

Ser Leu Gly Gly Gly Gly Gly Cys Ala Leu Pro Val Ser Gly Ala Ala
20 25 30

Gln Trp Ala Pro Val Leu Asp Phe Ala Pro Pro Gly Ala Ser Ala Tyr
35 40 45

Gly Ser Leu Gly Gly Pro Ala Pro Pro Pro Ala Pro Pro Pro Pro Pro
50 55 60

Pro Pro Pro Pro His Ser Phe Ile Lys Gln Glu Pro Ser Trp Gly Gly
65 70 75 80

Ala Glu Pro His Glu Glu Gln Cys Leu Ser Ala Phe Thr Val His Phe
85 90 95

Ser Gly Gln Phe Thr Gly Thr Ala Gly Ala Cys Arg Tyr Gly Pro Phe
100 105 110

Gly Pro Pro Pro Pro Ser Gln Ala Ser Ser Gly Gln Ala Arg Met Phe
115 120 125

Pro Asn Ala Pro Tyr Leu Pro Ser Cys Leu Glu Ser Gln Pro Ala Ile
130 135 140

Arg Asn Gln Gly Tyr Ser Thr Val Thr Phe Asp Gly Thr Pro Ser Tyr
145 150 155 160

Gly His Thr Pro Ser His His Ala Ala Gln Phe Pro Asn His Ser Phe
165 170 175

Lys His Glu Asp Pro Met Gly Gln Gln Gly Ser Leu Gly Glu Gln Gln
180 185 190

Tyr Ser Val Pro Pro Pro Val Tyr Gly Cys His Thr Pro Thr Asp Ser
195 200 205

Cys Thr Gly Ser Gln Ala Leu Leu Leu Arg Thr Pro Tyr Ser Ser Asp

210 215 220

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

His Thr His Gly Val Phe Arg Gly Ile Gln Asp Val Arg Arg Val Pro
290 295 300
Gly Val Ala Pro Thr Leu Val Arg Ser Ala Ser Glu Thr Ser Glu Lys
305 310 315 320
Arg Pro Phe Met Cys Ala Tyr Pro Gly Cys Asn Lys Arg Tyr Phe Lys
325 330 335
Leu Ser His Leu Gln Met His Ser Arg Lys His Thr Gly Glu Lys Pro
340 345 350

Tyr Gln Cys Asp Phe Lys Asp Cys Glu Arg Arg Phe Ser Arg Ser Asp
355 360 365
Gln Leu Lys Arg His Gln Arg Arg His Thr Gly Val Lys Pro Phe Gln
370 375 380
Cys Lys Thr Cys Gln Arg Lys Phe Ser Arg Ser Asp His Leu Lys Thr
385 390 395 400
His Thr Arg Thr His Thr Gly Lys Thr Ser Glu Lys Pro Phe Ser Cys
405 410 415

Arg Trp Pro Ser Cys Gln Lys Lys Phe Ala Arg Ser Asp Glu Leu Val
420 425 430
Arg His His Asn Met His Gln Arg Asn Met Thr Lys Leu Gln Leu Ala
435 440 445
Leu

<210> 189

<211> 322

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 189

Met Gly Ser Asp Val Arg Asp Leu Asn Ala Leu Leu Pro Ala Val Pro
1 5 10 15
Ser Leu Gly Gly Gly Gly Gly Cys Ala Leu Pro Val Ser Gly Ala Ala

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

85 90 95
Ser Gly Gln Phe Thr Gly Thr Ala Gly Ala Cys Arg Tyr Gly Pro Phe
100 105 110
Gly Pro Pro Pro Pro Ser Gln Ala Ser Ser Gly Gln Ala Arg Met Phe
115 120 125
Pro Asn Ala Pro Tyr Leu Pro Ser Cys Leu Glu Ser Gln Pro Ala Ile
130 135 140
Arg Asn Gln Gly Tyr Ser Thr Val Thr Phe Asp Gly Thr Pro Ser Tyr

145 150 155 160
Gly His Thr Pro Ser His His Ala Ala Gln Phe Pro Asn His Ser Phe
165 170 175
Lys His Glu Asp Pro Met Gly Gln Gln Gly Ser Leu Gly Glu Gln Gln
180 185 190
Tyr Ser Val Pro Pro Pro Val Tyr Gly Cys His Thr Pro Thr Asp Ser
195 200 205
Cys Thr Gly Ser Gln Ala Leu Leu Leu Arg Thr Pro Tyr Ser Ser Asp

210 215 220

Asn Leu Tyr Gln Met Thr Ser Gln Leu Glu Cys Met Thr Trp Asn Gln

225 230 235 240

Met Asn Leu Gly Ala Thr Leu Lys Gly Val Ala Ala Gly Ser Ser Ser

245 250 255

Ser Val Lys Trp Thr Glu Gly Gln Ser Asn His Ser Thr Gly Tyr Glu

260 265 270

Ser Asp Asn His Thr Thr Pro Ile Leu Cys Gly Ala Gln Tyr Arg Ile

275 280 285

His Thr His Gly Val Phe Arg Gly Ile Gln Asp Val Arg Arg Val Pro

290 295 300

Gly Val Ala Pro Thr Leu Val Arg Ser Ala Ser Glu Thr Ser Glu Lys

305 310 315 320

Arg Pro

<210> 190

<211> 509

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 190

Met Glu Arg Arg Arg Leu Trp Gly Ser Ile Gln Ser Arg Tyr Ile Ser

1 5 10 15

Met Ser Val Trp Thr Ser Pro Arg Arg Leu Val Glu Leu Ala Gly Gln

20 25 30

Ser Leu Leu Lys Asp Glu Ala Leu Ala Ile Ala Ala Leu Glu Leu Leu

35 40 45

Pro Arg Glu Leu Phe Pro Pro Leu Phe Met Ala Ala Phe Asp Gly Arg

50 55 60

His Ser Gln Thr Leu Lys Ala Met Val Gln Ala Trp Pro Phe Thr Cys

65 70 75 80

Leu Pro Leu Gly Val Leu Met Lys Gly Gln His Leu His Leu Glu Thr

85 90 95

Phe Lys Ala Val Leu Asp Gly Leu Asp Val Leu Leu Ala Gln Glu Val

100 105 110

Arg Pro Arg Arg Trp Lys Leu Gln Val Leu Asp Leu Arg Lys Asn Ser

115 120 125

His Gln Asp Phe Trp Thr Val Trp Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Tyr

130 135 140

Ser Phe Pro Glu Pro Glu Ala Ala Gln Pro Met Thr Lys Lys Arg Lys

145 150 155 160

Val Asp Gly Leu Ser Thr Glu Ala Glu Gln Pro Phe Ile Pro Val Glu

165 170 175

Val Leu Val Asp Leu Phe Leu Lys Glu Gly Ala Cys Asp Glu Leu Phe

180 185 190

Ser Tyr Leu Ile Glu Lys Val Lys Arg Lys Lys Asn Val Leu Arg Leu

195 200 205

Cys Cys Lys Lys Leu Lys Ile Phe Ala Met Pro Met Gln Asp Ile Lys

210 215 220

Met Ile Leu Lys Met Val Gln Leu Asp Ser Ile Glu Asp Leu Glu Val

225 230 235 240

Thr Cys Thr Trp Lys Leu Pro Thr Leu Ala Lys Phe Ser Pro Tyr Leu

245 250 255

Gly Gln Met Ile Asn Leu Arg Arg Leu Leu Leu Ser His Ile His Ala

260 265 270

Ser Ser Tyr Ile Ser Pro Glu Lys Glu Glu Gln Tyr Ile Ala Gln Phe

275 280 285

Thr Ser Gln Phe Leu Ser Leu Gln Cys Leu Gln Ala Leu Tyr Val Asp

290 295 300

Ser Leu Phe Phe Leu Arg Gly Arg Leu Asp Gln Leu Leu Arg His Val

305 310 315 320

Met Asn Pro Leu Glu Thr Leu Ser Ile Thr Asn Cys Arg Leu Ser Glu

325 330 335

Gly Asp Val Met His Leu Ser Gln Ser Pro Ser Val Ser Gln Leu Ser

340 345 350

Val Leu Ser Leu Ser Gly Val Met Leu Thr Asp Val Ser Pro Glu Pro
355 360 365
Leu Gln Ala Leu Leu Glu Arg Ala Ser Ala Thr Leu Gln Asp Leu Val
370 375 380
Phe Asp Glu Cys Gly Ile Thr Asp Asp Gln Leu Leu Ala Leu Leu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Ser His Cys Ser Gln Leu Thr Thr Leu Ser Phe Tyr Gly Asn
405 410 415
Ser Ile Ser Ile Ser Ala Leu Gln Ser Leu Leu Gln His Leu Ile Gly
420 425 430
Leu Ser Asn Leu Thr His Val Leu Tyr Pro Val Pro Leu Glu Ser Tyr
435 440 445
Glu Asp Ile His Gly Thr Leu His Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Leu His
450 455 460

Ala Arg Leu Arg Glu Leu Leu Cys Glu Leu Gly Arg Pro Ser Met Val
465 470 475 480
Trp Leu Ser Ala Asn Pro Cys Pro His Cys Gly Asp Arg Thr Phe Tyr
485 490 495
Asp Pro Glu Pro Ile Leu Cys Pro Cys Phe Met Pro Asn
500 505

<210> 191
<211> 210
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 191
Met Gln Ala Glu Gly Gln Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gly Asp Ala Asp
1 5 10 15

Gly Pro Gly Gly Pro Gly Ile Pro Asp Gly Pro Gly Gly Asn Ala Gly
20 25 30
Gly Pro Gly Glu Ala Gly Ala Thr Gly Gly Arg Gly Pro Arg Gly Ala
35 40 45
Gly Ala Ala Arg Ala Ser Gly Pro Arg Gly Gly Ala Pro Arg Gly Pro

50 55 60

His Gly Gly Ala Ala Ser Ala Gln Asp Gly Arg Cys Pro Cys Gly Ala
65 70 75 80

Arg Arg Pro Asp Ser Arg Leu Leu Gln Leu His Ile Thr Met Pro Phe
85 90 95

Ser Ser Pro Met Glu Ala Glu Leu Val Arg Arg Ile Leu Ser Arg Asp
100 105 110

Ala Ala Pro Leu Pro Arg Pro Gly Ala Val Leu Lys Asp Phe Thr Val
115 120 125

Ser Gly Asn Leu Leu Phe Met Ser Val Arg Asp Gln Asp Arg Glu Gly
130 135 140

Ala Gly Arg Met Arg Val Val Gly Trp Gly Leu Gly Ser Ala Ser Pro
145 150 155 160

Glu Gly Gln Lys Ala Arg Asp Leu Arg Thr Pro Lys His Lys Val Ser
165 170 175

Glu Gln Arg Pro Gly Thr Pro Gly Pro Pro Pro Pro Glu Gly Ala Gln
180 185 190

Gly Asp Gly Cys Arg Gly Val Ala Phe Asn Val Met Phe Ser Ala Pro
195 200 205

His Ile
210

<210> 192
<211> 314
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 192

Met Pro Leu Glu Gln Arg Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu
1 5 10 15

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

Thr Glu Glu Gln Glu Ala Ala Ser Ser Ser Ser Thr Leu Val Glu Val
35 40 45

Thr Leu Gly Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Pro Asp Pro Pro Gln Ser

50 55 60

Pro Gln Gly Ala Ser Ser Leu Pro Thr Thr Met Asn Tyr Pro Leu Trp
65 70 75 80

Ser Gln Ser Tyr Glu Asp Ser Ser Asn Gln Glu Glu Glu Gly Pro Ser
85 90 95

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

Val Ala Glu Leu Val His Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Arg Ala Arg Glu

115 120 125

Pro Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Gly Ser Val Val Gly Asn Trp Gln
130 135 140

Tyr Phe Phe Pro Val Ile Phe Ser Lys Ala Ser Ser Ser Leu Gln Leu
145 150 155 160

Val Phe Gly Ile Glu Leu Met Glu Val Asp Pro Ile Gly His Leu Tyr
165 170 175

Ile Phe Ala Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly Asp

180 185 190

Asn Gln Ile Met Pro Lys Ala Gly Leu Leu Ile Ile Val Leu Ala Ile
195 200 205

Ile Ala Arg Glu Gly Asp Cys Ala Pro Glu Glu Lys Ile Trp Glu Glu
210 215 220

Leu Ser Val Leu Glu Val Phe Glu Gly Arg Glu Asp Ser Ile Leu Gly
225 230 235 240

Asp Pro Lys Lys Leu Leu Thr Gln His Phe Val Gln Glu Asn Tyr Leu

245 250 255

Glu Tyr Arg Gln Val Pro Gly Ser Asp Pro Ala Cys Tyr Glu Phe Leu
260 265 270

Trp Gly Pro Arg Ala Leu Val Glu Thr Ser Tyr Val Lys Val Leu His
275 280 285

His Met Val Lys Ile Ser Gly Gly Pro His Ile Ser Tyr Pro Pro Leu

290 295 300

His Glu Trp Val Leu Arg Glu Gly Glu Glu

305 310

<210> 193

<211> 562

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 193

Met Ala Pro Arg Ser Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Leu Leu Gly Leu Met His Cys Ala Ser Ala Ala Met Phe Met Val

20 25 30

Lys Asn Gly Asn Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asn Phe Ser Ala Ala

35 40 45

Phe Ser Val Asn Tyr Asp Thr Lys Ser Gly Pro Lys Asn Met Thr Leu

50 55 60

Asp Leu Pro Ser Asp Ala Thr Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Cys Gly

65 70 75 80

Lys Glu Asn Thr Ser Asp Pro Ser Leu Val Ile Ala Phe Gly Arg Gly

85 90 95

His Thr Leu Thr Leu Asn Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Ser Val

100 105 110

Gln Leu Met Ser Phe Val Tyr Asn Leu Ser Asp Thr His Leu Phe Pro

115 120 125

Asn Ala Ser Ser Lys Glu Ile Lys Thr Val Glu Ser Ile Thr Asp Ile

130 135 140

Arg Ala Asp Ile Asp Lys Lys Tyr Arg Cys Val Ser Gly Thr Gln Val

145 150 155 160

His Met Asn Asn Val Thr Val Thr Leu His Asp Ala Thr Ile Gln Ala

165 170 175

Tyr Leu Ser Asn Ser Ser Phe Ser Arg Gly Glu Thr Arg Cys Glu Gln
180 185 190

Asp Arg Pro Ser Pro Thr Thr Ala Pro Pro Ala Pro Pro Ser Pro Ser
195 200 205

Pro Ser Pro Val Pro Lys Ser Pro Ser Val Asp Lys Tyr Asn Val Ser
210 215 220

Gly Thr Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu Asn
225 230 235 240

Leu Thr Tyr Glu Arg Lys Asp Asn Thr Thr Val Thr Arg Leu Leu Asn
245 250 255

Ile Asn Pro Asn Lys Thr Ser Ala Ser Gly Ser Cys Gly Ala His Leu
260 265 270

Val Thr Leu Glu Leu His Ser Glu Gly Thr Thr Val Leu Leu Phe Gln
275 280 285

Phe Gly Met Asn Ala Ser Ser Ser Arg Phe Phe Leu Gln Gly Ile Gln
290 295 300

Leu Asn Thr Ile Leu Pro Asp Ala Arg Asp Pro Ala Phe Lys Ala Ala
305 310 315 320

Asn Gly Ser Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Val Gly Asn Ser Tyr Lys
325 330 335

Cys Asn Ala Glu Glu His Val Arg Val Thr Lys Ala Phe Ser Val Asn
340 345 350

Ile Phe Lys Val Trp Val Gln Ala Phe Lys Val Glu Gly Gly Gln Phe
355 360 365

Gly Ser Val Glu Glu Cys Leu Leu Asp Glu Asn Ser Leu Glu Met Gly
370 375 380

Ala Pro Thr Leu Pro Pro Ala Trp Gln Pro Phe Leu Lys Asp His Arg
385 390 395 400

Ile Ser Thr Phe Lys Asn Trp Pro Phe Leu Glu Gly Cys Ala Cys Thr
405 410 415

Pro Glu Arg Met Ala Glu Ala Gly Phe Ile His Cys Pro Thr Glu Asn

420 425 430

Glu Pro Asp Leu Ala Gln Cys Phe Phe Cys Phe Lys Glu Leu Glu Gly
435 440 445
Trp Glu Pro Asp Asp Asp Pro Ile Glu Glu His Lys Lys His Ser Ser
450 455 460
Gly Cys Ala Phe Leu Ser Val Lys Lys Gln Phe Glu Glu Leu Thr Leu
465 470 475 480
Gly Glu Phe Leu Lys Leu Asp Arg Glu Arg Ala Lys Asn Lys Ile Ala
485 490 495

Lys Glu Thr Asn Asn Lys Lys Lys Glu Phe Glu Glu Thr Ala Lys Lys
500 505 510
Val Arg Arg Ala Ile Glu Gln Leu Ala Ala Met Asp Glu Phe Thr Leu
515 520 525
Ile Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val
530 535 540
Leu Ile Ala Tyr Leu Val Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln
545 550 555 560

Thr Ile

<210> 194
<211> 558
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Construct
<400> 194
Met Ala Pro Arg Ser Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15
Leu Leu Leu Gly Leu Met His Cys Ala Ser Ala Met Gly Ala Pro Thr
20 25 30
Leu Pro Pro Ala Trp Gln Pro Phe Leu Lys Asp His Arg Ile Ser Thr
35 40 45

Phe Lys Asn Trp Pro Phe Leu Glu Gly Cys Ala Cys Thr Pro Glu Arg

50 55 60

Met Ala Glu Ala Gly Phe Ile His Cys Pro Thr Glu Asn Glu Pro Asp
65 70 75 80
Leu Ala Gln Cys Phe Phe Cys Phe Lys Glu Leu Glu Gly Trp Glu Pro
85 90 95
Asp Asp Asp Pro Ile Glu Glu His Lys Lys His Ser Ser Gly Cys Ala
100 105 110

Phe Leu Ser Val Lys Lys Gln Phe Glu Glu Leu Thr Leu Gly Glu Phe
115 120 125
Leu Lys Leu Asp Arg Glu Arg Ala Lys Asn Lys Ile Ala Lys Glu Thr
130 135 140
Asn Asn Lys Lys Lys Glu Phe Glu Glu Thr Ala Lys Lys Val Arg Arg
145 150 155 160
Ala Ile Glu Gln Leu Ala Ala Met Asp Ala Met Phe Met Val Lys Asn
165 170 175

Gly Asn Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asn Phe Ser Ala Ala Phe Ser
180 185 190
Val Asn Tyr Asp Thr Lys Ser Gly Pro Lys Asn Met Thr Leu Asp Leu
195 200 205
Pro Ser Asp Ala Thr Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Cys Gly Lys Glu
210 215 220
Asn Thr Ser Asp Pro Ser Leu Val Ile Ala Phe Gly Arg Gly His Thr
225 230 235 240

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

Asn Asn Val Thr Val Thr Leu His Asp Ala Thr Ile Gln Ala Tyr Leu
305 310 315 320
Ser Asn Ser Ser Phe Ser Arg Gly Glu Thr Arg Cys Glu Gln Asp Arg
325 330 335
Pro Ser Pro Thr Thr Ala Pro Pro Ala Pro Pro Ser Pro Ser Pro Ser
340 345 350
Pro Val Pro Lys Ser Pro Ser Val Asp Lys Tyr Asn Val Ser Gly Thr
355 360 365

Asn Gly Thr Cys Leu Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu Asn Leu Thr
370 375 380
Tyr Glu Arg Lys Asp Asn Thr Thr Val Thr Arg Leu Leu Asn Ile Asn
385 390 395 400
Pro Asn Lys Thr Ser Ala Ser Gly Ser Cys Gly Ala His Leu Val Thr
405 410 415
Leu Glu Leu His Ser Glu Gly Thr Thr Val Leu Leu Phe Gln Phe Gly
420 425 430

Met Asn Ala Ser Ser Ser Arg Phe Phe Leu Gln Gly Ile Gln Leu Asn
435 440 445
Thr Ile Leu Pro Asp Ala Arg Asp Pro Ala Phe Lys Ala Ala Asn Gly
450 455 460
Ser Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Val Gly Asn Ser Tyr Lys Cys Asn
465 470 475 480
Ala Glu Glu His Val Arg Val Thr Lys Ala Phe Ser Val Asn Ile Phe
485 490 495

Lys Val Trp Val Gln Ala Phe Lys Val Glu Gly Gly Gln Phe Gly Ser
500 505 510
Val Glu Glu Cys Leu Leu Asp Glu Asn Ser Met Leu Ile Pro Ile Ala
515 520 525
Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Ile Ala Tyr
530 535 540
Leu Val Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile
545 550 555

<210> 195

<211> 370

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 195

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

195 200 205

Pro Ser Asp Ala Thr Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Cys Gly Lys Glu

210 215 220

Asn Thr Ser Asp Pro Ser Leu Val Ile Ala Phe Gly Arg Gly His Thr

225 230 235 240

Leu Thr Leu Asn Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Ser Val Gln Leu

245 250 255

Met Ser Phe Val Tyr Asn Leu Ser Asp Thr His Leu Phe Pro Asn Ala

260 265 270

Ser Ser Lys Glu Ile Lys Thr Val Glu Ser Ile Thr Asp Ile Arg Ala

275 280 285

Asp Ile Asp Lys Lys Tyr Arg Cys Val Ser Gly Thr Gln Val His Met

290 295 300

Asn Asn Val Thr Val Thr Leu His Asp Ala Thr Ile Gln Ala Tyr Leu

305 310 315 320

Ser Asn Ser Ser Phe Ser Arg Gly Glu Thr Arg Cys Glu Gln Asp Leu

325 330 335

Ile Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val

340 345 350

Leu Ile Ala Tyr Leu Val Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln

355 360 365

Thr Ile

370

<210> 196

<211> 375

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Construct

<400> 196

Met Ala Pro Arg Ser Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Leu Leu Gly Leu Met His Cys Ala Ser Ala Ala Met Phe Met Val

20 25 30

Lys Asn Gly Asn Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asn Phe Ser Ala Ala

35 40 45

Phe Ser Val Asn Tyr Asp Thr Lys Ser Gly Pro Lys Asn Met Thr Leu

50 55 60

Asp Leu Pro Ser Asp Ala Thr Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Cys Gly

65 70 75 80

Lys Glu Asn Thr Ser Asp Pro Ser Leu Val Ile Ala Phe Gly Arg Gly

85 90 95

His Thr Leu Thr Leu Asn Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Ser Val

100 105 110

Gln Leu Met Ser Phe Val Tyr Asn Leu Ser Asp Thr His Leu Phe Pro

115 120 125

Asn Ala Ser Ser Lys Glu Ile Lys Thr Val Glu Ser Ile Thr Asp Ile

130 135 140

Arg Ala Asp Ile Asp Lys Lys Tyr Arg Cys Val Ser Gly Thr Gln Val

145 150 155 160

His Met Asn Asn Val Thr Val Thr Leu His Asp Ala Thr Ile Gln Ala

165 170 175

Tyr Leu Ser Asn Ser Ser Phe Ser Arg Gly Glu Thr Arg Cys Glu Gln

180 185 190

Asp Leu Glu Met Gly Ala Pro Thr Leu Pro Pro Ala Trp Gln Pro Phe

195 200 205

Leu Lys Asp His Arg Ile Ser Thr Phe Lys Asn Trp Pro Phe Leu Glu

210 215 220

Gly Cys Ala Cys Thr Pro Glu Arg Met Ala Glu Ala Gly Phe Ile His

225 230 235 240

Cys Pro Thr Glu Asn Glu Pro Asp Leu Ala Gln Cys Phe Phe Cys Phe

245 250 255

Lys Glu Leu Glu Gly Trp Glu Pro Asp Asp Asp Pro Ile Glu Glu His

260 265 270

Lys Lys His Ser Ser Gly Cys Ala Phe Leu Ser Val Lys Lys Gln Phe
275 280 285
Glu Glu Leu Thr Leu Gly Glu Phe Leu Lys Leu Asp Arg Glu Arg Ala
290 295 300
Lys Asn Lys Ile Ala Lys Glu Thr Asn Asn Lys Lys Lys Glu Phe Glu

305 310 315 320
Glu Thr Ala Lys Lys Val Arg Arg Ala Ile Glu Gln Leu Ala Ala Met
325 330 335
Asp Glu Phe Thr Leu Ile Pro Ile Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly
340 345 350
Leu Val Leu Ile Val Leu Ile Ala Tyr Leu Val Gly Arg Lys Arg Ser
355 360 365
His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile
370 375

<210> 197
<211> 527
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Construct
<400> 197
Met Ala Pro Arg Ser Ala Arg Arg Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15
Leu Leu Leu Gly Leu Met His Cys Ala Ser Ala Ala Met Phe Met Val
20 25 30
Lys Asn Gly Asn Gly Thr Ala Cys Ile Met Ala Asn Phe Ser Ala Ala
35 40 45

Phe Ser Val Asn Tyr Asp Thr Lys Ser Gly Pro Lys Asn Met Thr Leu
50 55 60
Asp Leu Pro Ser Asp Ala Thr Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Cys Gly
65 70 75 80
Lys Glu Asn Thr Ser Asp Pro Ser Leu Val Ile Ala Phe Gly Arg Gly
85 90 95

```
His Thr Leu Thr Leu Asn Phe Thr Arg Asn Ala Thr Arg Tyr Ser Val
            100                 105                 110

Gln Leu Met Ser Phe Val Tyr Asn Leu Ser Asp Thr His Leu Phe Pro
        115                 120                 125
Asn Ala Ser Ser Lys Glu Ile Lys Thr Val Glu Ser Ile Thr Asp Ile
    130                 135                 140
Arg Ala Asp Ile Asp Lys Lys Tyr Arg Cys Val Ser Gly Thr Gln Val
145                 150                 155                 160
His Met Asn Asn Val Thr Val Thr Leu His Asp Ala Thr Ile Gln Ala
                165                 170                 175

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

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

Lys Asn Lys Ile Ala Lys Glu Thr Asn Asn Lys Lys Lys Glu Phe Glu
305                 310                 315                 320
Glu Thr Ala Lys Lys Val Arg Arg Ala Ile Glu Gln Leu Ala Ala Met
                325                 330                 335
Asp Glu Phe Thr Cys Leu Leu Ala Ser Met Gly Leu Gln Leu Asn Leu
```

340 345 350

Thr Tyr Glu Arg Lys Asp Asn Thr Thr Val Thr Arg Leu Leu Asn Ile

355 360 365

Asn Pro Asn Lys Thr Ser Ala Ser Gly Ser Cys Gly Ala His Leu Val

370 375 380

Thr Leu Glu Leu His Ser Glu Gly Thr Thr Val Leu Leu Phe Gln Phe

385 390 395 400

Gly Met Asn Ala Ser Ser Ser Arg Phe Phe Leu Gln Gly Ile Gln Leu

405 410 415

Asn Thr Ile Leu Pro Asp Ala Arg Asp Pro Ala Phe Lys Ala Ala Asn

420 425 430

Gly Ser Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Val Gly Asn Ser Tyr Lys Cys

435 440 445

Asn Ala Glu Glu His Val Arg Val Thr Lys Ala Phe Ser Val Asn Ile

450 455 460

Phe Lys Val Trp Val Gln Ala Phe Lys Val Glu Gly Gly Gln Phe Gly

465 470 475 480

Ser Val Glu Glu Cys Leu Leu Asp Glu Asn Ser Met Leu Ile Pro Ile

485 490 495

Ala Val Gly Gly Ala Leu Ala Gly Leu Val Leu Ile Val Leu Ile Ala

500 505 510

Tyr Leu Val Gly Arg Lys Arg Ser His Ala Gly Tyr Gln Thr Ile

515 520 525

<210> 198

<211> 365

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 1A01_HLA-A/m__Homo_sapiens__P30443

<400> 198

Met Ala Val Met Ala Pro Arg Thr Leu Leu Leu Leu Leu Ser Gly Ala

1 5 10 15

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

Pro Glu Tyr Trp Asp Gln Glu Thr Arg Asn Met Lys Ala His Ser Gln
85 90 95
Thr Asp Arg Ala Asn Leu Gly Thr Leu Arg Gly Tyr Tyr Asn Gln Ser
100 105 110
Glu Asp Gly Ser His Thr Ile Gln Ile Met Tyr Gly Cys Asp Val Gly
115 120 125
Pro Asp Gly Arg Phe Leu Arg Gly Tyr Arg Gln Asp Ala Tyr Asp Gly
130 135 140

Lys Asp Tyr Ile Ala Leu Asn Glu Asp Leu Arg Ser Trp Thr Ala Ala
145 150 155 160
Asp Met Ala Ala Gln Ile Thr Lys Arg Lys Trp Glu Ala Val His Ala
165 170 175
Ala Glu Gln Arg Arg Val Tyr Leu Glu Gly Arg Cys Val Asp Gly Leu
180 185 190
Arg Arg Tyr Leu Glu Asn Gly Lys Glu Thr Leu Gln Arg Thr Asp Pro
195 200 205

Pro Lys Thr His Met Thr His His Pro Ile Ser Asp His Glu Ala Thr
210 215 220
Leu Arg Cys Trp Ala Leu Gly Phe Tyr Pro Ala Glu Ile Thr Leu Thr
225 230 235 240
Trp Gln Arg Asp Gly Glu Asp Gln Thr Gln Asp Thr Glu Leu Val Glu
245 250 255
Thr Arg Pro Ala Gly Asp Gly Thr Phe Gln Lys Trp Ala Ala Val Val

260 265 270

Val Pro Ser Gly Glu Glu Gln Arg Tyr Thr Cys His Val Gln His Glu
275 280 285
Gly Leu Pro Lys Pro Leu Thr Leu Arg Trp Glu Leu Ser Ser Gln Pro
290 295 300
Thr Ile Pro Ile Val Gly Ile Ile Ala Gly Leu Val Leu Leu Gly Ala
305 310 315 320
Val Ile Thr Gly Ala Val Val Ala Ala Val Met Trp Arg Arg Lys Ser
325 330 335

Ser Asp Arg Lys Gly Gly Ser Tyr Thr Gln Ala Ala Ser Ser Asp Ser
340 345 350
Ala Gln Gly Ser Asp Val Ser Leu Thr Ala Cys Lys Val
355 360 365

<210> 199
<211> 365
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> 1A02__Homo_sapiens__P01892
<400> 199
Met Ala Val Met Ala Pro Arg Thr Leu Val Leu Leu Leu Ser Gly Ala
1 5 10 15
Leu Ala Leu Thr Gln Thr Trp Ala Gly Ser His Ser Met Arg Tyr Phe

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

85 90 95

Thr His Arg Val Asp Leu Gly Thr Leu Arg Gly Tyr Tyr Asn Gln Ser
100 105 110
Glu Ala Gly Ser His Thr Val Gln Arg Met Tyr Gly Cys Asp Val Gly
115 120 125
Ser Asp Trp Arg Phe Leu Arg Gly Tyr His Gln Tyr Ala Tyr Asp Gly
130 135 140
Lys Asp Tyr Ile Ala Leu Lys Glu Asp Leu Arg Ser Trp Thr Ala Ala

145 150 155 160
Asp Met Ala Ala Gln Thr Thr Lys His Lys Trp Glu Ala Ala His Val
165 170 175
Ala Glu Gln Leu Arg Ala Tyr Leu Glu Gly Thr Cys Val Glu Trp Leu
180 185 190
Arg Arg Tyr Leu Glu Asn Gly Lys Glu Thr Leu Gln Arg Thr Asp Ala
195 200 205
Pro Lys Thr His Met Thr His His Ala Val Ser Asp His Glu Ala Thr

210 215 220
Leu Arg Cys Trp Ala Leu Ser Phe Tyr Pro Ala Glu Ile Thr Leu Thr
225 230 235 240
Trp Gln Arg Asp Gly Glu Asp Gln Thr Gln Asp Thr Glu Leu Val Glu
245 250 255
Thr Arg Pro Ala Gly Asp Gly Thr Phe Gln Lys Trp Ala Ala Val Val
260 265 270
Val Pro Ser Gly Gln Glu Gln Arg Tyr Thr Cys His Val Gln His Glu

275 280 285
Gly Leu Pro Lys Pro Leu Thr Leu Arg Trp Glu Pro Ser Ser Gln Pro
290 295 300
Thr Ile Pro Ile Val Gly Ile Ile Ala Gly Leu Val Leu Phe Gly Ala
305 310 315 320
Val Ile Thr Gly Ala Val Val Ala Ala Val Met Trp Arg Arg Lys Ser
325 330 335
Ser Asp Arg Lys Gly Gly Ser Tyr Ser Gln Ala Ala Ser Ser Asp Ser

340 345 350

Ala Gln Gly Ser Asp Val Ser Leu Thr Ala Cys Lys Val

355 360 365

<210> 200

<211> 420

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 5T4__Homo_sapiens__Q13641

<400> 200

Met Pro Gly Gly Cys Ser Arg Gly Pro Ala Ala Gly Asp Gly Arg Leu

1 5 10 15

Arg Leu Ala Arg Leu Ala Leu Val Leu Leu Gly Trp Val Ser Ser Ser

20 25 30

Ser Pro Thr Ser Ser Ala Ser Ser Phe Ser Ser Ser Ala Pro Phe Leu

35 40 45

Ala Ser Ala Val Ser Ala Gln Pro Pro Leu Pro Asp Gln Cys Pro Ala

50 55 60

Leu Cys Glu Cys Ser Glu Ala Ala Arg Thr Val Lys Cys Val Asn Arg

65 70 75 80

Asn Leu Thr Glu Val Pro Thr Asp Leu Pro Ala Tyr Val Arg Asn Leu

85 90 95

Phe Leu Thr Gly Asn Gln Leu Ala Val Leu Pro Ala Gly Ala Phe Ala

100 105 110

Arg Arg Pro Pro Leu Ala Glu Leu Ala Ala Leu Asn Leu Ser Gly Ser

115 120 125

Arg Leu Asp Glu Val Arg Ala Gly Ala Phe Glu His Leu Pro Ser Leu

130 135 140

Arg Gln Leu Asp Leu Ser His Asn Pro Leu Ala Asp Leu Ser Pro Phe

145 150 155 160

Ala Phe Ser Gly Ser Asn Ala Ser Val Ser Ala Pro Ser Pro Leu Val

165 170 175

Glu Leu Ile Leu Asn His Ile Val Pro Pro Glu Asp Glu Arg Gln Asn

180 185 190

Arg Ser Phe Glu Gly Met Val Val Ala Ala Leu Leu Ala Gly Arg Ala

195 200 205

Leu Gln Gly Leu Arg Arg Leu Glu Leu Ala Ser Asn His Phe Leu Tyr

210 215 220

Leu Pro Arg Asp Val Leu Ala Gln Leu Pro Ser Leu Arg His Leu Asp

225 230 235 240

Leu Ser Asn Asn Ser Leu Val Ser Leu Thr Tyr Val Ser Phe Arg Asn

245 250 255

Leu Thr His Leu Glu Ser Leu His Leu Glu Asp Asn Ala Leu Lys Val

260 265 270

Leu His Asn Gly Thr Leu Ala Glu Leu Gln Gly Leu Pro His Ile Arg

275 280 285

Val Phe Leu Asp Asn Asn Pro Trp Val Cys Asp Cys His Met Ala Asp

290 295 300

Met Val Thr Trp Leu Lys Glu Thr Glu Val Val Gln Gly Lys Asp Arg

305 310 315 320

Leu Thr Cys Ala Tyr Pro Glu Lys Met Arg Asn Arg Val Leu Leu Glu

325 330 335

Leu Asn Ser Ala Asp Leu Asp Cys Asp Pro Ile Leu Pro Pro Ser Leu

340 345 350

Gln Thr Ser Tyr Val Phe Leu Gly Ile Val Leu Ala Leu Ile Gly Ala

355 360 365

Ile Phe Leu Leu Val Leu Tyr Leu Asn Arg Lys Gly Ile Lys Lys Trp

370 375 380

Met His Asn Ile Arg Asp Ala Cys Arg Asp His Met Glu Gly Tyr His

385 390 395 400

Tyr Arg Tyr Glu Ile Asn Ala Asp Pro Arg Leu Thr Asn Leu Ser Ser

405 410 415

Asn Ser Asp Val

420

<210> 201

<211> 543

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ACRBP__Homo_sapiens__Q8NEB7

<400> 201

Met Arg Lys Pro Ala Ala Gly Phe Leu Pro Ser Leu Leu Lys Val Leu
1 5 10 15

Leu Leu Pro Leu Ala Pro Ala Ala Ala Gln Asp Ser Thr Gln Ala Ser
20 25 30

Thr Pro Gly Ser Pro Leu Ser Pro Thr Glu Tyr Glu Arg Phe Phe Ala
35 40 45

Leu Leu Thr Pro Thr Trp Lys Ala Glu Thr Thr Cys Arg Leu Arg Ala
50 55 60

Thr His Gly Cys Arg Asn Pro Thr Leu Val Gln Leu Asp Gln Tyr Glu
65 70 75 80

Asn His Gly Leu Val Pro Asp Gly Ala Val Cys Ser Asn Leu Pro Tyr
85 90 95

Ala Ser Trp Phe Glu Ser Phe Cys Gln Phe Thr His Tyr Arg Cys Ser
100 105 110

Asn His Val Tyr Tyr Ala Lys Arg Val Leu Cys Ser Gln Pro Val Ser
115 120 125

Ile Leu Ser Pro Asn Thr Leu Lys Glu Ile Glu Ala Ser Ala Glu Val
130 135 140

Ser Pro Thr Thr Met Thr Ser Pro Ile Ser Pro His Phe Thr Val Thr
145 150 155 160

Glu Arg Gln Thr Phe Gln Pro Trp Pro Glu Arg Leu Ser Asn Asn Val
165 170 175

Glu Glu Leu Leu Gln Ser Ser Leu Ser Leu Gly Gly Gln Glu Gln Ala
180 185 190

Pro Glu His Lys Gln Glu Gln Gly Val Glu His Arg Gln Glu Pro Thr
195 200 205

Gln Glu His Lys Gln Glu Glu Gly Gln Lys Gln Glu Glu Gln Glu Glu
210 215 220
Glu Gln Glu Glu Glu Gly Lys Gln Glu Glu Gly Gln Gly Thr Lys Glu
225 230 235 240

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

Asn Ser Tyr Trp Arg Asn Gln Asn Pro Gly Ser Leu Leu Gln Leu Pro
305 310 315 320
His Thr Glu Ala Leu Leu Val Leu Cys Tyr Ser Ile Val Glu Asn Thr
325 330 335
Cys Ile Ile Thr Pro Thr Ala Lys Ala Trp Lys Tyr Met Glu Glu Glu
340 345 350
Ile Leu Gly Phe Gly Lys Ser Val Cys Asp Ser Leu Gly Arg Arg His
355 360 365

Met Ser Thr Cys Ala Leu Cys Asp Phe Cys Ser Leu Lys Leu Glu Gln
370 375 380
Cys His Ser Glu Ala Ser Leu Gln Arg Gln Gln Cys Asp Thr Ser His
385 390 395 400
Lys Thr Pro Phe Val Ser Pro Leu Leu Ala Ser Gln Ser Leu Ser Ile
405 410 415
Gly Asn Gln Val Gly Ser Pro Glu Ser Gly Arg Phe Tyr Gly Leu Asp
420 425 430

Leu Tyr Gly Gly Leu His Met Asp Phe Trp Cys Ala Arg Leu Ala Thr
435 440 445
Lys Gly Cys Glu Asp Val Arg Val Ser Gly Trp Leu Gln Thr Glu Phe

450 455 460

Leu Ser Phe Gln Asp Gly Asp Phe Pro Thr Lys Ile Cys Asp Thr Asp

465 470 475 480

Tyr Ile Gln Tyr Pro Asn Tyr Cys Ser Phe Lys Ser Gln Gln Cys Leu

485 490 495

Met Arg Asn Arg Asn Arg Lys Val Ser Arg Met Arg Cys Leu Gln Asn

500 505 510

Glu Thr Tyr Ser Ala Leu Ser Pro Gly Lys Ser Glu Asp Val Val Leu

515 520 525

Arg Trp Ser Gln Glu Phe Ser Thr Leu Thr Leu Gly Gln Phe Gly

530 535 540

<210> 202

<211> 609

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> AFP__Homo_sapiens__P02771

<400> 202

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

1 5 10 15

Glu Ser Arg Thr Leu His Arg Asn Glu Tyr Gly Ile Ala Ser Ile Leu

20 25 30

Asp Ser Tyr Gln Cys Thr Ala Glu Ile Ser Leu Ala Asp Leu Ala Thr

35 40 45

Ile Phe Phe Ala Gln Phe Val Gln Glu Ala Thr Tyr Lys Glu Val Ser

50 55 60

Lys Met Val Lys Asp Ala Leu Thr Ala Ile Glu Lys Pro Thr Gly Asp

65 70 75 80

Glu Gln Ser Ser Gly Cys Leu Glu Asn Gln Leu Pro Ala Phe Leu Glu

85 90 95

Glu Leu Cys His Glu Lys Glu Ile Leu Glu Lys Tyr Gly His Ser Asp

100 105 110

Cys Cys Ser Gln Ser Glu Glu Gly Arg His Asn Cys Phe Leu Ala His

115 120 125

Lys Lys Pro Thr Pro Ala Ser Ile Pro Leu Phe Gln Val Pro Glu Pro

130 135 140

Val Thr Ser Cys Glu Ala Tyr Glu Glu Asp Arg Glu Thr Phe Met Asn

145 150 155 160

Lys Phe Ile Tyr Glu Ile Ala Arg Arg His Pro Phe Leu Tyr Ala Pro

165 170 175

Thr Ile Leu Leu Trp Ala Ala Arg Tyr Asp Lys Ile Ile Pro Ser Cys

180 185 190

Cys Lys Ala Glu Asn Ala Val Glu Cys Phe Gln Thr Lys Ala Ala Thr

195 200 205

Val Thr Lys Glu Leu Arg Glu Ser Ser Leu Leu Asn Gln His Ala Cys

210 215 220

Ala Val Met Lys Asn Phe Gly Thr Arg Thr Phe Gln Ala Ile Thr Val

225 230 235 240

Thr Lys Leu Ser Gln Lys Phe Thr Lys Val Asn Phe Thr Glu Ile Gln

245 250 255

Lys Leu Val Leu Asp Val Ala His Val His Glu His Cys Cys Arg Gly

260 265 270

Asp Val Leu Asp Cys Leu Gln Asp Gly Glu Lys Ile Met Ser Tyr Ile

275 280 285

Cys Ser Gln Gln Asp Thr Leu Ser Asn Lys Ile Thr Glu Cys Cys Lys

290 295 300

Leu Thr Thr Leu Glu Arg Gly Gln Cys Ile Ile His Ala Glu Asn Asp

305 310 315 320

Glu Lys Pro Glu Gly Leu Ser Pro Asn Leu Asn Arg Phe Leu Gly Asp

325 330 335

Arg Asp Phe Asn Gln Phe Ser Ser Gly Glu Lys Asn Ile Phe Leu Ala

340 345 350

Ser Phe Val His Glu Tyr Ser Arg Arg His Pro Gln Leu Ala Val Ser

355 360 365

Val Ile Leu Arg Val Ala Lys Gly Tyr Gln Glu Leu Leu Glu Lys Cys
370 375 380
Phe Gln Thr Glu Asn Pro Leu Glu Cys Gln Asp Lys Gly Glu Glu Glu

385 390 395 400
Leu Gln Lys Tyr Ile Gln Glu Ser Gln Ala Leu Ala Lys Arg Ser Cys
405 410 415
Gly Leu Phe Gln Lys Leu Gly Glu Tyr Tyr Leu Gln Asn Ala Phe Leu
420 425 430
Val Ala Tyr Thr Lys Lys Ala Pro Gln Leu Thr Ser Ser Glu Leu Met
435 440 445
Ala Ile Thr Arg Lys Met Ala Ala Thr Ala Ala Thr Cys Cys Gln Leu

450 455 460
Ser Glu Asp Lys Leu Leu Ala Cys Gly Glu Gly Ala Ala Asp Ile Ile
465 470 475 480
Ile Gly His Leu Cys Ile Arg His Glu Met Thr Pro Val Asn Pro Gly
485 490 495
Val Gly Gln Cys Cys Thr Ser Ser Tyr Ala Asn Arg Arg Pro Cys Phe
500 505 510
Ser Ser Leu Val Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Pro Ala Phe Ser Asp

515 520 525
Asp Lys Phe Ile Phe His Lys Asp Leu Cys Gln Ala Gln Gly Val Ala
530 535 540
Leu Gln Thr Met Lys Gln Glu Phe Leu Ile Asn Leu Val Lys Gln Lys
545 550 555 560
Pro Gln Ile Thr Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Ile Ala Asp Phe Ser
565 570 575
Gly Leu Leu Glu Lys Cys Cys Gln Gly Gln Glu Gln Glu Val Cys Phe

580 585 590
Ala Glu Glu Gly Gln Lys Leu Ile Ser Lys Thr Arg Ala Ala Leu Gly
595 600 605
Val

<210> 203

<211> 854

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> AKAP4__Homo_sapiens__Q5JQC9

<400> 203

Met Met Ala Tyr Ser Asp Thr Thr Met Met Ser Asp Asp Ile Asp Trp
1 5 10 15

Leu Arg Ser His Arg Gly Val Cys Lys Val Asp Leu Tyr Asn Pro Glu

20 25 30

Gly Gln Gln Asp Gln Asp Arg Lys Val Ile Cys Phe Val Asp Val Ser
35 40 45

Thr Leu Asn Val Glu Asp Lys Asp Tyr Lys Asp Ala Ala Ser Ser Ser
50 55 60

Ser Glu Gly Asn Leu Asn Leu Gly Ser Leu Glu Glu Lys Glu Ile Ile
65 70 75 80

Val Ile Lys Asp Thr Glu Lys Lys Asp Gln Ser Lys Thr Glu Gly Ser

85 90 95

Val Cys Leu Phe Lys Gln Ala Pro Ser Asp Pro Val Ser Val Leu Asn
100 105 110

Trp Leu Leu Ser Asp Leu Gln Lys Tyr Ala Leu Gly Phe Gln His Ala
115 120 125

Leu Ser Pro Ser Thr Ser Thr Cys Lys His Lys Val Gly Asp Thr Glu
130 135 140

Gly Glu Tyr His Arg Ala Ser Ser Glu Asn Cys Tyr Ser Val Tyr Ala

145 150 155 160

Asp Gln Val Asn Ile Asp Tyr Leu Met Asn Arg Pro Gln Asn Leu Arg
165 170 175

Leu Glu Met Thr Ala Ala Lys Asn Thr Asn Asn Asn Gln Ser Pro Ser
180 185 190

Ala Pro Pro Ala Lys Pro Pro Ser Thr Gln Arg Ala Val Ile Ser Pro
195 200 205

Asp Gly Glu Cys Ser Ile Asp Asp Leu Ser Phe Tyr Val Asn Arg Leu

210 215 220

Ser Ser Leu Val Ile Gln Met Ala His Lys Glu Ile Lys Glu Lys Leu

225 230 235 240

Glu Gly Lys Ser Lys Cys Leu His His Ser Ile Cys Pro Ser Pro Gly

245 250 255

Asn Lys Glu Arg Ile Ser Pro Arg Thr Pro Ala Ser Lys Ile Ala Ser

260 265 270

Glu Met Ala Tyr Glu Ala Val Glu Leu Thr Ala Ala Glu Met Arg Gly

275 280 285

Thr Gly Glu Glu Ser Arg Glu Gly Gly Gln Lys Ser Phe Leu Tyr Ser

290 295 300

Glu Leu Ser Asn Lys Ser Lys Ser Gly Asp Lys Gln Met Ser Gln Arg

305 310 315 320

Glu Ser Lys Glu Phe Ala Asp Ser Ile Ser Lys Gly Leu Met Val Tyr

325 330 335

Ala Asn Gln Val Ala Ser Asp Met Met Val Ser Leu Met Lys Thr Leu

340 345 350

Lys Val His Ser Ser Gly Lys Pro Ile Pro Ala Ser Val Val Leu Lys

355 360 365

Arg Val Leu Leu Arg His Thr Lys Glu Ile Val Ser Asp Leu Ile Asp

370 375 380

Ser Cys Met Lys Asn Leu His Asn Ile Thr Gly Val Leu Met Thr Asp

385 390 395 400

Ser Asp Phe Val Ser Ala Val Lys Arg Asn Leu Phe Asn Gln Trp Lys

405 410 415

Gln Asn Ala Thr Asp Ile Met Glu Ala Met Leu Lys Arg Leu Val Ser

420 425 430

Ala Leu Ile Gly Glu Glu Lys Glu Thr Lys Ser Gln Ser Leu Ser Tyr

435 440 445

Ala Ser Leu Lys Ala Gly Ser His Asp Pro Lys Cys Arg Asn Gln Ser

```
    450                 455                 460
Leu Glu Phe Ser Thr Met Lys Ala Glu Met Lys Glu Arg Asp Lys Gly

465                 470                 475                 480
Lys Met Lys Ser Asp Pro Cys Lys Ser Leu Thr Ser Ala Glu Lys Val
                485                 490                 495
Gly Glu His Ile Leu Lys Glu Gly Leu Thr Ile Trp Asn Gln Lys Gln
            500                 505                 510
Gly Asn Ser Cys Lys Val Ala Thr Lys Ala Cys Ser Asn Lys Asp Glu
        515                 520                 525
Lys Gly Glu Lys Ile Asn Ala Ser Thr Asp Ser Leu Ala Lys Asp Leu

    530                 535                 540
Ile Val Ser Ala Leu Lys Leu Ile Gln Tyr His Leu Thr Gln Gln Thr
545                 550                 555                 560
Lys Gly Lys Asp Thr Cys Glu Glu Asp Cys Pro Gly Ser Thr Met Gly
                565                 570                 575
Tyr Met Ala Gln Ser Thr Gln Tyr Glu Lys Cys Gly Gly Gly Gln Ser
            580                 585                 590
Ala Lys Ala Leu Ser Val Lys Gln Leu Glu Ser His Arg Ala Pro Gly

        595                 600                 605
Pro Ser Thr Cys Gln Lys Glu Asn Gln His Leu Asp Ser Gln Lys Met
    610                 615                 620
Asp Met Ser Asn Ile Val Leu Met Leu Ile Gln Lys Leu Leu Asn Glu
625                 630                 635                 640
Asn Pro Phe Lys Cys Glu Asp Pro Cys Glu Gly Glu Asn Lys Cys Ser
                645                 650                 655
Glu Pro Arg Ala Ser Lys Ala Ala Ser Met Ser Asn Arg Ser Asp Lys

            660                 665                 670
Ala Glu Glu Gln Cys Gln Glu His Gln Glu Leu Asp Cys Thr Ser Gly
        675                 680                 685
Met Lys Gln Ala Asn Gly Gln Phe Ile Asp Lys Leu Val Glu Ser Val
    690                 695                 700
```

Met Lys Leu Cys Leu Ile Met Ala Lys Tyr Ser Asn Asp Gly Ala Ala
705 710 715 720
Leu Ala Glu Leu Glu Glu Gln Ala Ala Ser Ala Asn Lys Pro Asn Phe

725 730 735
Arg Gly Thr Arg Cys Ile His Ser Gly Ala Met Pro Gln Asn Tyr Gln
740 745 750
Asp Ser Leu Gly His Glu Val Ile Val Asn Asn Gln Cys Ser Thr Asn
755 760 765
Ser Leu Gln Lys Gln Leu Gln Ala Val Leu Gln Trp Ile Ala Ala Ser
770 775 780
Gln Phe Asn Val Pro Met Leu Tyr Phe Met Gly Asp Lys Asp Gly Gln

785 790 795 800
Leu Glu Lys Leu Pro Gln Val Ser Ala Lys Ala Ala Glu Lys Gly Tyr
805 810 815
Ser Val Gly Gly Leu Leu Gln Glu Val Met Lys Phe Ala Lys Glu Arg
820 825 830
Gln Pro Asp Glu Ala Val Gly Lys Val Ala Arg Lys Gln Leu Leu Asp
835 840 845
Trp Leu Leu Ala Asn Leu
850

<210> 204

<211> 416
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> alpha-actinin-_4/m__Homo_sapiens__B4DSX0
<400> 204
Met Val Asp Tyr His Ala Ala Asn Gln Ser Tyr Gln Tyr Gly Pro Ser
1 5 10 15
Ser Ala Gly Asn Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ser Met Gly Asp Tyr Met
20 25 30
Ala Gln Glu Asp Asp Trp Asp Arg Asp Leu Leu Leu Asp Pro Ala Trp

35 40 45

Glu Lys Gln Gln Arg Lys Thr Phe Thr Ala Trp Cys Asn Ser His Leu
50 55 60
Arg Lys Ala Gly Thr Gln Ile Glu Asn Ile Asp Glu Asp Phe Arg Asp
65 70 75 80
Gly Leu Lys Leu Met Leu Leu Leu Glu Val Ile Ser Gly Glu Arg Leu
85 90 95
Pro Lys Pro Glu Arg Gly Lys Met Arg Val His Lys Ile Asn Asn Val
100 105 110

Asn Lys Ala Leu Asp Phe Ile Ala Ser Lys Gly Val Lys Leu Val Ser
115 120 125
Ile Gly Ala Glu Glu Ile Val Asp Gly Asn Ala Lys Met Thr Leu Gly
130 135 140
Met Ile Trp Thr Ile Ile Leu Arg Phe Ala Ile Gln Asp Ile Ser Val
145 150 155 160
Glu Glu Thr Ser Ala Lys Glu Gly Leu Leu Leu Trp Cys Gln Arg Lys
165 170 175

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

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

Gln Glu Asn Glu His Leu Met Glu Asp Tyr Glu Lys Leu Ala Ser Asp
290 295 300

Leu Leu Glu Trp Ile Arg Arg Thr Ile Pro Trp Leu Glu Asp Arg Val
305 310 315 320
Pro Gln Lys Thr Ile Gln Glu Met Gln Gln Lys Leu Glu Asp Phe Arg
325 330 335
Asp Tyr Arg Arg Val His Lys Pro Pro Lys Val Gln Glu Lys Cys Gln
340 345 350
Leu Glu Ile Asn Phe Asn Thr Leu Gln Thr Lys Leu Arg Leu Ser Asn
355 360 365

Arg Pro Ala Phe Met Pro Ser Trp Arg Ser Arg Ala Ser Ser Ser Pro
370 375 380
Thr Ser Thr Cys Ala Ala Ser Ser Pro Ala Arg Pro Met Leu Trp Gly
385 390 395 400
Pro Gly Ser Arg Pro Arg Trp Arg Arg Ser Gly Ala Ser Pro Leu Arg
405 410 415

<210> 205
<211> 562
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> alpha-actinin-_4/m__Homo_sapiens__B4E337

<400> 205
Met Val Asp Tyr His Ala Ala Asn Gln Ser Tyr Gln Tyr Gly Pro Ser
1 5 10 15
Ser Ala Gly Asn Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ser Met Gly Asp Tyr Met
20 25 30
Ala Gln Glu Asp Asp Trp Asp Arg Asp Leu Leu Leu Asp Pro Ala Trp
35 40 45
Glu Lys Gln Gln Arg Lys Thr Phe Thr Ala Trp Cys Asn Ser His Leu
50 55 60

Arg Lys Ala Gly Thr Gln Ile Glu Asn Ile Asp Glu Asp Phe Arg Asp

65 70 75 80

Gly Leu Lys Leu Met Leu Leu Leu Glu Val Ile Ser Gly Glu Arg Leu

85 90 95

Pro Lys Pro Glu Arg Gly Lys Met Arg Val His Lys Ile Asn Asn Val

100 105 110

Asn Lys Ala Leu Asp Phe Ile Ala Ser Lys Gly Val Lys Leu Val Ser

115 120 125

Ile Gly Ala Glu Glu Ile Val Asp Gly Asn Ala Lys Met Thr Leu Gly

130 135 140

Met Ile Trp Thr Ile Ile Leu Arg Phe Ala Ile Gln Asp Ile Ser Val

145 150 155 160

Glu Glu Thr Ser Ala Lys Glu Gly Leu Leu Leu Trp Cys Gln Arg Lys

165 170 175

Thr Ala Pro Tyr Lys Asn Val Asn Val Gln Asn Phe His Ile Ser Trp

180 185 190

Lys Asp Gly Leu Ala Phe Asn Ala Leu Ile His Arg His Arg Pro Glu

195 200 205

Leu Ile Glu Tyr Asp Lys Leu Arg Lys Asp Asp Pro Val Thr Asn Leu

210 215 220

Asn Asn Ala Phe Glu Val Ala Glu Lys Tyr Leu Asp Ile Pro Lys Met

225 230 235 240

Leu Asp Ala Glu Asp Ile Val Asn Thr Ala Arg Pro Asp Glu Lys Ala

245 250 255

Ile Met Thr Tyr Val Ser Ser Phe Tyr His Ala Phe Ser Gly Ala Gln

260 265 270

Lys Ala Glu Thr Ala Ala Asn Arg Ile Cys Lys Val Leu Ala Val Asn

275 280 285

Gln Glu Asn Glu His Leu Met Glu Asp Tyr Glu Lys Leu Ala Ser Asp

290 295 300

Leu Leu Glu Trp Ile Gln Arg Thr Ile Pro Trp Leu Glu Asp Arg Val

305 310 315 320

Pro Gln Lys Ala Ile Gln Glu Met Gln Gln Lys Leu Glu Asp Phe Arg
325 330 335
Asp Tyr Arg Arg Val His Lys Pro Pro Lys Val Gln Glu Lys Cys Gln
340 345 350
Leu Glu Ile Asn Phe Asn Thr Leu Gln Thr Lys Leu Arg Leu Ser Asn
355 360 365
Arg Pro Ala Phe Met Pro Ser Glu Gly Lys Met Val Ser Asp Ile Asn
370 375 380

Asn Gly Trp Gln His Leu Glu Gln Ala Glu Lys Gly Tyr Glu Glu Trp
385 390 395 400
Leu Leu Asn Glu Ile Arg Arg Leu Glu Arg Leu Asp His Leu Ala Glu
405 410 415
Lys Phe Arg Gln Lys Ala Ser Ile His Glu Ala Trp Thr Asp Gly Lys
420 425 430
Glu Ala Met Leu Lys His Arg Asp Tyr Glu Thr Ala Thr Leu Ser Asp
435 440 445

Ile Lys Ala Leu Ile Arg Lys His Glu Ala Phe Glu Ser Asp Leu Ala
450 455 460
Ala His Gln Asp Arg Val Glu Gln Ile Ala Ala Ile Ala Gln Glu Leu
465 470 475 480
Asn Glu Leu Asp Tyr Tyr Asp Ser His Asn Val Asn Thr Pro Asp Gly
485 490 495
Leu Gln Glu Gly Pro Gly Gln Pro His Ser Pro Ile Pro Pro Leu Cys
500 505 510

Ile Tyr Ala Lys His Ser Leu Gln Ser Ser Gly Val Gly Gly Trp Ala
515 520 525
Gly Arg Gly Trp Gly Arg Leu Ser Pro Leu Ser Leu Cys Gly Leu Ala
530 535 540
Arg Arg Phe Pro Arg Pro Gly Trp Gly Asp Leu Gly Pro Ala Leu Leu
545 550 555 560
Val Trp
<210> 206

<211> 911

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> alpha-actinin-_4/m__Homo_sapiens__O43707

<400> 206

Met Val Asp Tyr His Ala Ala Asn Gln Ser Tyr Gln Tyr Gly Pro Ser
1 5 10 15

Ser Ala Gly Asn Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ser Met Gly Asp Tyr Met
20 25 30

Ala Gln Glu Asp Asp Trp Asp Arg Asp Leu Leu Leu Asp Pro Ala Trp
35 40 45

Glu Lys Gln Gln Arg Lys Thr Phe Thr Ala Trp Cys Asn Ser His Leu
50 55 60

Arg Lys Ala Gly Thr Gln Ile Glu Asn Ile Asp Glu Asp Phe Arg Asp
65 70 75 80

Gly Leu Lys Leu Met Leu Leu Leu Glu Val Ile Ser Gly Glu Arg Leu
85 90 95

Pro Lys Pro Glu Arg Gly Lys Met Arg Val His Lys Ile Asn Asn Val
100 105 110

Asn Lys Ala Leu Asp Phe Ile Ala Ser Lys Gly Val Lys Leu Val Ser
115 120 125

Ile Gly Ala Glu Glu Ile Val Asp Gly Asn Ala Lys Met Thr Leu Gly
130 135 140

Met Ile Trp Thr Ile Ile Leu Arg Phe Ala Ile Gln Asp Ile Ser Val
145 150 155 160

Glu Glu Thr Ser Ala Lys Glu Gly Leu Leu Leu Trp Cys Gln Arg Lys
165 170 175

Thr Ala Pro Tyr Lys Asn Val Asn Val Gln Asn Phe His Ile Ser Trp
180 185 190

Lys Asp Gly Leu Ala Phe Asn Ala Leu Ile His Arg His Arg Pro Glu
195 200 205

Leu Ile Glu Tyr Asp Lys Leu Arg Lys Asp Asp Pro Val Thr Asn Leu
210 215 220
Asn Asn Ala Phe Glu Val Ala Glu Lys Tyr Leu Asp Ile Pro Lys Met
225 230 235 240
Leu Asp Ala Glu Asp Ile Val Asn Thr Ala Arg Pro Asp Glu Lys Ala
245 250 255

Ile Met Thr Tyr Val Ser Ser Phe Tyr His Ala Phe Ser Gly Ala Gln
260 265 270
Lys Ala Glu Thr Ala Ala Asn Arg Ile Cys Lys Val Leu Ala Val Asn
275 280 285
Gln Glu Asn Glu His Leu Met Glu Asp Tyr Glu Lys Leu Ala Ser Asp
290 295 300
Leu Leu Glu Trp Ile Arg Arg Thr Ile Pro Trp Leu Glu Asp Arg Val
305 310 315 320

Pro Gln Lys Thr Ile Gln Glu Met Gln Gln Lys Leu Glu Asp Phe Arg
325 330 335
Asp Tyr Arg Arg Val His Lys Pro Pro Lys Val Gln Glu Lys Cys Gln
340 345 350
Leu Glu Ile Asn Phe Asn Thr Leu Gln Thr Lys Leu Arg Leu Ser Asn
355 360 365
Arg Pro Ala Phe Met Pro Ser Glu Gly Lys Met Val Ser Asp Ile Asn
370 375 380

Asn Gly Trp Gln His Leu Glu Gln Ala Glu Lys Gly Tyr Glu Glu Trp
385 390 395 400
Leu Leu Asn Glu Ile Arg Arg Leu Glu Arg Leu Asp His Leu Ala Glu
405 410 415
Lys Phe Arg Gln Lys Ala Ser Ile His Glu Ala Trp Thr Asp Gly Lys
420 425 430
Glu Ala Met Leu Lys His Arg Asp Tyr Glu Thr Ala Thr Leu Ser Asp
435 440 445

Ile Lys Ala Leu Ile Arg Lys His Glu Ala Phe Glu Ser Asp Leu Ala

450 455 460

Ala His Gln Asp Arg Val Glu Gln Ile Ala Ala Ile Ala Gln Glu Leu

465 470 475 480

Asn Glu Leu Asp Tyr Tyr Asp Ser His Asn Val Asn Thr Arg Cys Gln

485 490 495

Lys Ile Cys Asp Gln Trp Asp Ala Leu Gly Ser Leu Thr His Ser Arg

500 505 510

Arg Glu Ala Leu Glu Lys Thr Glu Lys Gln Leu Glu Ala Ile Asp Gln

515 520 525

Leu His Leu Glu Tyr Ala Lys Arg Ala Ala Pro Phe Asn Asn Trp Met

530 535 540

Glu Ser Ala Met Glu Asp Leu Gln Asp Met Phe Ile Val His Thr Ile

545 550 555 560

Glu Glu Ile Glu Gly Leu Ile Ser Ala His Asp Gln Phe Lys Ser Thr

565 570 575

Leu Pro Asp Ala Asp Arg Glu Arg Glu Ala Ile Leu Ala Ile His Lys

580 585 590

Glu Ala Gln Arg Ile Ala Glu Ser Asn His Ile Lys Leu Ser Gly Ser

595 600 605

Asn Pro Tyr Thr Thr Val Thr Pro Gln Ile Ile Asn Ser Lys Trp Glu

610 615 620

Lys Val Gln Gln Leu Val Pro Lys Arg Asp His Ala Leu Leu Glu Glu

625 630 635 640

Gln Ser Lys Gln Gln Ser Asn Glu His Leu Arg Arg Gln Phe Ala Ser

645 650 655

Gln Ala Asn Val Val Gly Pro Trp Ile Gln Thr Lys Met Glu Glu Ile

660 665 670

Gly Arg Ile Ser Ile Glu Met Asn Gly Thr Leu Glu Asp Gln Leu Ser

675 680 685

His Leu Lys Gln Tyr Glu Arg Ser Ile Val Asp Tyr Lys Pro Asn Leu

690 695 700

Asp Leu Leu Glu Gln Gln His Gln Leu Ile Gln Glu Ala Leu Ile Phe
705 710 715 720
Asp Asn Lys His Thr Asn Tyr Thr Met Glu His Ile Arg Val Gly Trp
725 730 735
Glu Gln Leu Leu Thr Thr Ile Ala Arg Thr Ile Asn Glu Val Glu Asn
740 745 750
Gln Ile Leu Thr Arg Asp Ala Lys Gly Ile Ser Gln Glu Gln Met Gln
755 760 765

Glu Phe Arg Ala Ser Phe Asn His Phe Asp Lys Asp His Gly Gly Ala
770 775 780
Leu Gly Pro Glu Glu Phe Lys Ala Cys Leu Ile Ser Leu Gly Tyr Asp
785 790 795 800
Val Glu Asn Asp Arg Gln Gly Glu Ala Glu Phe Asn Arg Ile Met Ser
805 810 815
Leu Val Asp Pro Asn His Ser Gly Leu Val Thr Phe Gln Ala Phe Ile
820 825 830

Asp Phe Met Ser Arg Glu Thr Thr Asp Thr Asp Thr Ala Asp Gln Val
835 840 845
Ile Ala Ser Phe Lys Val Leu Ala Gly Asp Lys Asn Phe Ile Thr Ala
850 855 860
Glu Glu Leu Arg Arg Glu Leu Pro Pro Asp Gln Ala Glu Tyr Cys Ile
865 870 875 880
Ala Arg Met Ala Pro Tyr Gln Gly Pro Asp Ala Val Pro Gly Ala Leu
885 890 895

Asp Tyr Lys Ser Phe Ser Thr Ala Leu Tyr Gly Glu Ser Asp Leu
900 905 910

<210> 207
<211> 198
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> alpha-methylacyl-coenzyme_A_racemase__Homo_sapiens__A0A024RE16
<400> 207

Met Ala Leu Gln Gly Ile Ser Val Met Glu Leu Ser Gly Leu Ala Pro
1 5 10 15
Gly Pro Phe Cys Ala Met Val Leu Ala Asp Phe Gly Ala Arg Val Val
20 25 30

Arg Val Asp Arg Pro Gly Ser Arg Tyr Asp Val Ser Arg Leu Gly Arg
35 40 45
Gly Lys Arg Ser Leu Val Leu Asp Leu Lys Gln Pro Arg Gly Ala Ala
50 55 60
Val Leu Arg Arg Leu Cys Lys Arg Ser Asp Val Leu Leu Glu Pro Phe
65 70 75 80
Arg Arg Gly Val Met Glu Lys Leu Gln Leu Gly Pro Glu Ile Leu Gln
85 90 95

Arg Glu Asn Pro Arg Leu Ile Tyr Ala Arg Leu Ser Gly Phe Gly Gln
100 105 110
Ser Gly Ser Phe Cys Arg Leu Ala Gly His Asp Ile Asn Tyr Leu Ala
115 120 125
Leu Ser Gly Gly Arg Asn Ser Ile Phe Lys Phe Phe Ser Val Glu Asn
130 135 140
Ser Glu Ile Glu Ser Val Gly Ser Thr Ser Arg Thr Glu His Val Gly
145 150 155 160

Trp Trp Ser Thr Phe Leu Tyr Asp Leu Gln Asp Ser Arg Trp Gly Ile
165 170 175
His Gly Cys Trp Ser Asn Arg Thr Pro Val Leu Arg Ala Ala Asp Gln
180 185 190
Arg Thr Trp Thr Lys Val
195

<210> 208
<211> 198
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> alpha-methylacyl-coenzyme_A_racemase__Homo_sapiens__A8KAC3
<400> 208

Met Ala Leu Gln Gly Ile Ser Val Val Glu Leu Ser Gly Leu Ala Pro

1 5 10 15

Gly Pro Phe Cys Ala Met Val Leu Ala Asp Phe Gly Ala Arg Val Val

20 25 30

Arg Val Asp Arg Pro Gly Ser Arg Tyr Asp Val Ser Arg Leu Gly Arg

35 40 45

Gly Lys Arg Ser Leu Val Leu Asp Leu Lys Gln Pro Arg Gly Ala Ala

50 55 60

Val Leu Arg Arg Leu Cys Lys Arg Ser Asp Val Leu Leu Glu Pro Phe

65 70 75 80

Arg Arg Gly Val Met Glu Lys Leu Gln Leu Gly Pro Glu Ile Leu Gln

85 90 95

Arg Glu Asn Pro Arg Leu Ile Tyr Ala Arg Leu Ser Gly Phe Gly Gln

100 105 110

Ser Gly Ser Phe Cys Arg Leu Ala Gly His Asp Ile Asn Tyr Leu Ala

115 120 125

Leu Ser Gly Gly Arg Asn Ser Ile Phe Lys Phe Phe Ser Val Glu Asn

130 135 140

Ser Glu Ile Glu Ser Val Gly Ser Thr Ser Arg Thr Glu His Val Gly

145 150 155 160

Trp Trp Ser Thr Phe Leu Tyr Asp Leu Gln Asp Ser Arg Trp Gly Ile

165 170 175

His Gly Cys Trp Ser Asn Arg Thr Pro Phe Leu Arg Ala Ala Asp Gln

180 185 190

Arg Thr Trp Thr Lys Val

195

<210> 209

<211> 920

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ANDR__Homo_sapiens__P10275

<400> 209

Met Glu Val Gln Leu Gly Leu Gly Arg Val Tyr Pro Arg Pro Pro Ser
1 5 10 15

Lys Thr Tyr Arg Gly Ala Phe Gln Asn Leu Phe Gln Ser Val Arg Glu
20 25 30

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

Pro Pro Gly Ala Ser Leu Leu Leu Leu Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln

50 55 60

Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln
65 70 75 80

Glu Thr Ser Pro Arg Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gly Glu Asp Gly Ser
85 90 95

Pro Gln Ala His Arg Arg Gly Pro Thr Gly Tyr Leu Val Leu Asp Glu
100 105 110

Glu Gln Gln Pro Ser Gln Pro Gln Ser Ala Leu Glu Cys His Pro Glu

115 120 125

Arg Gly Cys Val Pro Glu Pro Gly Ala Ala Val Ala Ala Ser Lys Gly
130 135 140

Leu Pro Gln Gln Leu Pro Ala Pro Pro Asp Glu Asp Asp Ser Ala Ala
145 150 155 160

Pro Ser Thr Leu Ser Leu Leu Gly Pro Thr Phe Pro Gly Leu Ser Ser
165 170 175

Cys Ser Ala Asp Leu Lys Asp Ile Leu Ser Glu Ala Ser Thr Met Gln

180 185 190

Leu Leu Gln Gln Gln Gln Gln Glu Ala Val Ser Glu Gly Ser Ser Ser
195 200 205

Gly Arg Ala Arg Glu Ala Ser Gly Ala Pro Thr Ser Ser Lys Asp Asn
210 215 220

Tyr Leu Gly Gly Thr Ser Thr Ile Ser Asp Asn Ala Lys Glu Leu Cys
225 230 235 240

Lys Ala Val Ser Val Ser Met Gly Leu Gly Val Glu Ala Leu Glu His

245 250 255

Leu Ser Pro Gly Glu Gln Leu Arg Gly Asp Cys Met Tyr Ala Pro Leu

260 265 270

Leu Gly Val Pro Pro Ala Val Arg Pro Thr Pro Cys Ala Pro Leu Ala

275 280 285

Glu Cys Lys Gly Ser Leu Leu Asp Asp Ser Ala Gly Lys Ser Thr Glu

290 295 300

Asp Thr Ala Glu Tyr Ser Pro Phe Lys Gly Gly Tyr Thr Lys Gly Leu

305 310 315 320

Glu Gly Glu Ser Leu Gly Cys Ser Gly Ser Ala Ala Ala Gly Ser Ser

325 330 335

Gly Thr Leu Glu Leu Pro Ser Thr Leu Ser Leu Tyr Lys Ser Gly Ala

340 345 350

Leu Asp Glu Ala Ala Ala Tyr Gln Ser Arg Asp Tyr Tyr Asn Phe Pro

355 360 365

Leu Ala Leu Ala Gly Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro His Pro His

370 375 380

Ala Arg Ile Lys Leu Glu Asn Pro Leu Asp Tyr Gly Ser Ala Trp Ala

385 390 395 400

Ala Ala Ala Ala Gln Cys Arg Tyr Gly Asp Leu Ala Ser Leu His Gly

405 410 415

Ala Gly Ala Ala Gly Pro Gly Ser Gly Ser Pro Ser Ala Ala Ala Ser

420 425 430

Ser Ser Trp His Thr Leu Phe Thr Ala Glu Glu Gly Gln Leu Tyr Gly

435 440 445

Pro Cys Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

450 455 460

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Glu Ala Gly Ala Val Ala Pro

465 470 475 480

Tyr Gly Tyr Thr Arg Pro Pro Gln Gly Leu Ala Gly Gln Glu Ser Asp

485 490 495

Phe Thr Ala Pro Asp Val Trp Tyr Pro Gly Gly Met Val Ser Arg Val

500 505 510

Pro Tyr Pro Ser Pro Thr Cys Val Lys Ser Glu Met Gly Pro Trp Met

515 520 525

Asp Ser Tyr Ser Gly Pro Tyr Gly Asp Met Arg Leu Glu Thr Ala Arg

530 535 540

Asp His Val Leu Pro Ile Asp Tyr Tyr Phe Pro Pro Gln Lys Thr Cys

545 550 555 560

Leu Ile Cys Gly Asp Glu Ala Ser Gly Cys His Tyr Gly Ala Leu Thr

565 570 575

Cys Gly Ser Cys Lys Val Phe Phe Lys Arg Ala Ala Glu Gly Lys Gln

580 585 590

Lys Tyr Leu Cys Ala Ser Arg Asn Asp Cys Thr Ile Asp Lys Phe Arg

595 600 605

Arg Lys Asn Cys Pro Ser Cys Arg Leu Arg Lys Cys Tyr Glu Ala Gly

610 615 620

Met Thr Leu Gly Ala Arg Lys Leu Lys Lys Leu Gly Asn Leu Lys Leu

625 630 635 640

Gln Glu Glu Gly Glu Ala Ser Ser Thr Thr Ser Pro Thr Glu Glu Thr

645 650 655

Thr Gln Lys Leu Thr Val Ser His Ile Glu Gly Tyr Glu Cys Gln Pro

660 665 670

Ile Phe Leu Asn Val Leu Glu Ala Ile Glu Pro Gly Val Val Cys Ala

675 680 685

Gly His Asp Asn Asn Gln Pro Asp Ser Phe Ala Ala Leu Leu Ser Ser

690 695 700

Leu Asn Glu Leu Gly Glu Arg Gln Leu Val His Val Val Lys Trp Ala

705 710 715 720

Lys Ala Leu Pro Gly Phe Arg Asn Leu His Val Asp Asp Gln Met Ala

725 730 735

Val Ile Gln Tyr Ser Trp Met Gly Leu Met Val Phe Ala Met Gly Trp

740 745 750

Arg Ser Phe Thr Asn Val Asn Ser Arg Met Leu Tyr Phe Ala Pro Asp

755 760 765

Leu Val Phe Asn Glu Tyr Arg Met His Lys Ser Arg Met Tyr Ser Gln

770 775 780

Cys Val Arg Met Arg His Leu Ser Gln Glu Phe Gly Trp Leu Gln Ile

785 790 795 800

Thr Pro Gln Glu Phe Leu Cys Met Lys Ala Leu Leu Leu Phe Ser Ile

805 810 815

Ile Pro Val Asp Gly Leu Lys Asn Gln Lys Phe Phe Asp Glu Leu Arg

820 825 830

Met Asn Tyr Ile Lys Glu Leu Asp Arg Ile Ile Ala Cys Lys Arg Lys

835 840 845

Asn Pro Thr Ser Cys Ser Arg Arg Phe Tyr Gln Leu Thr Lys Leu Leu

850 855 860

Asp Ser Val Gln Pro Ile Ala Arg Glu Leu His Gln Phe Thr Phe Asp

865 870 875 880

Leu Leu Ile Lys Ser His Met Val Ser Val Asp Phe Pro Glu Met Met

885 890 895

Ala Glu Ile Ile Ser Val Gln Val Pro Lys Ile Leu Ser Gly Lys Val

900 905 910

Lys Pro Ile Tyr Phe His Thr Gln

915 920

<210> 210

<211> 412

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ART-4__Homo_sapiens__Q9ULX3

<400> 210

Met Ala Pro Val Glu His Val Val Ala Asp Ala Gly Ala Phe Leu Arg

1 5 10 15

His Ala Ala Leu Gln Asp Ile Gly Lys Asn Ile Tyr Thr Ile Arg Glu
20 25 30

Val Val Thr Glu Ile Arg Asp Lys Ala Thr Arg Arg Arg Leu Ala Val
35 40 45

Leu Pro Tyr Glu Leu Arg Phe Lys Glu Pro Leu Pro Glu Tyr Val Arg
50 55 60

Leu Val Thr Glu Phe Ser Lys Lys Thr Gly Asp Tyr Pro Ser Leu Ser
65 70 75 80

Ala Thr Asp Ile Gln Val Leu Ala Leu Thr Tyr Gln Leu Glu Ala Glu
85 90 95

Phe Val Gly Val Ser His Leu Lys Gln Glu Pro Gln Lys Val Lys Val
100 105 110

Ser Ser Ser Ile Gln His Pro Glu Thr Pro Leu His Ile Ser Gly Phe
115 120 125

His Leu Pro Tyr Lys Pro Lys Pro Pro Gln Glu Thr Glu Lys Gly His
130 135 140

Ser Ala Cys Glu Pro Glu Asn Leu Glu Phe Ser Ser Phe Met Phe Trp
145 150 155 160

Arg Asn Pro Leu Pro Asn Ile Asp His Glu Leu Gln Glu Leu Leu Ile
165 170 175

Asp Arg Gly Glu Asp Val Pro Ser Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Asn
180 185 190

Gly Phe Glu Asp Arg Lys Asp Asp Ser Asp Asp Asp Gly Gly Gly Trp
195 200 205

Ile Thr Pro Ser Asn Ile Lys Gln Ile Gln Gln Glu Leu Glu Gln Cys
210 215 220

Asp Val Pro Glu Asp Val Arg Val Gly Cys Leu Thr Thr Asp Phe Ala
225 230 235 240

Met Gln Asn Val Leu Leu Gln Met Gly Leu His Val Leu Ala Val Asn
245 250 255

Gly Met Leu Ile Arg Glu Ala Arg Ser Tyr Ile Leu Arg Cys His Gly
260 265 270

Cys Phe Lys Thr Thr Ser Asp Met Ser Arg Val Phe Cys Ser His Cys
275 280 285
Gly Asn Lys Thr Leu Lys Lys Val Ser Val Thr Val Ser Asp Asp Gly
290 295 300
Thr Leu His Met His Phe Ser Arg Asn Pro Lys Val Leu Asn Pro Arg
305 310 315 320
Gly Leu Arg Tyr Ser Leu Pro Thr Pro Lys Gly Gly Lys Tyr Ala Ile
325 330 335

Asn Pro His Leu Thr Glu Asp Gln Arg Phe Pro Gln Leu Arg Leu Ser
340 345 350
Gln Lys Ala Arg Gln Lys Thr Asn Val Phe Ala Pro Asp Tyr Ile Ala
355 360 365
Gly Val Ser Pro Phe Val Glu Asn Asp Ile Ser Ser Arg Ser Ala Thr
370 375 380
Leu Gln Val Arg Asp Ser Thr Leu Gly Ala Gly Arg Arg Arg Leu Asn
385 390 395 400

Pro Asn Ala Ser Arg Lys Lys Phe Val Lys Lys Arg
405 410

<210> 211
<211> 327
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ARTC1/m__Homo_sapiens__P52961
<400> 211
Met Gln Met Pro Ala Met Met Ser Leu Leu Leu Val Ser Val Gly Leu
1 5 10 15
Met Glu Ala Leu Gln Ala Gln Ser His Pro Ile Thr Arg Arg Asp Leu
20 25 30
Phe Ser Gln Glu Ile Gln Leu Asp Met Ala Leu Ala Ser Phe Asp Asp

35 40 45

Gln Tyr Ala Gly Cys Ala Ala Ala Met Thr Ala Ala Leu Pro Asp Leu

50 55 60

Asn His Thr Glu Phe Gln Ala Asn Gln Val Tyr Ala Asp Ser Trp Thr

65 70 75 80

Leu Ala Ser Ser Gln Trp Gln Glu Arg Gln Ala Arg Trp Pro Glu Trp

85 90 95

Ser Leu Ser Pro Thr Arg Pro Ser Pro Pro Pro Leu Gly Phe Arg Asp

100 105 110

Glu His Gly Val Ala Leu Leu Ala Tyr Thr Ala Asn Ser Pro Leu His

115 120 125

Lys Glu Phe Asn Ala Ala Val Arg Glu Ala Gly Arg Ser Arg Ala His

130 135 140

Tyr Leu His His Phe Ser Phe Lys Thr Leu His Phe Leu Leu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Leu Gln Leu Leu Gly Ser Gly Gln Arg Pro Pro Arg Cys His Gln

165 170 175

Val Phe Arg Gly Val His Gly Leu Arg Phe Arg Pro Ala Gly Pro Arg

180 185 190

Ala Thr Val Arg Leu Gly Gly Phe Ala Ser Ala Ser Leu Lys His Val

195 200 205

Ala Ala Gln Gln Phe Gly Glu Asp Thr Phe Phe Gly Ile Trp Thr Cys

210 215 220

Leu Gly Ala Pro Ile Lys Gly Tyr Ser Phe Phe Pro Gly Glu Glu Glu

225 230 235 240

Val Leu Ile Pro Pro Phe Glu Thr Phe Gln Val Ile Asn Ala Ser Arg

245 250 255

Leu Ala Gln Gly Pro Ala Arg Ile Tyr Leu Arg Ala Leu Gly Lys His

260 265 270

Ser Thr Tyr Asn Cys Glu Tyr Ile Lys Asp Lys Lys Cys Lys Ser Gly

275 280 285

Pro Cys His Leu Asp Asn Ser Ala Met Gly Gln Ser Pro Leu Ser Ala

290 295 300

Val Trp Ser Leu Leu Leu Leu Leu Trp Phe Leu Val Val Arg Ala Phe

305 310 315 320

Pro Asp Gly Pro Gly Leu Leu

325

<210> 212

<211> 344

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> AURKB_Homo_sapiens_Q96GD4

<400> 212

Met Ala Gln Lys Glu Asn Ser Tyr Pro Trp Pro Tyr Gly Arg Gln Thr

1 5 10 15

Ala Pro Ser Gly Leu Ser Thr Leu Pro Gln Arg Val Leu Arg Lys Glu

20 25 30

Pro Val Thr Pro Ser Ala Leu Val Leu Met Ser Arg Ser Asn Val Gln

35 40 45

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

50 55 60

Pro Asp Ile Leu Thr Arg His Phe Thr Ile Asp Asp Phe Glu Ile Gly

65 70 75 80

Arg Pro Leu Gly Lys Gly Lys Phe Gly Asn Val Tyr Leu Ala Arg Glu

85 90 95

Lys Lys Ser His Phe Ile Val Ala Leu Lys Val Leu Phe Lys Ser Gln

100 105 110

Ile Glu Lys Glu Gly Val Glu His Gln Leu Arg Arg Glu Ile Glu Ile

115 120 125

Gln Ala His Leu His His Pro Asn Ile Leu Arg Leu Tyr Asn Tyr Phe

130 135 140

Tyr Asp Arg Arg Arg Ile Tyr Leu Ile Leu Glu Tyr Ala Pro Arg Gly

145 150 155 160

Glu Leu Tyr Lys Glu Leu Gln Lys Ser Cys Thr Phe Asp Glu Gln Arg

165 170 175

Thr Ala Thr Ile Met Glu Glu Leu Ala Asp Ala Leu Met Tyr Cys His

180 185 190

Gly Lys Lys Val Ile His Arg Asp Ile Lys Pro Glu Asn Leu Leu Leu

195 200 205

Gly Leu Lys Gly Glu Leu Lys Ile Ala Asp Phe Gly Trp Ser Val His

210 215 220

Ala Pro Ser Leu Arg Arg Lys Thr Met Cys Gly Thr Leu Asp Tyr Leu

225 230 235 240

Pro Pro Glu Met Ile Glu Gly Arg Met His Asn Glu Lys Val Asp Leu

245 250 255

Trp Cys Ile Gly Val Leu Cys Tyr Glu Leu Leu Val Gly Asn Pro Pro

260 265 270

Phe Glu Ser Ala Ser His Asn Glu Thr Tyr Arg Arg Ile Val Lys Val

275 280 285

Asp Leu Lys Phe Pro Ala Ser Val Pro Met Gly Ala Gln Asp Leu Ile

290 295 300

Ser Lys Leu Leu Arg His Asn Pro Ser Glu Arg Leu Pro Leu Ala Gln

305 310 315 320

Val Ser Ala His Pro Trp Val Arg Ala Asn Ser Arg Arg Val Leu Pro

325 330 335

Pro Ser Ala Leu Gln Ser Val Ala

340

<210> 213

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> B2MG__Homo_sapiens__P61769

<400> 213

Met Ser Arg Ser Val Ala Leu Ala Val Leu Ala Leu Leu Ser Leu Ser

1 5 10 15

Gly Leu Glu Ala Ile Gln Arg Thr Pro Lys Ile Gln Val Tyr Ser Arg

20 25 30

His Pro Ala Glu Asn Gly Lys Ser Asn Phe Leu Asn Cys Tyr Val Ser

35 40 45

Gly Phe His Pro Ser Asp Ile Glu Val Asp Leu Leu Lys Asn Gly Glu

50 55 60

Arg Ile Glu Lys Val Glu His Ser Asp Leu Ser Phe Ser Lys Asp Trp

65 70 75 80

Ser Phe Tyr Leu Leu Tyr Tyr Thr Glu Phe Thr Pro Thr Glu Lys Asp

85 90 95

Glu Tyr Ala Cys Arg Val Asn His Val Thr Leu Ser Gln Pro Lys Ile

100 105 110

Val Lys Trp Asp Arg Asp Met

115

<210> 214

<211> 378

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> B3GN5__Homo_sapiens__Q9BYG0

<400> 214

Met Arg Met Leu Val Ser Gly Arg Arg Val Lys Lys Trp Gln Leu Ile

1 5 10 15

Ile Gln Leu Phe Ala Thr Cys Phe Leu Ala Ser Leu Met Phe Phe Trp

20 25 30

Glu Pro Ile Asp Asn His Ile Val Ser His Met Lys Ser Tyr Ser Tyr

35 40 45

Arg Tyr Leu Ile Asn Ser Tyr Asp Phe Val Asn Asp Thr Leu Ser Leu

50 55 60

Lys His Thr Ser Ala Gly Pro Arg Tyr Gln Tyr Leu Ile Asn His Lys

65 70 75 80

Glu Lys Cys Gln Ala Gln Asp Val Leu Leu Leu Leu Phe Val Lys Thr

85 90 95

Ala Pro Glu Asn Tyr Asp Arg Arg Ser Gly Ile Arg Arg Thr Trp Gly

100 105 110

Asn Glu Asn Tyr Val Arg Ser Gln Leu Asn Ala Asn Ile Lys Thr Leu

115 120 125

Phe Ala Leu Gly Thr Pro Asn Pro Leu Glu Gly Glu Glu Leu Gln Arg

130 135 140

Lys Leu Ala Trp Glu Asp Gln Arg Tyr Asn Asp Ile Ile Gln Gln Asp

145 150 155 160

Phe Val Asp Ser Phe Tyr Asn Leu Thr Leu Lys Leu Leu Met Gln Phe

165 170 175

Ser Trp Ala Asn Thr Tyr Cys Pro His Ala Lys Phe Leu Met Thr Ala

180 185 190

Asp Asp Asp Ile Phe Ile His Met Pro Asn Leu Ile Glu Tyr Leu Gln

195 200 205

Ser Leu Glu Gln Ile Gly Val Gln Asp Phe Trp Ile Gly Arg Val His

210 215 220

Arg Gly Ala Pro Pro Ile Arg Asp Lys Ser Ser Lys Tyr Tyr Val Ser

225 230 235 240

Tyr Glu Met Tyr Gln Trp Pro Ala Tyr Pro Asp Tyr Thr Ala Gly Ala

245 250 255

Ala Tyr Val Ile Ser Gly Asp Val Ala Ala Lys Val Tyr Glu Ala Ser

260 265 270

Gln Thr Leu Asn Ser Ser Leu Tyr Ile Asp Asp Val Phe Met Gly Leu

275 280 285

Cys Ala Asn Lys Ile Gly Ile Val Pro Gln Asp His Val Phe Phe Ser

290 295 300

Gly Glu Gly Lys Thr Pro Tyr His Pro Cys Ile Tyr Glu Lys Met Met

305 310 315 320

Thr Ser His Gly His Leu Glu Asp Leu Gln Asp Leu Trp Lys Asn Ala

325 330 335

Thr Asp Pro Lys Val Lys Thr Ile Ser Lys Gly Phe Phe Gly Gln Ile
340 345 350
Tyr Cys Arg Leu Met Lys Ile Ile Leu Leu Cys Lys Ile Ser Tyr Val
355 360 365

Asp Thr Tyr Pro Cys Arg Ala Ala Phe Ile
370 375

<210> 215
<211> 533
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> B4GN1__Homo_sapiens__Q00973
<400> 215
Met Trp Leu Gly Arg Arg Ala Leu Cys Ala Leu Val Leu Leu Leu Ala
1 5 10 15
Cys Ala Ser Leu Gly Leu Leu Tyr Ala Ser Thr Arg Asp Ala Pro Gly
20 25 30
Leu Arg Leu Pro Leu Ala Pro Trp Ala Pro Pro Gln Ser Pro Arg Arg

35 40 45
Pro Glu Leu Pro Asp Leu Ala Pro Glu Pro Arg Tyr Ala His Ile Pro
50 55 60
Val Arg Ile Lys Glu Gln Val Val Gly Leu Leu Ala Trp Asn Asn Cys
65 70 75 80
Ser Cys Glu Ser Ser Gly Gly Gly Leu Pro Leu Pro Phe Gln Lys Gln
85 90 95
Val Arg Ala Ile Asp Leu Thr Lys Ala Phe Asp Pro Ala Glu Leu Arg

100 105 110
Ala Ala Ser Ala Thr Arg Glu Gln Glu Phe Gln Ala Phe Leu Ser Arg
115 120 125
Ser Gln Ser Pro Ala Asp Gln Leu Leu Ile Ala Pro Ala Asn Ser Pro
130 135 140
Leu Gln Tyr Pro Leu Gln Gly Val Glu Val Gln Pro Leu Arg Ser Ile
145 150 155 160

Leu Val Pro Gly Leu Ser Leu Gln Ala Ala Ser Gly Gln Glu Val Tyr

165 170 175

Gln Val Asn Leu Thr Ala Ser Leu Gly Thr Trp Asp Val Ala Gly Glu

180 185 190

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

195 200 205

Val Ser Pro Gly Leu Asp Gln Leu Asn Arg Gln Leu Gln Leu Val Thr

210 215 220

Tyr Ser Ser Arg Ser Tyr Gln Thr Asn Thr Ala Asp Thr Val Arg Phe

225 230 235 240

Ser Thr Glu Gly His Glu Ala Ala Phe Thr Ile Arg Ile Arg His Pro

245 250 255

Pro Asn Pro Arg Leu Tyr Pro Pro Gly Ser Leu Pro Gln Gly Ala Gln

260 265 270

Tyr Asn Ile Ser Ala Leu Val Thr Ile Ala Thr Lys Thr Phe Leu Arg

275 280 285

Tyr Asp Arg Leu Arg Ala Leu Ile Thr Ser Ile Arg Arg Phe Tyr Pro

290 295 300

Thr Val Thr Val Val Ile Ala Asp Asp Ser Asp Lys Pro Glu Arg Val

305 310 315 320

Ser Gly Pro Tyr Val Glu His Tyr Leu Met Pro Phe Gly Lys Gly Trp

325 330 335

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

340 345 350

Leu Trp Val Asp Asp Asp Phe Val Phe Thr Ala Arg Thr Arg Leu Glu

355 360 365

Arg Leu Val Asp Val Leu Glu Arg Thr Pro Leu Asp Leu Val Gly Gly

370 375 380

Ala Val Arg Glu Ile Ser Gly Phe Ala Thr Thr Tyr Arg Gln Leu Leu

385 390 395 400

Ser Val Glu Pro Gly Ala Pro Gly Leu Gly Asn Cys Leu Arg Gln Arg

405 410 415

Arg Gly Phe His His Glu Leu Val Gly Phe Pro Gly Cys Val Val Thr

420 425 430

Asp Gly Val Val Asn Phe Phe Leu Ala Arg Thr Asp Lys Val Arg Glu

435 440 445

Val Gly Phe Asp Pro Arg Leu Ser Arg Val Ala His Leu Glu Phe Phe

450 455 460

Leu Asp Gly Leu Gly Ser Leu Arg Val Gly Ser Cys Ser Asp Val Val

465 470 475 480

Val Asp His Ala Ser Lys Leu Lys Leu Pro Trp Thr Ser Arg Asp Ala

485 490 495

Gly Ala Glu Thr Tyr Ala Arg Tyr Arg Tyr Pro Gly Ser Leu Asp Glu

500 505 510

Ser Gln Met Ala Lys His Arg Leu Leu Phe Phe Lys His Arg Leu Gln

515 520 525

Cys Met Thr Ser Gln

530

<210> 216

<211> 282

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> B7H4__Homo_sapiens__Q7Z7D3

<400> 216

Met Ala Ser Leu Gly Gln Ile Leu Phe Trp Ser Ile Ile Ser Ile Ile

1 5 10 15

Ile Ile Leu Ala Gly Ala Ile Ala Leu Ile Ile Gly Phe Gly Ile Ser

20 25 30

Gly Arg His Ser Ile Thr Val Thr Thr Val Ala Ser Ala Gly Asn Ile

35 40 45

Gly Glu Asp Gly Ile Leu Ser Cys Thr Phe Glu Pro Asp Ile Lys Leu

50 55 60

Ser Asp Ile Val Ile Gln Trp Leu Lys Glu Gly Val Leu Gly Leu Val

65 70 75 80

His Glu Phe Lys Glu Gly Lys Asp Glu Leu Ser Glu Gln Asp Glu Met

85 90 95

Phe Arg Gly Arg Thr Ala Val Phe Ala Asp Gln Val Ile Val Gly Asn

100 105 110

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

115 120 125

Lys Cys Tyr Ile Ile Thr Ser Lys Gly Lys Gly Asn Ala Asn Leu Glu

130 135 140

Tyr Lys Thr Gly Ala Phe Ser Met Pro Glu Val Asn Val Asp Tyr Asn

145 150 155 160

Ala Ser Ser Glu Thr Leu Arg Cys Glu Ala Pro Arg Trp Phe Pro Gln

165 170 175

Pro Thr Val Val Trp Ala Ser Gln Val Asp Gln Gly Ala Asn Phe Ser

180 185 190

Glu Val Ser Asn Thr Ser Phe Glu Leu Asn Ser Glu Asn Val Thr Met

195 200 205

Lys Val Val Ser Val Leu Tyr Asn Val Thr Ile Asn Asn Thr Tyr Ser

210 215 220

Cys Met Ile Glu Asn Asp Ile Ala Lys Ala Thr Gly Asp Ile Lys Val

225 230 235 240

Thr Glu Ser Glu Ile Lys Arg Arg Ser His Leu Gln Leu Leu Asn Ser

245 250 255

Lys Ala Ser Leu Cys Val Ser Ser Phe Phe Ala Ile Ser Trp Ala Leu

260 265 270

Leu Pro Leu Ser Pro Tyr Leu Met Leu Lys

275 280

<210> 217

<211> 43

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BAGE-1__Homo_sapiens__Q13072

<400> 217

Met Ala Ala Arg Ala Val Phe Leu Ala Leu Ser Ala Gln Leu Leu Gln
1 5 10 15

Ala Arg Leu Met Lys Glu Glu Ser Pro Val Val Ser Trp Arg Leu Glu
20 25 30

Pro Glu Asp Gly Thr Ala Leu Cys Phe Ile Phe
35 40

<210> 218

<211> 385

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BASI__Homo_sapiens__P35613

<400> 218

Met Ala Ala Ala Leu Phe Val Leu Leu Gly Phe Ala Leu Leu Gly Thr
1 5 10 15

His Gly Ala Ser Gly Ala Ala Gly Phe Val Gln Ala Pro Leu Ser Gln
20 25 30

Gln Arg Trp Val Gly Gly Ser Val Glu Leu His Cys Glu Ala Val Gly

35 40 45

Ser Pro Val Pro Glu Ile Gln Trp Trp Phe Glu Gly Gln Gly Pro Asn
50 55 60

Asp Thr Cys Ser Gln Leu Trp Asp Gly Ala Arg Leu Asp Arg Val His
65 70 75 80

Ile His Ala Thr Tyr His Gln His Ala Ala Ser Thr Ile Ser Ile Asp
85 90 95

Thr Leu Val Glu Glu Asp Thr Gly Thr Tyr Glu Cys Arg Ala Ser Asn

100 105 110

Asp Pro Asp Arg Asn His Leu Thr Arg Ala Pro Arg Val Lys Trp Val
115 120 125

Arg Ala Gln Ala Val Val Leu Val Leu Glu Pro Gly Thr Val Phe Thr

130 135 140

Thr Val Glu Asp Leu Gly Ser Lys Ile Leu Leu Thr Cys Ser Leu Asn

145 150 155 160

Asp Ser Ala Thr Glu Val Thr Gly His Arg Trp Leu Lys Gly Gly Val

165 170 175

Val Leu Lys Glu Asp Ala Leu Pro Gly Gln Lys Thr Glu Phe Lys Val

180 185 190

Asp Ser Asp Asp Gln Trp Gly Glu Tyr Ser Cys Val Phe Leu Pro Glu

195 200 205

Pro Met Gly Thr Ala Asn Ile Gln Leu His Gly Pro Pro Arg Val Lys

210 215 220

Ala Val Lys Ser Ser Glu His Ile Asn Glu Gly Glu Thr Ala Met Leu

225 230 235 240

Val Cys Lys Ser Glu Ser Val Pro Pro Val Thr Asp Trp Ala Trp Tyr

245 250 255

Lys Ile Thr Asp Ser Glu Asp Lys Ala Leu Met Asn Gly Ser Glu Ser

260 265 270

Arg Phe Phe Val Ser Ser Ser Gln Gly Arg Ser Glu Leu His Ile Glu

275 280 285

Asn Leu Asn Met Glu Ala Asp Pro Gly Gln Tyr Arg Cys Asn Gly Thr

290 295 300

Ser Ser Lys Gly Ser Asp Gln Ala Ile Ile Thr Leu Arg Val Arg Ser

305 310 315 320

His Leu Ala Ala Leu Trp Pro Phe Leu Gly Ile Val Ala Glu Val Leu

325 330 335

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

340 345 350

Asp Val Leu Asp Asp Asp Asp Ala Gly Ser Ala Pro Leu Lys Ser Ser

355 360 365

Gly Gln His Gln Asn Asp Lys Gly Lys Asn Val Arg Gln Arg Asn Ser

370 375 380

Ser

385

<210> 219

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BCL-2__Homo_sapiens__A9QXG9

<400> 219

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

20 25 30
Gly Asp Val Gly Ala Ala Pro Pro Gly Ala Ala Pro Ala Pro Gly Ile
35 40 45
Phe Ser Ser Gln Pro Gly His Thr Pro His Pro Ala Ala Ser Arg Asp
50 55 60
Pro Val Ala Arg Thr Ser Pro Leu Gln Thr Pro Ala Ala Pro Gly Ala
65 70 75 80
Ala Ala Gly Pro Ala Leu Ser Pro Val Pro Pro Val Val His Leu Thr

85 90 95
Leu Arg Gln Ala Gly Asp Asp Phe Ser Arg Arg Tyr Arg Arg Asp Phe
100 105 110
Ala Glu Met Ser Ser Gln Leu His Leu Thr Pro Phe Thr Ala Arg Gly
115 120 125
Arg Phe Ala Thr Val Val Glu Glu Leu Phe Arg Asp Gly Val Asn Trp
130 135 140
Gly Arg Ile Val Ala Phe Phe Glu Phe Gly Gly Val Met Cys Val Glu

145 150 155 160
Ser Val Asn Arg Glu Met Ser Pro Leu Val Asp Asn Ile Ala Leu Trp
165 170 175
Met Thr Glu Tyr Leu Asn Arg His Leu His Thr Trp Ile Gln Asp Asn
180 185 190

Gly Gly Trp Asp Ala Phe Val Glu Leu Tyr Gly Pro Ser Met Arg Pro
195 200 205
Leu Phe Asp Phe Ser Trp Leu Ser Leu Lys Thr Leu Leu Ser Leu Ala

210 215 220
Leu Val Gly Ala Cys Ile Thr Leu Gly Ala Tyr Leu Ser His Lys
225 230 235
<210> 220
<211> 429
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UEZ4
<400> 220
Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro
1 5 10 15
Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu
20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu
35 40 45
Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala
50 55 60
Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala
65 70 75 80
Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg
85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu
100 105 110
Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro
115 120 125
Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp
130 135 140
Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg

145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe
165 170 175
Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn
180 185 190
Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met
195 200 205
Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly
210 215 220

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

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu
290 295 300
Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser
305 310 315 320
Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg
340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg
355 360 365
Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro
370 375 380
Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser
385 390 395 400

Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn
405 410 415

Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Asp Gly Gly
420 425

<210> 221

<211> 554

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UEZ7

<400> 221

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro
1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu
20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu
35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala
50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala
65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg
85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu
100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro
115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp
130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg
145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe

165 170 175

Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn

180 185 190

Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met

195 200 205

Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly

210 215 220

Asp Ala Ser Arg Pro Pro Tyr Arg Gly Arg Ser Ser Glu Ser Ser Cys

225 230 235 240

Gly Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Ala Glu Leu Asn Pro Arg Phe Leu

245 250 255

Lys Asp Asn Leu Ile Asp Ala Asn Gly Gly Ser Arg Pro Pro Trp Pro

260 265 270

Pro Leu Glu Tyr Gln Pro Tyr Gln Ser Ile Tyr Val Gly Gly Met Met

275 280 285

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu

290 295 300

Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser

305 310 315 320

Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg

340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg

355 360 365

Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro

370 375 380

Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser

385 390 395 400

Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn

405 410 415

Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Asp Gly Ser Phe Gly Thr

420 425 430

Pro Pro Gly Tyr Gly Cys Ala Ala Asp Arg Ala Glu Glu Gln Arg Arg

435 440 445

His Gln Asp Gly Leu Pro Tyr Ile Asp Asp Ser Pro Ser Ser Ser Pro

450 455 460

His Leu Ser Ser Lys Gly Arg Gly Ser Arg Asp Ala Leu Val Ser Gly

465 470 475 480

Ala Leu Glu Ser Thr Lys Ala Ser Glu Leu Asp Leu Glu Lys Gly Leu

485 490 495

Glu Met Arg Lys Trp Val Leu Ser Gly Ile Leu Ala Ser Glu Glu Thr

500 505 510

Tyr Leu Ser His Leu Glu Ala Leu Leu Leu Pro Met Lys Pro Leu Lys

515 520 525

Ala Ala Ala Thr Thr Ser Gln Pro Val Leu Thr Ser Gln Gln Ile Glu

530 535 540

Thr Ile Phe Phe Lys Val Pro Asp Leu Leu

545 550

<210> 222

<211> 514

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UEZ8

<400> 222

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro

1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu

20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu

35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala

50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala
65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg
85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu
100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro
115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp
130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg
145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe
165 170 175

Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn
180 185 190

Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met
195 200 205

Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly
210 215 220

Asp Ala Ser Arg Pro Pro Tyr Arg Gly Arg Ser Ser Glu Ser Ser Cys
225 230 235 240

Gly Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Ala Glu Leu Asn Pro Arg Phe Leu
245 250 255

Lys Asp Asn Leu Ile Asp Ala Asn Gly Gly Ser Arg Pro Pro Trp Pro
260 265 270

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

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu
290 295 300

Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser
305 310 315 320
Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg
340 345 350
Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg
355 360 365

Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro
370 375 380
Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser
385 390 395 400
Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn
405 410 415
Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Asp Gly Ser Phe Gly Thr
420 425 430

Pro Pro Gly Tyr Gly Cys Ala Ala Asp Arg Ala Glu Glu Gln Arg Arg
435 440 445
His Gln Asp Gly Leu Pro Tyr Ile Asp Asp Ser Pro Ser Ser Ser Pro
450 455 460
His Leu Ser Ser Lys Gly Arg Gly Ser Arg Asp Ala Leu Val Ser Gly
465 470 475 480
Ala Leu Glu Ser Thr Lys Ala Ser Glu Leu Asp Leu Glu Lys Gly Leu
485 490 495

Glu Met Arg Lys Trp Val Leu Ser Gly Ile Leu Ala Ser Glu Glu Ile
500 505 510
Thr Leu

<210> 223
<211> 441
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UEZ9

<400> 223

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro
1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu
20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu
35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala
50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala
65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg
85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu
100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro
115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp
130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg
145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe
165 170 175

Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn
180 185 190

Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met
195 200 205

Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly
210 215 220

Asp Ala Ser Arg Pro Pro Tyr Arg Gly Arg Ser Ser Glu Ser Ser Cys
225 230 235 240

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

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu
290 295 300
Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser
305 310 315 320
Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg
340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg
355 360 365
Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro
370 375 380
Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser
385 390 395 400
Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn
405 410 415

Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Asp Gly Ser Leu Glu Leu
420 425 430
Gln Gly Lys Pro Ser Arg Trp Thr Gln
435 440

<210> 224
<211> 524
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UF00
<400> 224

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro
1 5 10 15
Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu

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

85 90 95
Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu
100 105 110
Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro
115 120 125
Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp
130 135 140
Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg

145 150 155 160
Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe
165 170 175
Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn
180 185 190
Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met
195 200 205
Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly

210 215 220
Asp Ala Ser Arg Pro Pro Tyr Arg Gly Arg Ser Ser Glu Ser Ser Cys
225 230 235 240
Gly Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Ala Glu Leu Asn Pro Arg Phe Leu

245 250 255

Lys Asp Asn Leu Ile Asp Ala Asn Gly Gly Ser Arg Pro Pro Trp Pro

260 265 270

Pro Leu Glu Tyr Gln Pro Tyr Gln Ser Ile Tyr Val Gly Gly Met Met

275 280 285

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu

290 295 300

Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser

305 310 315 320

Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg

340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg

355 360 365

Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro

370 375 380

Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser

385 390 395 400

Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn

405 410 415

Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Asp Gly Ser Phe Gly Thr

420 425 430

Pro Pro Gly Tyr Gly Cys Ala Ala Asp Arg Ala Glu Glu Gln Arg Arg

435 440 445

His Gln Asp Gly Leu Pro Tyr Ile Asp Asp Ser Pro Ser Ser Ser Pro

450 455 460

His Leu Ser Ser Lys Gly Arg Gly Ser Arg Asp Ala Leu Val Ser Gly

465 470 475 480

Ala Leu Glu Ser Thr Lys Ala Ser Glu Leu Asp Leu Glu Lys Gly Leu

485 490 495

Glu Met Arg Lys Trp Asp Pro Val Lys Met Thr Pro Thr Phe Ser Leu
500 505 510

His Cys Met Ile Leu Trp Pro Val Glu Ile Thr Leu
515 520

<210> 225

<211> 465

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UF01

<400> 225

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro
1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu
20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu
35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala
50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala
65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg
85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu
100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro
115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp
130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg
145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe
165 170 175

Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn
180 185 190

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

Lys Asp Asn Leu Ile Asp Ala Asn Gly Gly Ser Arg Pro Pro Trp Pro
260 265 270
Pro Leu Glu Tyr Gln Pro Tyr Gln Ser Ile Tyr Val Gly Gly Met Met
275 280 285
Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu
290 295 300
Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser
305 310 315 320

Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg
340 345 350
Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg
355 360 365
Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro
370 375 380

Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser
385 390 395 400
Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn
405 410 415
Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Glu His Pro Gly Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Val Phe Gln Lys Leu Leu Pro Asp Ile Arg Gly Ala Ala Asp Ala Asp

435 440 445

Gln Leu Val Cys Glu Thr Pro Asp Cys Pro Gln His Ser Ala Asp His

450 455 460

Gln

465

<210> 226

<211> 458

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UF03

<400> 226

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro

1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu

20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu

35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala

50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala

65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg

85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu

100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro

115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp

130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg

145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe
165 170 175
Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn
180 185 190
Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met
195 200 205
Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly
210 215 220

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

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu
290 295 300
Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser
305 310 315 320
Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg
340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg
355 360 365
Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro
370 375 380
Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser
385 390 395 400

Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn
405 410 415

Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Asp Gly Ser Phe Gly Thr
420 425 430

Pro Pro Gly Tyr Cys Cys Leu Cys Leu Pro Ala Trp Pro Ser Gly Cys
435 440 445

Thr Ala Ala Thr Ala Arg Val Thr Arg Ser
450 455

<210> 227

<211> 454

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UF04

<400> 227

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro

1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu
20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu
35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala
50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala

65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg
85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu
100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro
115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp

130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg

145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe

165 170 175

Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn

180 185 190

Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met

195 200 205

Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly

210 215 220

Asp Ala Ser Arg Pro Pro Tyr Arg Gly Arg Ser Ser Glu Ser Ser Cys

225 230 235 240

Gly Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Ala Glu Leu Asn Pro Arg Phe Leu

245 250 255

Lys Asp Asn Leu Ile Asp Ala Asn Gly Gly Ser Arg Pro Pro Trp Pro

260 265 270

Pro Leu Glu Tyr Gln Pro Tyr Gln Ser Ile Tyr Val Gly Gly Met Met

275 280 285

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu

290 295 300

Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser

305 310 315 320

Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg

340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg

355 360 365

Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro

370 375 380

Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser

385 390 395 400

Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn

405 410 415

Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Asp Gly Ser Phe Gly Thr

420 425 430

Pro Pro Gly Tyr Gly Cys Ala Ala Gly Arg Pro Pro His Leu Thr Glu

435 440 445

Leu Pro Val Gln His Gln

450

<210> 228

<211> 467

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UF05

<400> 228

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro

1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu

20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu

35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala

50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala

65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg

85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu

100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro

115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp

130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg

145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe

165 170 175

Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn

180 185 190

Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met

195 200 205

Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly

210 215 220

Asp Ala Ser Arg Pro Pro Tyr Arg Gly Arg Ser Ser Glu Ser Ser Cys

225 230 235 240

Gly Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Ala Glu Leu Asn Pro Arg Phe Leu

245 250 255

Lys Asp Asn Leu Ile Asp Ala Asn Gly Gly Ser Arg Pro Pro Trp Pro

260 265 270

Pro Leu Glu Tyr Gln Pro Tyr Gln Ser Ile Tyr Val Gly Gly Met Met

275 280 285

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu

290 295 300

Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser

305 310 315 320

Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg

340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg

355 360 365

Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro

370 375 380

Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser

385 390 395 400

Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn

405 410 415

Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Val Leu Lys Thr Glu Val

420 425 430

Pro His Gln Gly Val Arg Arg Ala Arg Leu Ser Leu Glu Ala Leu Gly

435 440 445

Glu Asp Pro Ser Phe Leu Phe Pro Ala Ser Asp Gly Pro Arg His Ser

450 455 460

Ser Thr Trp

465

<210> 229

<211> 513

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UF06

<400> 229

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro

1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu

20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu

35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala

50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala

65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg

85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu

100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro

115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp

130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg

145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe

165 170 175

Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn

180 185 190

Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met

195 200 205

Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly

210 215 220

Asp Ala Ser Arg Pro Pro Tyr Arg Gly Arg Ser Ser Glu Ser Ser Cys

225 230 235 240

Gly Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Ala Glu Leu Asn Pro Arg Phe Leu

245 250 255

Lys Asp Asn Leu Ile Asp Ala Asn Gly Gly Ser Arg Pro Pro Trp Pro

260 265 270

Pro Leu Glu Tyr Gln Pro Tyr Gln Ser Ile Tyr Val Gly Gly Met Met

275 280 285

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu

290 295 300

Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser

305 310 315 320

Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg

340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg

355 360 365

Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro

370 375 380

Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser

385 390 395 400

Glu Ala Thr Ile Val Gly Val Arg Lys Thr Gly Gln Ile Trp Pro Asn

405 410 415

Asp Gly Glu Gly Ala Phe His Gly Asp Ala Asp Gly Ser Phe Gly Thr

420 425 430

Pro Pro Gly Tyr Gly Cys Ala Ala Asp Arg Ala Glu Glu Gln Arg Arg

435 440 445

His Gln Asp Gly Leu Pro Tyr Ile Asp Asp Ser Pro Ser Ser Ser Pro

450 455 460

His Leu Ser Ser Lys Gly Arg Gly Ser Arg Asp Ala Leu Val Ser Gly

465 470 475 480

Ala Leu Glu Ser Thr Lys Ala Ser Glu Leu Asp Pro Val Lys Met Thr

485 490 495

Pro Thr Phe Ser Leu His Cys Met Ile Leu Trp Pro Val Glu Ile Thr

500 505 510

Leu

<210> 230

<211> 406

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> bcr/abl__Homo_sapiens__A9UF08

<400> 230

Met Val Asp Pro Val Gly Phe Ala Glu Ala Trp Lys Ala Gln Phe Pro

1 5 10 15

Asp Ser Glu Pro Pro Arg Met Glu Leu Arg Ser Val Gly Asp Ile Glu

20 25 30

Gln Glu Leu Glu Arg Cys Lys Ala Ser Ile Arg Arg Leu Glu Gln Glu

35 40 45

Val Asn Gln Glu Arg Phe Arg Met Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Leu Ala

50 55 60

Lys Glu Lys Lys Ser Tyr Asp Arg Gln Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ala

65 70 75 80

Ala Gln Ala Pro Asp Gly Ala Ser Glu Pro Arg Ala Ser Ala Ser Arg

85 90 95

Pro Gln Pro Ala Pro Ala Asp Gly Ala Asp Pro Pro Pro Ala Glu Glu

100 105 110

Pro Glu Ala Arg Pro Asp Gly Glu Gly Ser Pro Gly Lys Ala Arg Pro

115 120 125

Gly Thr Ala Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ala Ser Gly Glu Arg Asp Asp

130 135 140

Arg Gly Pro Pro Ala Ser Val Ala Ala Leu Arg Ser Asn Phe Glu Arg

145 150 155 160

Ile Arg Lys Gly His Gly Gln Pro Gly Ala Asp Ala Glu Lys Pro Phe

165 170 175

Tyr Val Asn Val Glu Phe His His Glu Arg Gly Leu Val Lys Val Asn

180 185 190

Asp Lys Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Ser Leu Gly Ser Gln Ala Met

195 200 205

Gln Met Glu Arg Lys Lys Ser Gln His Gly Ala Gly Ser Ser Val Gly

210 215 220

Asp Ala Ser Arg Pro Pro Tyr Arg Gly Arg Ser Ser Glu Ser Ser Cys

225 230 235 240

Gly Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Ala Glu Leu Asn Pro Arg Phe Leu

245 250 255

Lys Asp Asn Leu Ile Asp Ala Asn Gly Gly Ser Arg Pro Pro Trp Pro

260 265 270

Pro Leu Glu Tyr Gln Pro Tyr Gln Ser Ile Tyr Val Gly Gly Met Met

275 280 285

Glu Gly Glu Gly Lys Gly Pro Leu Leu Arg Ser Gln Ser Thr Ser Glu

290 295 300

Gln Glu Lys Arg Leu Thr Trp Pro Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Ser

305 310 315 320

Phe Glu Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Thr Pro Asp Cys Ser Ser Asn Glu

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Ser Glu Glu Asp Phe Ser Ser Gly Gln Ser Ser Arg

340 345 350

Val Ser Pro Ser Pro Thr Thr Tyr Arg Met Phe Arg Asp Lys Ser Arg

355 360 365

Ser Pro Ser Gln Asn Ser Gln Gln Ser Phe Asp Ser Ser Ser Pro Pro

370 375 380

Thr Pro Gln Cys His Lys Arg His Arg His Cys Pro Val Val Val Ser

385 390 395 400

Glu Ala Thr Ser Gly Gln

405

<210> 231

<211> 781

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> beta-catenin/m__Homo_sapiens__P35222

<400> 231

Met Ala Thr Gln Ala Asp Leu Met Glu Leu Asp Met Ala Met Glu Pro

1 5 10 15

Asp Arg Lys Ala Ala Val Ser His Trp Gln Gln Gln Ser Tyr Leu Asp

20 25 30

Ser Gly Ile His Ser Gly Ala Thr Thr Thr Ala Pro Ser Leu Ser Gly

35 40 45

Lys Gly Asn Pro Glu Glu Glu Asp Val Asp Thr Ser Gln Val Leu Tyr

50 55 60

Glu Trp Glu Gln Gly Phe Ser Gln Ser Phe Thr Gln Glu Gln Val Ala

65 70 75 80

Asp Ile Asp Gly Gln Tyr Ala Met Thr Arg Ala Gln Arg Val Arg Ala

85 90 95

Ala Met Phe Pro Glu Thr Leu Asp Glu Gly Met Gln Ile Pro Ser Thr

100 105 110

Gln Phe Asp Ala Ala His Pro Thr Asn Val Gln Arg Leu Ala Glu Pro

115 120 125

Ser Gln Met Leu Lys His Ala Val Val Asn Leu Ile Asn Tyr Gln Asp

130 135 140

Asp Ala Glu Leu Ala Thr Arg Ala Ile Pro Glu Leu Thr Lys Leu Leu

145 150 155 160

Asn Asp Glu Asp Gln Val Val Val Asn Lys Ala Ala Val Met Val His

165 170 175

Gln Leu Ser Lys Lys Glu Ala Ser Arg His Ala Ile Met Arg Ser Pro

180 185 190

Gln Met Val Ser Ala Ile Val Arg Thr Met Gln Asn Thr Asn Asp Val

195 200 205

Glu Thr Ala Arg Cys Thr Ala Gly Thr Leu His Asn Leu Ser His His

210 215 220

Arg Glu Gly Leu Leu Ala Ile Phe Lys Ser Gly Gly Ile Pro Ala Leu

225 230 235 240

Val Lys Met Leu Gly Ser Pro Val Asp Ser Val Leu Phe Tyr Ala Ile

245 250 255

Thr Thr Leu His Asn Leu Leu Leu His Gln Glu Gly Ala Lys Met Ala

260 265 270

Val Arg Leu Ala Gly Gly Leu Gln Lys Met Val Ala Leu Leu Asn Lys

275 280 285

Thr Asn Val Lys Phe Leu Ala Ile Thr Thr Asp Cys Leu Gln Ile Leu

290 295 300

Ala Tyr Gly Asn Gln Glu Ser Lys Leu Ile Ile Leu Ala Ser Gly Gly
305 310 315 320
Pro Gln Ala Leu Val Asn Ile Met Arg Thr Tyr Thr Tyr Glu Lys Leu
325 330 335
Leu Trp Thr Thr Ser Arg Val Leu Lys Val Leu Ser Val Cys Ser Ser
340 345 350
Asn Lys Pro Ala Ile Val Glu Ala Gly Gly Met Gln Ala Leu Gly Leu

355 360 365
His Leu Thr Asp Pro Ser Gln Arg Leu Val Gln Asn Cys Leu Trp Thr
370 375 380
Leu Arg Asn Leu Ser Asp Ala Ala Thr Lys Gln Glu Gly Met Glu Gly
385 390 395 400
Leu Leu Gly Thr Leu Val Gln Leu Leu Gly Ser Asp Asp Ile Asn Val
405 410 415
Val Thr Cys Ala Ala Gly Ile Leu Ser Asn Leu Thr Cys Asn Asn Tyr

420 425 430
Lys Asn Lys Met Met Val Cys Gln Val Gly Gly Ile Glu Ala Leu Val
435 440 445
Arg Thr Val Leu Arg Ala Gly Asp Arg Glu Asp Ile Thr Glu Pro Ala
450 455 460
Ile Cys Ala Leu Arg His Leu Thr Ser Arg His Gln Glu Ala Glu Met
465 470 475 480
Ala Gln Asn Ala Val Arg Leu His Tyr Gly Leu Pro Val Val Val Lys

485 490 495
Leu Leu His Pro Pro Ser His Trp Pro Leu Ile Lys Ala Thr Val Gly
500 505 510
Leu Ile Arg Asn Leu Ala Leu Cys Pro Ala Asn His Ala Pro Leu Arg
515 520 525
Glu Gln Gly Ala Ile Pro Arg Leu Val Gln Leu Leu Val Arg Ala His
530 535 540
Gln Asp Thr Gln Arg Arg Thr Ser Met Gly Gly Thr Gln Gln Gln Phe

545 550 555 560

Val Glu Gly Val Arg Met Glu Glu Ile Val Glu Gly Cys Thr Gly Ala

565 570 575

Leu His Ile Leu Ala Arg Asp Val His Asn Arg Ile Val Ile Arg Gly

580 585 590

Leu Asn Thr Ile Pro Leu Phe Val Gln Leu Leu Tyr Ser Pro Ile Glu

595 600 605

Asn Ile Gln Arg Val Ala Ala Gly Val Leu Cys Glu Leu Ala Gln Asp

610 615 620

Lys Glu Ala Ala Glu Ala Ile Glu Ala Glu Gly Ala Thr Ala Pro Leu

625 630 635 640

Thr Glu Leu Leu His Ser Arg Asn Glu Gly Val Ala Thr Tyr Ala Ala

645 650 655

Ala Val Leu Phe Arg Met Ser Glu Asp Lys Pro Gln Asp Tyr Lys Lys

660 665 670

Arg Leu Ser Val Glu Leu Thr Ser Ser Leu Phe Arg Thr Glu Pro Met

675 680 685

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

690 695 700

Glu Pro Leu Gly Tyr Arg Gln Asp Asp Pro Ser Tyr Arg Ser Phe His

705 710 715 720

Ser Gly Gly Tyr Gly Gln Asp Ala Leu Gly Met Asp Pro Met Met Glu

725 730 735

His Glu Met Gly Gly His His Pro Gly Ala Asp Tyr Pro Val Asp Gly

740 745 750

Leu Pro Asp Leu Gly His Ala Gln Asp Leu Met Asp Gly Leu Pro Pro

755 760 765

Gly Asp Ser Asn Gln Leu Ala Trp Phe Asp Thr Asp Leu

770 775 780

<210> 232

<211> 563

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> beta-catenin/m__Homo_sapiens__Q8WYA6

<400> 232

Met Asp Val Gly Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Pro Asn Arg Gly Thr Lys
1 5 10 15

Arg Pro Arg Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Lys Met Arg Arg Lys Gln
20 25 30

Thr Gly Thr Arg Glu Arg Gly Arg Tyr Arg Glu Glu Glu Met Thr Val
35 40 45

Val Glu Glu Ala Asp Asp Asp Lys Lys Arg Leu Leu Gln Ile Ile Asp
50 55 60

Arg Asp Gly Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Pro Leu Asp Glu Ser
65 70 75 80

Ser Val Lys Lys Met Ile Leu Thr Phe Glu Lys Arg Ser Tyr Lys Asn
85 90 95

Gln Glu Leu Arg Ile Lys Phe Pro Asp Asn Pro Glu Lys Phe Met Glu
100 105 110

Ser Glu Leu Asp Leu Asn Asp Ile Ile Gln Glu Met His Val Val Ala
115 120 125

Thr Met Pro Asp Leu Tyr His Leu Leu Val Glu Leu Asn Ala Val Gln
130 135 140

Ser Leu Leu Gly Leu Leu Gly His Asp Asn Thr Asp Val Ser Ile Ala
145 150 155 160

Val Val Asp Leu Leu Gln Glu Leu Thr Asp Ile Asp Thr Leu His Glu
165 170 175

Ser Glu Glu Gly Ala Glu Val Leu Ile Asp Ala Leu Val Asp Gly Gln
180 185 190

Val Val Ala Leu Leu Val Gln Asn Leu Glu Arg Leu Asp Glu Ser Val
195 200 205

Lys Glu Glu Ala Asp Gly Val His Asn Thr Leu Ala Ile Val Glu Asn
210 215 220

Met Ala Glu Phe Arg Pro Glu Met Cys Thr Glu Gly Ala Gln Gln Gly
225 230 235 240
Leu Leu Gln Trp Leu Leu Lys Arg Leu Lys Ala Lys Met Pro Phe Asp
245 250 255
Ala Asn Lys Leu Tyr Cys Ser Glu Val Leu Ala Ile Leu Leu Gln Asp
260 265 270

Asn Asp Glu Asn Arg Glu Leu Leu Gly Glu Leu Asp Gly Ile Asp Val
275 280 285
Leu Leu Gln Gln Leu Ser Val Phe Lys Arg His Asn Pro Ser Thr Ala
290 295 300
Glu Glu Gln Glu Met Met Glu Asn Leu Phe Asp Ser Leu Cys Ser Cys
305 310 315 320
Leu Met Leu Ser Ser Asn Arg Glu Arg Phe Leu Lys Gly Glu Gly Leu
325 330 335

Gln Leu Met Asn Leu Met Leu Arg Glu Lys Lys Ile Ser Arg Ser Ser
340 345 350
Ala Leu Lys Val Leu Asp His Ala Met Ile Gly Pro Glu Gly Thr Asp
355 360 365
Asn Cys His Lys Phe Val Asp Ile Leu Gly Leu Arg Thr Ile Phe Pro
370 375 380
Leu Phe Met Lys Ser Pro Arg Lys Ile Lys Lys Val Gly Thr Thr Glu
385 390 395 400

Lys Glu His Glu Glu His Val Cys Ser Ile Leu Ala Ser Leu Leu Arg
405 410 415
Asn Leu Arg Gly Gln Gln Arg Thr Arg Leu Leu Asn Lys Phe Thr Glu
420 425 430
Asn Asp Ser Glu Lys Val Asp Arg Leu Met Glu Leu His Phe Lys Tyr
435 440 445
Leu Gly Ala Met Gln Val Ala Asp Lys Lys Ile Glu Gly Glu Lys His
450 455 460

Asp Met Val Arg Arg Gly Glu Ile Ile Asp Asn Asp Thr Glu Glu Glu

465 470 475 480

Phe Tyr Leu Arg Arg Leu Asp Ala Gly Leu Phe Val Leu Gln His Ile

485 490 495

Cys Tyr Ile Met Ala Glu Ile Cys Asn Ala Asn Val Pro Gln Ile Arg

500 505 510

Gln Arg Val His Gln Ile Leu Asn Met Arg Gly Ser Ser Ile Lys Ile

515 520 525

Val Arg His Ile Ile Lys Glu Tyr Ala Glu Asn Ile Gly Asp Gly Arg

530 535 540

Ser Pro Glu Phe Arg Glu Asn Glu Gln Lys Arg Ile Leu Gly Leu Leu

545 550 555 560

Glu Asn Phe

<210> 233

<211> 610

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BING-4__Homo_sapiens__O15213

<400> 233

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

1 5 10 15

Lys Leu Gln Thr Lys Arg Lys Lys Pro Arg Arg Tyr Trp Glu Glu Glu

20 25 30

Thr Val Pro Thr Thr Ala Gly Ala Ser Pro Gly Pro Pro Arg Asn Lys

35 40 45

Lys Asn Arg Glu Leu Arg Pro Gln Arg Pro Lys Asn Ala Tyr Ile Leu

50 55 60

Lys Lys Ser Arg Ile Ser Lys Lys Pro Gln Val Pro Lys Lys Pro Arg

65 70 75 80

Glu Trp Lys Asn Pro Glu Ser Gln Arg Gly Leu Ser Gly Thr Gln Asp

85 90 95

Pro Phe Pro Gly Pro Ala Pro Val Pro Val Glu Val Val Gln Lys Phe

100 105 110

Cys Arg Ile Asp Lys Ser Arg Lys Leu Pro His Ser Lys Ala Lys Thr
115 120 125
Arg Ser Arg Leu Glu Val Ala Glu Ala Glu Glu Glu Glu Thr Ser Ile
130 135 140

Lys Ala Ala Arg Ser Glu Leu Leu Leu Ala Glu Glu Pro Gly Phe Leu
145 150 155 160
Glu Gly Glu Asp Gly Glu Asp Thr Ala Lys Ile Cys Gln Ala Asp Ile
165 170 175
Val Glu Ala Val Asp Ile Ala Ser Ala Ala Lys His Phe Asp Leu Asn
180 185 190
Leu Arg Gln Phe Gly Pro Tyr Arg Leu Asn Tyr Ser Arg Thr Gly Arg
195 200 205

His Leu Ala Phe Gly Gly Arg Arg Gly His Val Ala Ala Leu Asp Trp
210 215 220
Val Thr Lys Lys Leu Met Cys Glu Ile Asn Val Met Glu Ala Val Arg
225 230 235 240
Asp Ile Arg Phe Leu His Ser Glu Ala Leu Leu Ala Val Ala Gln Asn
245 250 255
Arg Trp Leu His Ile Tyr Asp Asn Gln Gly Ile Glu Leu His Cys Ile
260 265 270

Arg Arg Cys Asp Arg Val Thr Arg Leu Glu Phe Leu Pro Phe His Phe
275 280 285
Leu Leu Ala Thr Ala Ser Glu Thr Gly Phe Leu Thr Tyr Leu Asp Val
290 295 300
Ser Val Gly Lys Ile Val Ala Ala Leu Asn Ala Arg Ala Gly Arg Leu
305 310 315 320
Asp Val Met Ser Gln Asn Pro Tyr Asn Ala Val Ile His Leu Gly His
325 330 335

Ser Asn Gly Thr Val Ser Leu Trp Ser Pro Ala Met Lys Glu Pro Leu
340 345 350
Ala Lys Ile Leu Cys His Arg Gly Gly Val Arg Ala Val Ala Val Asp

355 360 365

Ser Thr Gly Thr Tyr Met Ala Thr Ser Gly Leu Asp His Gln Leu Lys

370 375 380

Ile Phe Asp Leu Arg Gly Thr Tyr Gln Pro Leu Ser Thr Arg Thr Leu

385 390 395 400

Pro His Gly Ala Gly His Leu Ala Phe Ser Gln Arg Gly Leu Leu Val

405 410 415

Ala Gly Met Gly Asp Val Val Asn Ile Trp Ala Gly Gln Gly Lys Ala

420 425 430

Ser Pro Pro Ser Leu Glu Gln Pro Tyr Leu Thr His Arg Leu Ser Gly

435 440 445

Pro Val His Gly Leu Gln Phe Cys Pro Phe Glu Asp Val Leu Gly Val

450 455 460

Gly His Thr Gly Gly Ile Thr Ser Met Leu Val Pro Gly Ala Gly Glu

465 470 475 480

Pro Asn Phe Asp Gly Leu Glu Ser Asn Pro Tyr Arg Ser Arg Lys Gln

485 490 495

Arg Gln Glu Trp Glu Val Lys Ala Leu Leu Glu Lys Val Pro Ala Glu

500 505 510

Leu Ile Cys Leu Asp Pro Arg Ala Leu Ala Glu Val Asp Val Ile Ser

515 520 525

Leu Glu Gln Gly Lys Lys Glu Gln Ile Glu Arg Leu Gly Tyr Asp Pro

530 535 540

Gln Ala Lys Ala Pro Phe Gln Pro Lys Pro Lys Gln Lys Gly Arg Ser

545 550 555 560

Ser Thr Ala Ser Leu Val Lys Arg Lys Arg Lys Val Met Asp Glu Glu

565 570 575

His Arg Asp Lys Val Arg Gln Ser Leu Gln Gln Gln His His Lys Glu

580 585 590

Ala Lys Ala Lys Pro Thr Gly Ala Arg Pro Ser Ala Leu Asp Arg Phe

595 600 605

Val Arg

610

<210> 234

<211> 298

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BIRC7__Homo_sapiens__Q96CA5

<400> 234

Met Gly Pro Lys Asp Ser Ala Lys Cys Leu His Arg Gly Pro Gln Pro
1 5 10 15
Ser His Trp Ala Ala Gly Asp Gly Pro Thr Gln Glu Arg Cys Gly Pro
20 25 30

Arg Ser Leu Gly Ser Pro Val Leu Gly Leu Asp Thr Cys Arg Ala Trp
35 40 45
Asp His Val Asp Gly Gln Ile Leu Gly Gln Leu Arg Pro Leu Thr Glu
50 55 60
Glu Glu Glu Glu Glu Gly Ala Gly Ala Thr Leu Ser Arg Gly Pro Ala
65 70 75 80
Phe Pro Gly Met Gly Ser Glu Glu Leu Arg Leu Ala Ser Phe Tyr Asp
85 90 95

Trp Pro Leu Thr Ala Glu Val Pro Pro Glu Leu Leu Ala Ala Ala Gly
100 105 110
Phe Phe His Thr Gly His Gln Asp Lys Val Arg Cys Phe Phe Cys Tyr
115 120 125
Gly Gly Leu Gln Ser Trp Lys Arg Gly Asp Asp Pro Trp Thr Glu His
130 135 140
Ala Lys Trp Phe Pro Ser Cys Gln Phe Leu Leu Arg Ser Lys Gly Arg
145 150 155 160

Asp Phe Val His Ser Val Gln Glu Thr His Ser Gln Leu Leu Gly Ser
165 170 175
Trp Asp Pro Trp Glu Glu Pro Glu Asp Ala Ala Pro Val Ala Pro Ser
180 185 190

Val Pro Ala Ser Gly Tyr Pro Glu Leu Pro Thr Pro Arg Arg Glu Val
195 200 205
Gln Ser Glu Ser Ala Gln Glu Pro Gly Gly Val Ser Pro Ala Glu Ala
210 215 220

Gln Arg Ala Trp Trp Val Leu Glu Pro Pro Gly Ala Arg Asp Val Glu
225 230 235 240
Ala Gln Leu Arg Arg Leu Gln Glu Glu Arg Thr Cys Lys Val Cys Leu
245 250 255
Asp Arg Ala Val Ser Ile Val Phe Val Pro Cys Gly His Leu Val Cys
260 265 270
Ala Glu Cys Ala Pro Gly Leu Gln Leu Cys Pro Ile Cys Arg Ala Pro
275 280 285

Val Arg Ser Arg Val Arg Thr Phe Leu Ser
290 295
<210> 235
<211> 759
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> BRCA1/m__Homo_sapiens__A0A024R1V0
<400> 235
Met Asp Leu Ser Ala Leu Arg Val Glu Glu Val Gln Asn Val Ile Asn
1 5 10 15
Ala Met Gln Lys Ile Leu Glu Cys Pro Ile Cys Leu Glu Leu Ile Lys
20 25 30
Glu Pro Val Ser Thr Lys Cys Asp His Ile Phe Cys Lys Phe Cys Met

35 40 45
Leu Lys Leu Leu Asn Gln Lys Lys Gly Pro Ser Gln Cys Pro Leu Cys
50 55 60
Lys Asn Asp Ile Thr Lys Arg Ser Leu Gln Glu Ser Thr Arg Phe Ser
65 70 75 80
Gln Leu Val Glu Glu Leu Leu Lys Ile Ile Cys Ala Phe Gln Leu Asp
85 90 95

Thr Gly Leu Glu Tyr Ala Asn Ser Tyr Asn Phe Ala Lys Lys Glu Asn

100 105 110

Asn Ser Pro Glu His Leu Lys Asp Glu Val Ser Ile Ile Gln Ser Met

115 120 125

Gly Tyr Arg Asn Arg Ala Lys Arg Leu Leu Gln Ser Glu Pro Glu Asn

130 135 140

Pro Ser Leu Gln Glu Thr Ser Leu Ser Val Gln Leu Ser Asn Leu Gly

145 150 155 160

Thr Val Arg Thr Leu Arg Thr Lys Gln Arg Ile Gln Pro Gln Lys Thr

165 170 175

Ser Val Tyr Ile Glu Leu Gly Ser Asp Ser Ser Glu Asp Thr Val Asn

180 185 190

Lys Ala Thr Tyr Cys Ser Val Gly Asp Gln Glu Leu Leu Gln Ile Thr

195 200 205

Pro Gln Gly Thr Arg Asp Glu Ile Ser Leu Asp Ser Ala Lys Lys Ala

210 215 220

Ala Cys Glu Phe Ser Glu Thr Asp Val Thr Asn Thr Glu His His Gln

225 230 235 240

Pro Ser Asn Asn Asp Leu Asn Thr Thr Glu Lys Arg Ala Ala Glu Arg

245 250 255

His Pro Glu Lys Tyr Gln Gly Glu Ala Ala Ser Gly Cys Glu Ser Glu

260 265 270

Thr Ser Val Ser Glu Asp Cys Ser Gly Leu Ser Ser Gln Ser Asp Ile

275 280 285

Leu Thr Thr Gln Gln Arg Asp Thr Met Gln His Asn Leu Ile Lys Leu

290 295 300

Gln Gln Glu Met Ala Glu Leu Glu Ala Val Leu Glu Gln His Gly Ser

305 310 315 320

Gln Pro Ser Asn Ser Tyr Pro Ser Ile Ile Ser Asp Ser Ser Ala Leu

325 330 335

Glu Asp Leu Arg Asn Pro Glu Gln Ser Thr Ser Glu Lys Val Leu Thr

340 345 350

Ser Gln Lys Ser Ser Glu Tyr Pro Ile Ser Gln Asn Pro Glu Gly Leu

355 360 365

Ser Ala Asp Lys Phe Glu Val Ser Ala Asp Ser Ser Thr Ser Lys Asn

370 375 380

Lys Glu Pro Gly Val Glu Arg Ser Ser Pro Ser Lys Cys Pro Ser Leu

385 390 395 400

Asp Asp Arg Trp Tyr Met His Ser Cys Ser Gly Ser Leu Gln Asn Arg

405 410 415

Asn Tyr Pro Ser Gln Glu Glu Leu Ile Lys Val Val Asp Val Glu Glu

420 425 430

Gln Gln Leu Glu Glu Ser Gly Pro His Asp Leu Thr Glu Thr Ser Tyr

435 440 445

Leu Pro Arg Gln Asp Leu Glu Gly Thr Pro Tyr Leu Glu Ser Gly Ile

450 455 460

Ser Leu Phe Ser Asp Asp Pro Glu Ser Asp Pro Ser Glu Asp Arg Ala

465 470 475 480

Pro Glu Ser Ala Arg Val Gly Asn Ile Pro Ser Ser Thr Ser Ala Leu

485 490 495

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

500 505 510

Ala His Thr Thr Asp Thr Ala Gly Tyr Asn Ala Met Glu Glu Ser Val

515 520 525

Ser Arg Glu Lys Pro Glu Leu Thr Ala Ser Thr Glu Arg Val Asn Lys

530 535 540

Arg Met Ser Met Val Val Ser Gly Leu Thr Pro Glu Glu Phe Met Leu

545 550 555 560

Val Tyr Lys Phe Ala Arg Lys His His Ile Thr Leu Thr Asn Leu Ile

565 570 575

Thr Glu Glu Thr Thr His Val Val Met Lys Thr Asp Ala Glu Phe Val

580 585 590

Cys Glu Arg Thr Leu Lys Tyr Phe Leu Gly Ile Ala Gly Gly Lys Trp
595 600 605
Val Val Ser Tyr Phe Trp Val Thr Gln Ser Ile Lys Glu Arg Lys Met

610 615 620
Leu Asn Glu His Asp Phe Glu Val Arg Gly Asp Val Val Asn Gly Arg
625 630 635 640
Asn His Gln Gly Pro Lys Arg Ala Arg Glu Ser Gln Asp Arg Lys Ile
645 650 655
Phe Arg Gly Leu Glu Ile Cys Cys Tyr Gly Pro Phe Thr Asn Met Pro
660 665 670
Thr Asp Gln Leu Glu Trp Met Val Gln Leu Cys Gly Ala Ser Val Val

675 680 685
Lys Glu Leu Ser Ser Phe Thr Leu Gly Thr Gly Val His Pro Ile Val
690 695 700
Val Val Gln Pro Asp Ala Trp Thr Glu Asp Asn Gly Phe His Ala Ile
705 710 715 720
Gly Gln Met Cys Glu Ala Pro Val Val Thr Arg Glu Trp Val Leu Asp
725 730 735
Ser Val Ala Leu Tyr Gln Cys Gln Glu Leu Asp Thr Tyr Leu Ile Pro

740 745 750
Gln Ile Pro His Ser His Tyr
755

<210> 236
<211> 719
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> BRCA1/m__Homo_sapiens__A0A024R1V7
<400> 236
Met Asp Leu Ser Ala Leu Arg Val Glu Glu Val Gln Asn Val Ile Asn
1 5 10 15
Ala Met Gln Lys Ile Leu Glu Cys Pro Ile Cys Leu Glu Leu Ile Lys
20 25 30

Glu Pro Val Ser Thr Lys Cys Asp His Ile Phe Cys Lys Phe Cys Met

35 40 45

Leu Lys Leu Leu Asn Gln Lys Lys Gly Pro Ser Gln Cys Pro Leu Cys

50 55 60

Lys Asn Asp Ile Thr Lys Arg Ser Leu Gln Glu Ser Thr Arg Phe Ser

65 70 75 80

Gln Leu Val Glu Glu Leu Leu Lys Ile Ile Cys Ala Phe Gln Leu Asp

85 90 95

Thr Gly Leu Glu Tyr Ala Asn Ser Tyr Asn Phe Ala Lys Lys Glu Asn

100 105 110

Asn Ser Pro Glu His Leu Lys Asp Glu Val Ser Ile Ile Gln Ser Met

115 120 125

Gly Tyr Arg Asn Arg Ala Lys Arg Leu Leu Gln Ser Glu Pro Glu Asn

130 135 140

Pro Ser Leu Gln Glu Thr Ser Leu Ser Val Gln Leu Ser Asn Leu Gly

145 150 155 160

Thr Val Arg Thr Leu Arg Thr Lys Gln Arg Ile Gln Pro Gln Lys Thr

165 170 175

Ser Val Tyr Ile Glu Leu Ala Ala Cys Glu Phe Ser Glu Thr Asp Val

180 185 190

Thr Asn Thr Glu His His Gln Pro Ser Asn Asn Asp Leu Asn Thr Thr

195 200 205

Glu Lys Arg Ala Ala Glu Arg His Pro Glu Lys Tyr Gln Gly Glu Ala

210 215 220

Ala Ser Gly Cys Glu Ser Glu Thr Ser Val Ser Glu Asp Cys Ser Gly

225 230 235 240

Leu Ser Ser Gln Ser Asp Ile Leu Thr Thr Gln Gln Arg Asp Thr Met

245 250 255

Gln His Asn Leu Ile Lys Leu Gln Gln Glu Met Ala Glu Leu Glu Ala

260 265 270

Val Leu Glu Gln His Gly Ser Gln Pro Ser Asn Ser Tyr Pro Ser Ile

275 280 285

Ile Ser Asp Ser Ser Ala Leu Glu Asp Leu Arg Asn Pro Glu Gln Ser

290 295 300

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

305 310 315 320

Ile Ser Gln Asn Pro Glu Gly Leu Ser Ala Asp Lys Phe Glu Val Ser

325 330 335

Ala Asp Ser Ser Thr Ser Lys Asn Lys Glu Pro Gly Val Glu Arg Ser

340 345 350

Ser Pro Ser Lys Cys Pro Ser Leu Asp Asp Arg Trp Tyr Met His Ser

355 360 365

Cys Ser Gly Ser Leu Gln Asn Arg Asn Tyr Pro Ser Gln Glu Glu Leu

370 375 380

Ile Lys Val Val Asp Val Glu Glu Gln Gln Leu Glu Glu Ser Gly Pro

385 390 395 400

His Asp Leu Thr Glu Thr Ser Tyr Leu Pro Arg Gln Asp Leu Glu Gly

405 410 415

Thr Pro Tyr Leu Glu Ser Gly Ile Ser Leu Phe Ser Asp Asp Pro Glu

420 425 430

Ser Asp Pro Ser Glu Asp Arg Ala Pro Glu Ser Ala Arg Val Gly Asn

435 440 445

Ile Pro Ser Ser Thr Ser Ala Leu Lys Val Pro Gln Leu Lys Val Ala

450 455 460

Glu Ser Ala Gln Ser Pro Ala Ala Ala His Thr Thr Asp Thr Ala Gly

465 470 475 480

Tyr Asn Ala Met Glu Glu Ser Val Ser Arg Glu Lys Pro Glu Leu Thr

485 490 495

Ala Ser Thr Glu Arg Val Asn Lys Arg Met Ser Met Val Val Ser Gly

500 505 510

Leu Thr Pro Glu Glu Phe Met Leu Val Tyr Lys Phe Ala Arg Lys His

515 520 525

His Ile Thr Leu Thr Asn Leu Ile Thr Glu Glu Thr Thr His Val Val
530 535 540
Met Lys Thr Asp Ala Glu Phe Val Cys Glu Arg Thr Leu Lys Tyr Phe

545 550 555 560
Leu Gly Ile Ala Gly Gly Lys Trp Val Val Ser Tyr Phe Trp Val Thr
565 570 575
Gln Ser Ile Lys Glu Arg Lys Met Leu Asn Glu His Asp Phe Glu Val
580 585 590
Arg Gly Asp Val Val Asn Gly Arg Asn His Gln Gly Pro Lys Arg Ala
595 600 605
Arg Glu Ser Gln Asp Arg Lys Ile Phe Arg Gly Leu Glu Ile Cys Cys

610 615 620
Tyr Gly Pro Phe Thr Asn Met Pro Thr Asp Gln Leu Glu Trp Met Val
625 630 635 640
Gln Leu Cys Gly Ala Ser Val Val Lys Glu Leu Ser Ser Phe Thr Leu
645 650 655
Gly Thr Gly Val His Pro Ile Val Val Val Gln Pro Asp Ala Trp Thr
660 665 670
Glu Asp Asn Gly Phe His Ala Ile Gly Gln Met Cys Glu Ala Pro Val

675 680 685
Val Thr Arg Glu Trp Val Leu Asp Ser Val Ala Leu Tyr Gln Cys Gln
690 695 700
Glu Leu Asp Thr Tyr Leu Ile Pro Gln Ile Pro His Ser His Tyr
705 710 715
<210> 237
<211> 721
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> BRCA1/m__Homo_sapiens__A0A024R1Z8
<400> 237
Met Asp Leu Ser Ala Leu Arg Val Glu Glu Val Gln Asn Val Ile Asn

1 5 10 15

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

Gln Leu Val Glu Glu Leu Leu Lys Ile Ile Cys Ala Phe Gln Leu Asp
85 90 95
Thr Gly Leu Glu Tyr Ala Asn Ser Tyr Asn Phe Ala Lys Lys Glu Asn
100 105 110
Asn Ser Pro Glu His Leu Lys Asp Glu Val Ser Ile Ile Gln Ser Met
115 120 125
Gly Tyr Arg Asn Arg Ala Lys Arg Leu Leu Gln Ser Glu Pro Glu Asn
130 135 140

Pro Ser Leu Gln Glu Thr Ser Leu Ser Val Gln Leu Ser Asn Leu Gly
145 150 155 160
Thr Val Arg Thr Leu Arg Thr Lys Gln Arg Ile Gln Pro Gln Lys Thr
165 170 175
Ser Val Tyr Ile Glu Leu Gly Ser Asp Ser Ser Glu Asp Thr Val Asn
180 185 190
Lys Ala Thr Tyr Cys Ser Val Gly Asp Gln Glu Leu Leu Gln Ile Thr
195 200 205

Pro Gln Gly Thr Arg Asp Glu Ile Ser Leu Asp Ser Ala Lys Lys Gly
210 215 220
Glu Ala Ala Ser Gly Cys Glu Ser Glu Thr Ser Val Ser Glu Asp Cys
225 230 235 240
Ser Gly Leu Ser Ser Gln Ser Asp Ile Leu Thr Thr Gln Gln Arg Asp
245 250 255

Thr Met Gln His Asn Leu Ile Lys Leu Gln Gln Glu Met Ala Glu Leu
260 265 270

Glu Ala Val Leu Glu Gln His Gly Ser Gln Pro Ser Asn Ser Tyr Pro
275 280 285
Ser Ile Ile Ser Asp Ser Ser Ala Leu Glu Asp Leu Arg Asn Pro Glu
290 295 300
Gln Ser Thr Ser Glu Lys Ala Val Leu Thr Ser Gln Lys Ser Ser Glu
305 310 315 320
Tyr Pro Ile Ser Gln Asn Pro Glu Gly Leu Ser Ala Asp Lys Phe Glu
325 330 335

Val Ser Ala Asp Ser Ser Thr Ser Lys Asn Lys Glu Pro Gly Val Glu
340 345 350
Arg Ser Ser Pro Ser Lys Cys Pro Ser Leu Asp Asp Arg Trp Tyr Met
355 360 365
His Ser Cys Ser Gly Ser Leu Gln Asn Arg Asn Tyr Pro Ser Gln Glu
370 375 380
Glu Leu Ile Lys Val Val Asp Val Glu Glu Gln Gln Leu Glu Glu Ser
385 390 395 400

Gly Pro His Asp Leu Thr Glu Thr Ser Tyr Leu Pro Arg Gln Asp Leu
405 410 415
Glu Gly Thr Pro Tyr Leu Glu Ser Gly Ile Ser Leu Phe Ser Asp Asp
420 425 430
Pro Glu Ser Asp Pro Ser Glu Asp Arg Ala Pro Glu Ser Ala Arg Val
435 440 445
Gly Asn Ile Pro Ser Ser Thr Ser Ala Leu Lys Val Pro Gln Leu Lys
450 455 460

Val Ala Glu Ser Ala Gln Ser Pro Ala Ala Ala His Thr Thr Asp Thr
465 470 475 480
Ala Gly Tyr Asn Ala Met Glu Glu Ser Val Ser Arg Glu Lys Pro Glu
485 490 495
Leu Thr Ala Ser Thr Glu Arg Val Asn Lys Arg Met Ser Met Val Val

500 505 510

Ser Gly Leu Thr Pro Glu Glu Phe Met Leu Val Tyr Lys Phe Ala Arg

515 520 525

Lys His His Ile Thr Leu Thr Asn Leu Ile Thr Glu Glu Thr Thr His

530 535 540

Val Val Met Lys Thr Asp Ala Glu Phe Val Cys Glu Arg Thr Leu Lys

545 550 555 560

Tyr Phe Leu Gly Ile Ala Gly Gly Lys Trp Val Val Ser Tyr Phe Trp

565 570 575

Val Thr Gln Ser Ile Lys Glu Arg Lys Met Leu Asn Glu His Asp Phe

580 585 590

Glu Val Arg Gly Asp Val Val Asn Gly Arg Asn His Gln Gly Pro Lys

595 600 605

Arg Ala Arg Glu Ser Gln Asp Arg Lys Ile Phe Arg Gly Leu Glu Ile

610 615 620

Cys Cys Tyr Gly Pro Phe Thr Asn Met Pro Thr Asp Gln Leu Glu Trp

625 630 635 640

Met Val Gln Leu Cys Gly Ala Ser Val Val Lys Glu Leu Ser Ser Phe

645 650 655

Thr Leu Gly Thr Gly Val His Pro Ile Val Val Val Gln Pro Asp Ala

660 665 670

Trp Thr Glu Asp Asn Gly Phe His Ala Ile Gly Gln Met Cys Glu Ala

675 680 685

Pro Val Val Thr Arg Glu Trp Val Leu Asp Ser Val Ala Leu Tyr Gln

690 695 700

Cys Gln Glu Leu Asp Thr Tyr Leu Ile Pro Gln Ile Pro His Ser His

705 710 715 720

Tyr

<210> 238

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BRCA1/m__Homo_sapiens__A0A068BFX7

<400> 238

Met Asp Leu Ser Ala Leu Arg Val Glu Glu Val

1 5 10

<210> 239

<211> 173

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BRCA1/m__Homo_sapiens__C6YB45

<400> 239

Met Asp Ala Glu Phe Val Cys Glu Arg Thr Leu Lys Tyr Phe Leu Gly

1 5 10 15

Ile Ala Gly Gly Lys Trp Val Val Ser Tyr Phe Trp Val Thr Gln Ser

20 25 30

Ile Lys Glu Arg Lys Met Leu Asn Glu His Asp Phe Glu Val Arg Gly

35 40 45

Asp Val Val Asn Gly Arg Asn His Gln Gly Pro Lys Arg Ala Arg Glu

50 55 60

Ser Gln Asp Arg Lys Ile Phe Arg Gly Leu Glu Ile Cys Cys Tyr Gly

65 70 75 80

Pro Phe Thr Asn Met Pro Thr Asp Gln Leu Glu Trp Met Val Gln Leu

85 90 95

Cys Gly Ala Ser Val Val Lys Glu Leu Ser Ser Phe Thr Leu Gly Thr

100 105 110

Gly Val His Pro Ile Val Val Val Gln Pro Asp Ala Trp Thr Glu Asp

115 120 125

Asn Gly Phe His Ala Ile Gly Gln Met Cys Glu Ala Pro Val Val Thr

130 135 140

Arg Glu Trp Val Leu Asp Ser Val Ala Leu Tyr Gln Cys Gln Glu Leu

145 150 155 160

Asp Thr Tyr Leu Ile Pro Gln Ile Pro His Ser His Tyr

165 170

<210> 240

<211> 354

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BRCA1/m__Homo_sapiens__C6YB47

<400> 240

Met His Ser Cys Ser Gly Ser Leu Gln Asn Arg Asn Tyr Pro Ser Gln
1 5 10 15
Glu Glu Leu Ile Lys Val Val Asp Val Glu Glu Gln Gln Leu Glu Glu
20 25 30

Ser Gly Pro His Asp Leu Thr Glu Thr Ser Tyr Leu Pro Arg Gln Asp
35 40 45
Leu Glu Gly Thr Pro Tyr Leu Glu Ser Gly Ile Ser Leu Phe Ser Asp
50 55 60
Asp Pro Glu Ser Asp Pro Ser Glu Asp Arg Ala Pro Glu Ser Ala Arg
65 70 75 80
Val Gly Asn Ile Pro Ser Ser Thr Ser Ala Leu Lys Val Pro Gln Leu
85 90 95

Lys Val Ala Glu Ser Ala Gln Gly Pro Ala Ala Ala His Thr Thr Asp
100 105 110
Thr Ala Gly Tyr Asn Ala Met Glu Glu Ser Val Ser Arg Glu Lys Pro
115 120 125
Glu Leu Thr Ala Ser Thr Glu Arg Val Asn Lys Arg Met Ser Met Val
130 135 140
Val Ser Gly Leu Thr Pro Glu Glu Phe Met Leu Val Tyr Lys Phe Ala
145 150 155 160

Arg Lys His His Ile Thr Leu Thr Asn Leu Ile Thr Glu Glu Thr Thr
165 170 175
His Val Val Met Lys Thr Asp Ala Glu Phe Val Cys Glu Arg Thr Leu
180 185 190
Lys Tyr Phe Leu Gly Ile Ala Gly Gly Lys Trp Val Val Ser Tyr Phe

195 200 205

Trp Val Thr Gln Ser Ile Lys Glu Arg Lys Met Leu Asn Glu His Asp

210 215 220

Phe Glu Val Arg Gly Asp Val Val Asn Gly Arg Asn His Gln Gly Pro

225 230 235 240

Lys Arg Ala Arg Glu Ser Gln Asp Arg Lys Ile Phe Arg Gly Leu Glu

245 250 255

Ile Cys Cys Tyr Gly Pro Phe Thr Asn Met Pro Thr Asp Gln Leu Glu

260 265 270

Trp Met Val Gln Leu Cys Gly Ala Ser Val Val Lys Glu Leu Ser Ser

275 280 285

Phe Thr Leu Gly Thr Gly Val His Pro Ile Val Val Val Gln Pro Asp

290 295 300

Ala Trp Thr Glu Asp Asn Gly Phe His Ala Ile Gly Gln Met Cys Glu

305 310 315 320

Thr Pro Val Val Thr Arg Glu Trp Val Leu Asp Ser Val Ala Leu Tyr

325 330 335

Gln Cys Gln Glu Leu Asp Thr Tyr Leu Ile Pro Gln Ile Pro His Ser

340 345 350

His Tyr

<210> 241

<211> 680

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BRCA1/m__Homo_sapiens__G3XAC3

<400> 241

Met Asp Leu Ser Ala Leu Arg Val Glu Glu Val Gln Asn Val Ile Asn

1 5 10 15

Ala Met Gln Lys Ile Leu Glu Cys Pro Ile Cys Leu Glu Leu Ile Lys

20 25 30

Glu Pro Val Ser Thr Lys Cys Asp His Ile Phe Cys Lys Phe Cys Met

35 40 45

Leu Lys Leu Leu Asn Gln Lys Lys Gly Pro Ser Gln Cys Pro Leu Cys
50 55 60
Lys Asn Asp Ile Thr Lys Arg Ser Leu Gln Glu Ser Thr Arg Phe Ser
65 70 75 80
Gln Leu Val Glu Glu Leu Leu Lys Ile Ile Cys Ala Phe Gln Leu Asp
85 90 95
Thr Gly Leu Glu Tyr Ala Asn Ser Tyr Asn Phe Ala Lys Lys Glu Asn
100 105 110

Asn Ser Pro Glu His Leu Lys Asp Glu Val Ser Ile Ile Gln Ser Met
115 120 125
Gly Tyr Arg Asn Arg Ala Lys Arg Leu Leu Gln Ser Glu Pro Glu Asn
130 135 140
Pro Ser Leu Gln Glu Thr Ser Leu Ser Val Gln Leu Ser Asn Leu Gly
145 150 155 160
Thr Val Arg Thr Leu Arg Thr Lys Gln Arg Ile Gln Pro Gln Lys Thr
165 170 175

Ser Val Tyr Ile Glu Leu Gly Glu Ala Ala Ser Gly Cys Glu Ser Glu
180 185 190
Thr Ser Val Ser Glu Asp Cys Ser Gly Leu Ser Ser Gln Ser Asp Ile
195 200 205
Leu Thr Thr Gln Gln Arg Asp Thr Met Gln His Asn Leu Ile Lys Leu
210 215 220
Gln Gln Glu Met Ala Glu Leu Glu Ala Val Leu Glu Gln His Gly Ser
225 230 235 240

Gln Pro Ser Asn Ser Tyr Pro Ser Ile Ile Ser Asp Ser Ser Ala Leu
245 250 255
Glu Asp Leu Arg Asn Pro Glu Gln Ser Thr Ser Glu Lys Ala Val Leu
260 265 270
Thr Ser Gln Lys Ser Ser Glu Tyr Pro Ile Ser Gln Asn Pro Glu Gly
275 280 285

Leu Ser Ala Asp Lys Phe Glu Val Ser Ala Asp Ser Ser Thr Ser Lys
290 295 300

Asn Lys Glu Pro Gly Val Glu Arg Ser Ser Pro Ser Lys Cys Pro Ser
305 310 315 320
Leu Asp Asp Arg Trp Tyr Met His Ser Cys Ser Gly Ser Leu Gln Asn
325 330 335
Arg Asn Tyr Pro Ser Gln Glu Glu Leu Ile Lys Val Val Asp Val Glu
340 345 350
Glu Gln Gln Leu Glu Glu Ser Gly Pro His Asp Leu Thr Glu Thr Ser
355 360 365

Tyr Leu Pro Arg Gln Asp Leu Glu Gly Thr Pro Tyr Leu Glu Ser Gly
370 375 380
Ile Ser Leu Phe Ser Asp Asp Pro Glu Ser Asp Pro Ser Glu Asp Arg
385 390 395 400
Ala Pro Glu Ser Ala Arg Val Gly Asn Ile Pro Ser Ser Thr Ser Ala
405 410 415
Leu Lys Val Pro Gln Leu Lys Val Ala Glu Ser Ala Gln Ser Pro Ala
420 425 430

Ala Ala His Thr Thr Asp Thr Ala Gly Tyr Asn Ala Met Glu Glu Ser
435 440 445
Val Ser Arg Glu Lys Pro Glu Leu Thr Ala Ser Thr Glu Arg Val Asn
450 455 460
Lys Arg Met Ser Met Val Val Ser Gly Leu Thr Pro Glu Glu Phe Met
465 470 475 480
Leu Val Tyr Lys Phe Ala Arg Lys His His Ile Thr Leu Thr Asn Leu
485 490 495

Ile Thr Glu Glu Thr Thr His Val Val Met Lys Thr Asp Ala Glu Phe
500 505 510
Val Cys Glu Arg Thr Leu Lys Tyr Phe Leu Gly Ile Ala Gly Gly Lys
515 520 525
Trp Val Val Ser Tyr Phe Trp Val Thr Gln Ser Ile Lys Glu Arg Lys

530 535 540

Met Leu Asn Glu His Asp Phe Glu Val Arg Gly Asp Val Val Asn Gly
545 550 555 560

Arg Asn His Gln Gly Pro Lys Arg Ala Arg Glu Ser Gln Asp Arg Lys
565 570 575

Ile Phe Arg Gly Leu Glu Ile Cys Cys Tyr Gly Pro Phe Thr Asn Met
580 585 590

Pro Thr Asp Gln Leu Glu Trp Met Val Gln Leu Cys Gly Ala Ser Val
595 600 605

Val Lys Glu Leu Ser Ser Phe Thr Leu Gly Thr Gly Val His Pro Ile
610 615 620

Val Val Val Gln Pro Asp Ala Trp Thr Glu Asp Asn Gly Phe His Ala
625 630 635 640

Ile Gly Gln Met Cys Glu Ala Pro Val Val Thr Arg Glu Trp Val Leu
645 650 655

Asp Ser Val Ala Leu Tyr Gln Cys Gln Glu Leu Asp Thr Tyr Leu Ile
660 665 670

Pro Gln Ile Pro His Ser His Tyr
675 680

<210> 242

<211> 181

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> BY55__Homo_sapiens__O95971

<400> 242

Met Leu Leu Glu Pro Gly Arg Gly Cys Cys Ala Leu Ala Ile Leu Leu
1 5 10 15

Ala Ile Val Asp Ile Gln Ser Gly Gly Cys Ile Asn Ile Thr Ser Ser
20 25 30

Ala Ser Gln Glu Gly Thr Arg Leu Asn Leu Ile Cys Thr Val Trp His
35 40 45

Lys Lys Glu Glu Ala Glu Gly Phe Val Val Phe Leu Cys Lys Asp Arg

50 55 60

Ser Gly Asp Cys Ser Pro Glu Thr Ser Leu Lys Gln Leu Arg Leu Lys
65 70 75 80

Arg Asp Pro Gly Ile Asp Gly Val Gly Glu Ile Ser Ser Gln Leu Met
85 90 95

Phe Thr Ile Ser Gln Val Thr Pro Leu His Ser Gly Thr Tyr Gln Cys
100 105 110

Cys Ala Arg Ser Gln Lys Ser Gly Ile Arg Leu Gln Gly His Phe Phe

115 120 125

Ser Ile Leu Phe Thr Glu Thr Gly Asn Tyr Thr Val Thr Gly Leu Lys
130 135 140

Gln Arg Gln His Leu Glu Phe Ser His Asn Glu Gly Thr Leu Ser Ser
145 150 155 160

Gly Phe Leu Gln Glu Lys Val Trp Val Met Leu Val Thr Ser Leu Val
165 170 175

Ala Leu Gln Ala Leu
180

<210> 243

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CAMEL__Homo_sapiens__O95987

<400> 243

Met Leu Met Ala Gln Glu Ala Leu Ala Phe Leu Met Ala Gln Gly Ala
1 5 10 15

Met Leu Ala Ala Gln Glu Arg Arg Val Pro Arg Ala Ala Glu Val Pro
20 25 30

Gly Ala Gln Gly Gln Gln Gly Pro Arg Gly Arg Glu Glu Ala Pro Arg

35 40 45

Gly Val Arg Met Ala Val Pro Leu Leu Arg Arg Met Glu Gly Ala Pro

50 55 60

Ala Gly Pro Gly Gly Arg Thr Ala Ala Cys Phe Ser Cys Thr Ser Arg

65 70 75 80

Cys Leu Ser Arg Arg Pro Trp Lys Arg Ser Trp Ser Ala Gly Ser Cys

85 90 95

Pro Gly Met Pro His Leu Ser Pro Asp Gln Gly Arg Phe

100 105

<210> 244

<211> 522

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CASPA__Homo_sapiens__Q92851-4

<400> 244

Met Lys Ser Gln Gly Gln His Trp Tyr Ser Ser Ser Asp Lys Asn Cys

1 5 10 15

Lys Val Ser Phe Arg Glu Lys Leu Leu Ile Ile Asp Ser Asn Leu Gly

20 25 30

Val Gln Asp Val Glu Asn Leu Lys Phe Leu Cys Ile Gly Leu Val Pro

35 40 45

Asn Lys Lys Leu Glu Lys Ser Ser Ser Ala Ser Asp Val Phe Glu His

50 55 60

Leu Leu Ala Glu Asp Leu Leu Ser Glu Glu Asp Pro Phe Phe Leu Ala

65 70 75 80

Glu Leu Leu Tyr Ile Ile Arg Gln Lys Lys Leu Leu Gln His Leu Asn

85 90 95

Cys Thr Lys Glu Glu Val Glu Arg Leu Leu Pro Thr Arg Gln Arg Val

100 105 110

Ser Leu Phe Arg Asn Leu Leu Tyr Glu Leu Ser Glu Gly Ile Asp Ser

115 120 125

Glu Asn Leu Lys Asp Met Ile Phe Leu Leu Lys Asp Ser Leu Pro Lys

130 135 140

Thr Glu Met Thr Ser Leu Ser Phe Leu Ala Phe Leu Glu Lys Gln Gly

145 150 155 160

Lys Ile Asp Glu Asp Asn Leu Thr Cys Leu Glu Asp Leu Cys Lys Thr

165 170 175

Val Val Pro Lys Leu Leu Arg Asn Ile Glu Lys Tyr Lys Arg Glu Lys

180 185 190

Ala Ile Gln Ile Val Thr Pro Pro Val Asp Lys Glu Ala Glu Ser Tyr

195 200 205

Gln Gly Glu Glu Glu Leu Val Ser Gln Thr Asp Val Lys Thr Phe Leu

210 215 220

Glu Ala Leu Pro Gln Glu Ser Trp Gln Asn Lys His Ala Gly Ser Asn

225 230 235 240

Gly Asn Arg Ala Thr Asn Gly Ala Pro Ser Leu Val Ser Arg Gly Met

245 250 255

Gln Gly Ala Ser Ala Asn Thr Leu Asn Ser Glu Thr Ser Thr Lys Arg

260 265 270

Ala Ala Val Tyr Arg Met Asn Arg Asn His Arg Gly Leu Cys Val Ile

275 280 285

Val Asn Asn His Ser Phe Thr Ser Leu Lys Asp Arg Gln Gly Thr His

290 295 300

Lys Asp Ala Glu Ile Leu Ser His Val Phe Gln Trp Leu Gly Phe Thr

305 310 315 320

Val His Ile His Asn Asn Val Thr Lys Val Glu Met Glu Met Val Leu

325 330 335

Gln Lys Gln Lys Cys Asn Pro Ala His Ala Asp Gly Asp Cys Phe Val

340 345 350

Phe Cys Ile Leu Thr His Gly Arg Phe Gly Ala Val Tyr Ser Ser Asp

355 360 365

Glu Ala Leu Ile Pro Ile Arg Glu Ile Met Ser His Phe Thr Ala Leu

370 375 380

Gln Cys Pro Arg Leu Ala Glu Lys Pro Lys Leu Phe Phe Ile Gln Ala

385 390 395 400

Cys Gln Gly Glu Glu Ile Gln Pro Ser Val Ser Ile Glu Ala Asp Ala
405 410 415
Leu Asn Pro Glu Gln Ala Pro Thr Ser Leu Gln Asp Ser Ile Pro Ala
420 425 430
Glu Ala Asp Phe Leu Leu Gly Leu Ala Thr Val Pro Gly Tyr Val Ser
435 440 445

Phe Arg His Val Glu Glu Gly Ser Trp Tyr Ile Gln Ser Leu Cys Asn
450 455 460
His Leu Lys Lys Leu Val Pro Arg His Glu Asp Ile Leu Ser Ile Leu
465 470 475 480
Thr Ala Val Asn Asp Asp Val Ser Arg Arg Val Asp Lys Gln Gly Thr
485 490 495
Lys Lys Gln Met Pro Gln Pro Ala Phe Thr Leu Arg Lys Lys Leu Val
500 505 510

Phe Pro Val Pro Leu Asp Ala Leu Ser Leu
515 520

<210> 245
<211> 339
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> cathepsin_B__Homo_sapiens__A0A024R374
<400> 245
Met Trp Gln Leu Trp Ala Ser Leu Cys Cys Leu Leu Val Leu Ala Asn
1 5 10 15
Ala Arg Ser Arg Pro Ser Phe His Pro Leu Ser Asp Glu Leu Val Asn
20 25 30
Tyr Val Asn Lys Arg Asn Thr Thr Trp Gln Ala Gly His Asn Phe Tyr

35 40 45
Asn Val Asp Met Ser Tyr Leu Lys Arg Leu Cys Gly Thr Phe Leu Gly
50 55 60
Gly Pro Lys Pro Pro Gln Arg Val Met Phe Thr Glu Asp Leu Lys Leu
65 70 75 80

Pro Ala Ser Phe Asp Ala Arg Glu Gln Trp Pro Gln Cys Pro Thr Ile
85 90 95
Lys Glu Ile Arg Asp Gln Gly Ser Cys Gly Ser Cys Trp Ala Phe Gly

100 105 110
Ala Val Glu Ala Ile Ser Asp Arg Ile Cys Ile His Thr Asn Ala His
115 120 125
Val Ser Val Glu Val Ser Ala Glu Asp Leu Leu Thr Cys Cys Gly Ser
130 135 140
Met Cys Gly Asp Gly Cys Asn Gly Gly Tyr Pro Ala Glu Ala Trp Asn
145 150 155 160
Phe Trp Thr Arg Lys Gly Leu Val Ser Gly Gly Leu Tyr Glu Ser His

165 170 175
Val Gly Cys Arg Pro Tyr Ser Ile Pro Pro Cys Glu His His Val Asn
180 185 190
Gly Ser Arg Pro Pro Cys Thr Gly Glu Gly Asp Thr Pro Lys Cys Ser
195 200 205
Lys Ile Cys Glu Pro Gly Tyr Ser Pro Thr Tyr Lys Gln Asp Lys His
210 215 220
Tyr Gly Tyr Asn Ser Tyr Ser Val Ser Asn Ser Glu Lys Asp Ile Met

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

290 295 300
Gly Asp Asn Gly Phe Phe Lys Ile Leu Arg Gly Gln Asp His Cys Gly
305 310 315 320
Ile Glu Ser Glu Val Val Ala Gly Ile Pro Arg Thr Asp Gln Tyr Trp

325 330 335

Glu Lys Ile

<210> 246

<211> 339

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> cathepsin_B__Homo_sapiens__P07858

<400> 246

Met Trp Gln Leu Trp Ala Ser Leu Cys Cys Leu Leu Val Leu Ala Asn

1 5 10 15

Ala Arg Ser Arg Pro Ser Phe His Pro Leu Ser Asp Glu Leu Val Asn

20 25 30

Tyr Val Asn Lys Arg Asn Thr Thr Trp Gln Ala Gly His Asn Phe Tyr

35 40 45

Asn Val Asp Met Ser Tyr Leu Lys Arg Leu Cys Gly Thr Phe Leu Gly

50 55 60

Gly Pro Lys Pro Pro Gln Arg Val Met Phe Thr Glu Asp Leu Lys Leu

65 70 75 80

Pro Ala Ser Phe Asp Ala Arg Glu Gln Trp Pro Gln Cys Pro Thr Ile

85 90 95

Lys Glu Ile Arg Asp Gln Gly Ser Cys Gly Ser Cys Trp Ala Phe Gly

100 105 110

Ala Val Glu Ala Ile Ser Asp Arg Ile Cys Ile His Thr Asn Ala His

115 120 125

Val Ser Val Glu Val Ser Ala Glu Asp Leu Leu Thr Cys Cys Gly Ser

130 135 140

Met Cys Gly Asp Gly Cys Asn Gly Gly Tyr Pro Ala Glu Ala Trp Asn

145 150 155 160

Phe Trp Thr Arg Lys Gly Leu Val Ser Gly Gly Leu Tyr Glu Ser His

165 170 175

Val Gly Cys Arg Pro Tyr Ser Ile Pro Pro Cys Glu His His Val Asn

180 185 190

Gly Ser Arg Pro Pro Cys Thr Gly Glu Gly Asp Thr Pro Lys Cys Ser

195 200 205

Lys Ile Cys Glu Pro Gly Tyr Ser Pro Thr Tyr Lys Gln Asp Lys His

210 215 220

Tyr Gly Tyr Asn Ser Tyr Ser Val Ser Asn Ser Glu Lys Asp Ile Met

225 230 235 240

Ala Glu Ile Tyr Lys Asn Gly Pro Val Glu Gly Ala Phe Ser Val Tyr

245 250 255

Ser Asp Phe Leu Leu Tyr Lys Ser Gly Val Tyr Gln His Val Thr Gly

260 265 270

Glu Met Met Gly Gly His Ala Ile Arg Ile Leu Gly Trp Gly Val Glu

275 280 285

Asn Gly Thr Pro Tyr Trp Leu Val Ala Asn Ser Trp Asn Thr Asp Trp

290 295 300

Gly Asp Asn Gly Phe Phe Lys Ile Leu Arg Gly Gln Asp His Cys Gly

305 310 315 320

Ile Glu Ser Glu Val Val Ala Gly Ile Pro Arg Thr Asp Gln Tyr Trp

325 330 335

Glu Lys Ile

<210> 247

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> cathepsin_L__Homo_sapiens__A0A024R276

<400> 247

Met Asn Pro Thr Leu Ile Leu Ala Ala Phe Cys Leu Gly Ile Ala Ser

1 5 10 15

Ala Thr Leu Thr Phe Asp His Ser Leu Glu Ala Gln Trp Thr Lys Trp

20 25 30

Lys Ala Met His Asn Arg Leu Tyr Gly Met Asn Glu Glu Gly Trp Arg

35 40 45

Arg Ala Val Trp Glu Lys Asn Met Lys Met Ile Glu Leu His Asn Gln
50 55 60
Glu Tyr Arg Glu Gly Lys His Ser Phe Thr Met Ala Met Asn Ala Phe
65 70 75 80
Gly Asp Met Thr Ser Glu Glu Phe Arg Gln Val Met Asn Gly Phe Gln
85 90 95
Asn Arg Lys Pro Arg Lys Gly Lys Val Phe Gln Glu Pro Leu Phe Tyr

100 105 110
Glu Ala Pro Arg Ser Val Asp Trp Arg Glu Lys Gly Tyr Val Thr Pro
115 120 125
Val Lys Asn Gln Gly Gln Cys Gly Ser Cys Trp Ala Phe Ser Ala Thr
130 135 140
Gly Ala Leu Glu Gly Gln Met Phe Arg Lys Thr Gly Arg Leu Ile Ser
145 150 155 160
Leu Ser Glu Gln Asn Leu Val Asp Cys Ser Gly Pro Gln Gly Asn Glu

165 170 175
Gly Cys Asn Gly Gly Leu Met Asp Tyr Ala Phe Gln Tyr Val Gln Asp
180 185 190
Asn Gly Gly Leu Asp Ser Glu Glu Ser Tyr Pro Tyr Glu Ala Thr Glu
195 200 205
Glu Ser Cys Lys Tyr Asn Pro Lys Tyr Ser Val Ala Asn Asp Thr Gly
210 215 220
Phe Val Asp Ile Pro Lys Gln Glu Lys Ala Leu Met Lys Ala Val Ala

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

290 295 300

Glu Trp Gly Met Gly Gly Tyr Val Lys Met Ala Lys Asp Arg Arg Asn

305 310 315 320

His Cys Gly Ile Ala Ser Ala Ala Ser Tyr Pro Thr Val

325 330

<210> 248

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> cathepsin_L__Homo_sapiens__P07711

<400> 248

Met Asn Pro Thr Leu Ile Leu Ala Ala Phe Cys Leu Gly Ile Ala Ser

1 5 10 15

Ala Thr Leu Thr Phe Asp His Ser Leu Glu Ala Gln Trp Thr Lys Trp

20 25 30

Lys Ala Met His Asn Arg Leu Tyr Gly Met Asn Glu Glu Gly Trp Arg

35 40 45

Arg Ala Val Trp Glu Lys Asn Met Lys Met Ile Glu Leu His Asn Gln

50 55 60

Glu Tyr Arg Glu Gly Lys His Ser Phe Thr Met Ala Met Asn Ala Phe

65 70 75 80

Gly Asp Met Thr Ser Glu Glu Phe Arg Gln Val Met Asn Gly Phe Gln

85 90 95

Asn Arg Lys Pro Arg Lys Gly Lys Val Phe Gln Glu Pro Leu Phe Tyr

100 105 110

Glu Ala Pro Arg Ser Val Asp Trp Arg Glu Lys Gly Tyr Val Thr Pro

115 120 125

Val Lys Asn Gln Gly Gln Cys Gly Ser Cys Trp Ala Phe Ser Ala Thr

130 135 140

Gly Ala Leu Glu Gly Gln Met Phe Arg Lys Thr Gly Arg Leu Ile Ser

145 150 155 160

Leu Ser Glu Gln Asn Leu Val Asp Cys Ser Gly Pro Gln Gly Asn Glu

165 170 175

Gly Cys Asn Gly Gly Leu Met Asp Tyr Ala Phe Gln Tyr Val Gln Asp

180 185 190

Asn Gly Gly Leu Asp Ser Glu Glu Ser Tyr Pro Tyr Glu Ala Thr Glu

195 200 205

Glu Ser Cys Lys Tyr Asn Pro Lys Tyr Ser Val Ala Asn Asp Thr Gly

210 215 220

Phe Val Asp Ile Pro Lys Gln Glu Lys Ala Leu Met Lys Ala Val Ala

225 230 235 240

Thr Val Gly Pro Ile Ser Val Ala Ile Asp Ala Gly His Glu Ser Phe

245 250 255

Leu Phe Tyr Lys Glu Gly Ile Tyr Phe Glu Pro Asp Cys Ser Ser Glu

260 265 270

Asp Met Asp His Gly Val Leu Val Val Gly Tyr Gly Phe Glu Ser Thr

275 280 285

Glu Ser Asp Asn Asn Lys Tyr Trp Leu Val Lys Asn Ser Trp Gly Glu

290 295 300

Glu Trp Gly Met Gly Gly Tyr Val Lys Met Ala Lys Asp Arg Arg Asn

305 310 315 320

His Cys Gly Ile Ala Ser Ala Ala Ser Tyr Pro Thr Val

325 330

<210> 249

<211> 151

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> cathepsin_L__Homo_sapiens__Q9HBQ7

<400> 249

Met Asp Tyr Ala Phe Gln Tyr Val Gln Asp Asn Gly Gly Leu Asp Ser

1 5 10 15

Glu Glu Ser Tyr Pro Tyr Glu Ala Thr Glu Glu Ser Cys Lys Tyr Asn

20 25 30

Pro Lys Tyr Ser Val Ala Asn Asp Thr Gly Phe Val Asp Ile Pro Lys

35 40 45

Gln Glu Lys Ala Leu Met Lys Ala Val Ala Thr Val Gly Pro Ile Ser

50 55 60

Val Ala Ile Asp Ala Gly His Glu Ser Phe Leu Phe Tyr Lys Glu Gly

65 70 75 80

Ile Tyr Phe Glu Pro Asp Cys Ser Ser Glu Asp Met Asp His Gly Val

85 90 95

Leu Val Val Gly Tyr Gly Phe Glu Ser Thr Glu Ser Asp Asn Asn Lys

100 105 110

Tyr Trp Leu Val Lys Asn Ser Trp Gly Glu Glu Trp Gly Met Gly Gly

115 120 125

Tyr Val Lys Met Ala Lys Asp Arg Arg Asn His Cys Gly Ile Ala Ser

130 135 140

Ala Ala Ser Tyr Pro Thr Val

145 150

<210> 250

<211> 327

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD1A__Homo_sapiens__P06126

<400> 250

Met Leu Phe Leu Leu Leu Pro Leu Leu Ala Val Leu Pro Gly Asp Gly

1 5 10 15

Asn Ala Asp Gly Leu Lys Glu Pro Leu Ser Phe His Val Thr Trp Ile

20 25 30

Ala Ser Phe Tyr Asn His Ser Trp Lys Gln Asn Leu Val Ser Gly Trp

35 40 45

Leu Ser Asp Leu Gln Thr His Thr Trp Asp Ser Asn Ser Ser Thr Ile

50 55 60

Val Phe Leu Cys Pro Trp Ser Arg Gly Asn Phe Ser Asn Glu Glu Trp

65 70 75 80

Lys Glu Leu Glu Thr Leu Phe Arg Ile Arg Thr Ile Arg Ser Phe Glu

85 90 95

Gly Ile Arg Arg Tyr Ala His Glu Leu Gln Phe Glu Tyr Pro Phe Glu

100 105 110

Ile Gln Val Thr Gly Gly Cys Glu Leu His Ser Gly Lys Val Ser Gly

115 120 125

Ser Phe Leu Gln Leu Ala Tyr Gln Gly Ser Asp Phe Val Ser Phe Gln

130 135 140

Asn Asn Ser Trp Leu Pro Tyr Pro Val Ala Gly Asn Met Ala Lys His

145 150 155 160

Phe Cys Lys Val Leu Asn Gln Asn Gln His Glu Asn Asp Ile Thr His

165 170 175

Asn Leu Leu Ser Asp Thr Cys Pro Arg Phe Ile Leu Gly Leu Leu Asp

180 185 190

Ala Gly Lys Ala His Leu Gln Arg Gln Val Lys Pro Glu Ala Trp Leu

195 200 205

Ser His Gly Pro Ser Pro Gly Pro Gly His Leu Gln Leu Val Cys His

210 215 220

Val Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Pro Val Trp Val Met Trp Met Arg Gly

225 230 235 240

Glu Gln Glu Gln Gln Gly Thr Gln Arg Gly Asp Ile Leu Pro Ser Ala

245 250 255

Asp Gly Thr Trp Tyr Leu Arg Ala Thr Leu Glu Val Ala Ala Gly Glu

260 265 270

Ala Ala Asp Leu Ser Cys Arg Val Lys His Ser Ser Leu Glu Gly Gln

275 280 285

Asp Ile Val Leu Tyr Trp Glu His His Ser Ser Val Gly Phe Ile Ile

290 295 300

Leu Ala Val Ile Val Pro Leu Leu Leu Leu Ile Gly Leu Ala Leu Trp

305 310 315 320

Phe Arg Lys Arg Cys Phe Cys

325

<210> 251

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD1B__Homo_sapiens__P29016

<400> 251

Met Leu Leu Leu Pro Phe Gln Leu Leu Ala Val Leu Phe Pro Gly Gly

1 5 10 15

Asn Ser Glu His Ala Phe Gln Gly Pro Thr Ser Phe His Val Ile Gln

20 25 30

Thr Ser Ser Phe Thr Asn Ser Thr Trp Ala Gln Thr Gln Gly Ser Gly

35 40 45

Trp Leu Asp Asp Leu Gln Ile His Gly Trp Asp Ser Asp Ser Gly Thr

50 55 60

Ala Ile Phe Leu Lys Pro Trp Ser Lys Gly Asn Phe Ser Asp Lys Glu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Glu Val Gln Asp Phe Ala Gly Asp Phe Gln Met Lys Tyr Pro Phe

100 105 110

Glu Ile Gln Gly Ile Ala Gly Cys Glu Leu His Ser Gly Gly Ala Ile

115 120 125

Val Ser Phe Leu Arg Gly Ala Leu Gly Gly Leu Asp Phe Leu Ser Val

130 135 140

Lys Asn Ala Ser Cys Val Pro Ser Pro Glu Gly Gly Ser Arg Ala Gln

145 150 155 160

Lys Phe Cys Ala Leu Ile Ile Gln Tyr Gln Gly Ile Met Glu Thr Val

165 170 175

Arg Ile Leu Leu Tyr Glu Thr Cys Pro Arg Tyr Leu Leu Gly Val Leu

180 185 190

Asn Ala Gly Lys Ala Asp Leu Gln Arg Gln Val Lys Pro Glu Ala Trp

195 200 205

Leu Ser Ser Gly Pro Ser Pro Gly Pro Gly Arg Leu Gln Leu Val Cys

210 215 220

His Val Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Pro Val Trp Val Met Trp Met Arg

225 230 235 240

Gly Glu Gln Glu Gln Gln Gly Thr Gln Leu Gly Asp Ile Leu Pro Asn

245 250 255

Ala Asn Trp Thr Trp Tyr Leu Arg Ala Thr Leu Asp Val Ala Asp Gly

260 265 270

Glu Ala Ala Gly Leu Ser Cys Arg Val Lys His Ser Ser Leu Glu Gly

275 280 285

Gln Asp Ile Ile Leu Tyr Trp Arg Asn Pro Thr Ser Ile Gly Ser Ile

290 295 300

Val Leu Ala Ile Ile Val Pro Ser Leu Leu Leu Leu Leu Cys Leu Ala

305 310 315 320

Leu Trp Tyr Met Arg Arg Arg Ser Tyr Gln Asn Ile Pro

325 330

<210> 252

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD1C__Homo_sapiens__P29017

<400> 252

Met Leu Phe Leu Gln Phe Leu Leu Leu Ala Leu Leu Leu Pro Gly Gly

1 5 10 15

Asp Asn Ala Asp Ala Ser Gln Glu His Val Ser Phe His Val Ile Gln

20 25 30

Ile Phe Ser Phe Val Asn Gln Ser Trp Ala Arg Gly Gln Gly Ser Gly

35 40 45

Trp Leu Asp Glu Leu Gln Thr His Gly Trp Asp Ser Glu Ser Gly Thr

50 55 60

Ile Ile Phe Leu His Asn Trp Ser Lys Gly Asn Phe Ser Asn Glu Glu
65 70 75 80

Leu Ser Asp Leu Glu Leu Leu Phe Arg Phe Tyr Leu Phe Gly Leu Thr
85 90 95

Arg Glu Ile Gln Asp His Ala Ser Gln Asp Tyr Ser Lys Tyr Pro Phe
100 105 110

Glu Val Gln Val Lys Ala Gly Cys Glu Leu His Ser Gly Lys Ser Pro
115 120 125

Glu Gly Phe Phe Gln Val Ala Phe Asn Gly Leu Asp Leu Leu Ser Phe
130 135 140

Gln Asn Thr Thr Trp Val Pro Ser Pro Gly Cys Gly Ser Leu Ala Gln
145 150 155 160

Ser Val Cys His Leu Leu Asn His Gln Tyr Glu Gly Val Thr Glu Thr
165 170 175

Val Tyr Asn Leu Ile Arg Ser Thr Cys Pro Arg Phe Leu Leu Gly Leu
180 185 190

Leu Asp Ala Gly Lys Met Tyr Val His Arg Gln Val Arg Pro Glu Ala
195 200 205

Trp Leu Ser Ser Arg Pro Ser Leu Gly Ser Gly Gln Leu Leu Leu Val
210 215 220

Cys His Ala Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Pro Val Trp Val Thr Trp Met
225 230 235 240

Arg Asn Glu Gln Glu Gln Leu Gly Thr Lys His Gly Asp Ile Leu Pro
245 250 255

Asn Ala Asp Gly Thr Trp Tyr Leu Gln Val Ile Leu Glu Val Ala Ser
260 265 270

Glu Glu Pro Ala Gly Leu Ser Cys Arg Val Arg His Ser Ser Leu Gly
275 280 285

Gly Gln Asp Ile Ile Leu Tyr Trp Gly His His Phe Ser Met Asn Trp
290 295 300

Ile Ala Leu Val Val Ile Val Pro Leu Val Ile Leu Ile Val Leu Val

305 310 315 320

Leu Trp Phe Lys Lys His Cys Ser Tyr Gln Asp Ile Leu

325 330

<210> 253

<211> 335

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD1D__Homo_sapiens__P15813

<400> 253

Met Gly Cys Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Ala Leu Leu Gln Ala Trp

1 5 10 15

Gly Ser Ala Glu Val Pro Gln Arg Leu Phe Pro Leu Arg Cys Leu Gln

20 25 30

Ile Ser Ser Phe Ala Asn Ser Ser Trp Thr Arg Thr Asp Gly Leu Ala

35 40 45

Trp Leu Gly Glu Leu Gln Thr His Ser Trp Ser Asn Asp Ser Asp Thr

50 55 60

Val Arg Ser Leu Lys Pro Trp Ser Gln Gly Thr Phe Ser Asp Gln Gln

65 70 75 80

Trp Glu Thr Leu Gln His Ile Phe Arg Val Tyr Arg Ser Ser Phe Thr

85 90 95

Arg Asp Val Lys Glu Phe Ala Lys Met Leu Arg Leu Ser Tyr Pro Leu

100 105 110

Glu Leu Gln Val Ser Ala Gly Cys Glu Val His Pro Gly Asn Ala Ser

115 120 125

Asn Asn Phe Phe His Val Ala Phe Gln Gly Lys Asp Ile Leu Ser Phe

130 135 140

Gln Gly Thr Ser Trp Glu Pro Thr Gln Glu Ala Pro Leu Trp Val Asn

145 150 155 160

Leu Ala Ile Gln Val Leu Asn Gln Asp Lys Trp Thr Arg Glu Thr Val

165 170 175

Gln Trp Leu Leu Asn Gly Thr Cys Pro Gln Phe Val Ser Gly Leu Leu
180 185 190
Glu Ser Gly Lys Ser Glu Leu Lys Lys Gln Val Lys Pro Lys Ala Trp
195 200 205
Leu Ser Arg Gly Pro Ser Pro Gly Pro Gly Arg Leu Leu Leu Val Cys

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

275 280 285
Gln Asp Ile Val Leu Tyr Trp Gly Gly Ser Tyr Thr Ser Met Gly Leu
290 295 300
Ile Ala Leu Ala Val Leu Ala Cys Leu Leu Phe Leu Leu Ile Val Gly
305 310 315 320
Phe Thr Ser Arg Phe Lys Arg Gln Thr Ser Tyr Gln Gly Val Leu
325 330 335

<210> 254
<211> 388
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> CD1E__Homo_sapiens__P15812
<400> 254
Met Leu Leu Leu Phe Leu Leu Phe Glu Gly Leu Cys Cys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Asn Thr Ala Ala Pro Gln Ala Leu Gln Ser Tyr His Leu Ala Ala Glu
20 25 30
Glu Gln Leu Ser Phe Arg Met Leu Gln Thr Ser Ser Phe Ala Asn His
35 40 45

Ser Trp Ala His Ser Glu Gly Ser Gly Trp Leu Gly Asp Leu Gln Thr

50 55 60

His Gly Trp Asp Thr Val Leu Gly Thr Ile Arg Phe Leu Lys Pro Trp
65 70 75 80

Ser His Gly Asn Phe Ser Lys Gln Glu Leu Lys Asn Leu Gln Ser Leu
85 90 95

Phe Gln Leu Tyr Phe His Ser Phe Ile Gln Ile Val Gln Ala Ser Ala
100 105 110

Gly Gln Phe Gln Leu Glu Tyr Pro Phe Glu Ile Gln Ile Leu Ala Gly

115 120 125

Cys Arg Met Asn Ala Pro Gln Ile Phe Leu Asn Met Ala Tyr Gln Gly
130 135 140

Ser Asp Phe Leu Ser Phe Gln Gly Ile Ser Trp Glu Pro Ser Pro Gly
145 150 155 160

Ala Gly Ile Arg Ala Gln Asn Ile Cys Lys Val Leu Asn Arg Tyr Leu
165 170 175

Asp Ile Lys Glu Ile Leu Gln Ser Leu Leu Gly His Thr Cys Pro Arg

180 185 190

Phe Leu Ala Gly Leu Met Glu Ala Gly Glu Ser Glu Leu Lys Arg Lys
195 200 205

Val Lys Pro Glu Ala Trp Leu Ser Cys Gly Pro Ser Pro Gly Pro Gly
210 215 220

Arg Leu Gln Leu Val Cys His Val Ser Gly Phe Tyr Pro Lys Pro Val
225 230 235 240

Trp Val Met Trp Met Arg Gly Glu Gln Glu Gln Arg Gly Thr Gln Arg

245 250 255

Gly Asp Val Leu Pro Asn Ala Asp Glu Thr Trp Tyr Leu Arg Ala Thr
260 265 270

Leu Asp Val Ala Ala Gly Glu Ala Ala Gly Leu Ser Cys Arg Val Lys
275 280 285

His Ser Ser Leu Gly Gly His Asp Leu Ile Ile His Trp Gly Gly Tyr

290 295 300

Ser Ile Phe Leu Ile Leu Ile Cys Leu Thr Val Ile Val Thr Leu Val

305 310 315 320

Ile Leu Val Val Val Asp Ser Arg Leu Lys Lys Gln Ser Ser Asn Lys

325 330 335

Asn Ile Leu Ser Pro His Thr Pro Ser Pro Val Phe Leu Met Gly Ala

340 345 350

Asn Thr Gln Asp Thr Lys Asn Ser Arg His Gln Phe Cys Leu Ala Gln

355 360 365

Val Ser Trp Ile Lys Asn Arg Val Leu Lys Lys Trp Lys Thr Arg Leu

370 375 380

Asn Gln Leu Trp

385

<210> 255

<211> 297

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD20__Homo_sapiens__P11836

<400> 255

Met Thr Thr Pro Arg Asn Ser Val Asn Gly Thr Phe Pro Ala Glu Pro

1 5 10 15

Met Lys Gly Pro Ile Ala Met Gln Ser Gly Pro Lys Pro Leu Phe Arg

20 25 30

Arg Met Ser Ser Leu Val Gly Pro Thr Gln Ser Phe Phe Met Arg Glu

35 40 45

Ser Lys Thr Leu Gly Ala Val Gln Ile Met Asn Gly Leu Phe His Ile

50 55 60

Ala Leu Gly Gly Leu Leu Met Ile Pro Ala Gly Ile Tyr Ala Pro Ile

65 70 75 80

Cys Val Thr Val Trp Tyr Pro Leu Trp Gly Gly Ile Met Tyr Ile Ile

85 90 95

Ser Gly Ser Leu Leu Ala Ala Thr Glu Lys Asn Ser Arg Lys Cys Leu

100 105 110

Val Lys Gly Lys Met Ile Met Asn Ser Leu Ser Leu Phe Ala Ala Ile

115 120 125

Ser Gly Met Ile Leu Ser Ile Met Asp Ile Leu Asn Ile Lys Ile Ser

130 135 140

His Phe Leu Lys Met Glu Ser Leu Asn Phe Ile Arg Ala His Thr Pro

145 150 155 160

Tyr Ile Asn Ile Tyr Asn Cys Glu Pro Ala Asn Pro Ser Glu Lys Asn

165 170 175

Ser Pro Ser Thr Gln Tyr Cys Tyr Ser Ile Gln Ser Leu Phe Leu Gly

180 185 190

Ile Leu Ser Val Met Leu Ile Phe Ala Phe Phe Gln Glu Leu Val Ile

195 200 205

Ala Gly Ile Val Glu Asn Glu Trp Lys Arg Thr Cys Ser Arg Pro Lys

210 215 220

Ser Asn Ile Val Leu Leu Ser Ala Glu Glu Lys Lys Glu Gln Thr Ile

225 230 235 240

Glu Ile Lys Glu Glu Val Val Gly Leu Thr Glu Thr Ser Ser Gln Pro

245 250 255

Lys Asn Glu Glu Asp Ile Glu Ile Ile Pro Ile Gln Glu Glu Glu Glu

260 265 270

Glu Glu Thr Glu Thr Asn Phe Pro Glu Pro Pro Gln Asp Gln Glu Ser

275 280 285

Ser Pro Ile Glu Asn Asp Ser Ser Pro

290 295

<210> 256

<211> 662

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD22__Homo_sapiens__O60926

<400> 256

Met Glu Ser Lys Thr Glu Lys Trp Met Glu Arg Ile His Leu Asn Val
1 5 10 15

Ser Glu Arg Pro Phe Pro Pro His Ile Gln Leu Pro Pro Glu Ile Gln
20 25 30

Glu Ser Gln Glu Val Thr Leu Thr Cys Leu Leu Asn Phe Ser Cys Tyr
35 40 45

Gly Tyr Pro Ile Gln Leu Gln Trp Leu Leu Glu Gly Val Pro Met Arg
50 55 60

Gln Ala Ala Val Thr Ser Thr Ser Leu Thr Ile Lys Ser Val Phe Thr
65 70 75 80

Arg Ser Glu Leu Lys Phe Ser Pro Gln Trp Ser His His Gly Lys Ile
85 90 95

Val Thr Cys Gln Leu Gln Asp Ala Asp Gly Lys Phe Leu Ser Asn Asp
100 105 110

Thr Val Gln Leu Asn Val Lys His Thr Pro Lys Leu Glu Ile Lys Val
115 120 125

Thr Pro Ser Asp Ala Ile Val Arg Glu Gly Asp Ser Val Thr Met Thr
130 135 140

Cys Glu Val Ser Ser Thr Asn Pro Glu Tyr Thr Thr Val Ser Trp Leu
145 150 155 160

Lys Asp Gly Thr Ser Leu Lys Lys Gln Asn Thr Phe Thr Leu Asn Leu
165 170 175

Arg Glu Val Thr Lys Asp Gln Ser Gly Lys Tyr Cys Cys Gln Val Ser
180 185 190

Asn Asp Val Gly Pro Gly Arg Ser Glu Glu Val Phe Leu Gln Val Gln
195 200 205

Tyr Ala Pro Glu Pro Ser Thr Val Gln Ile Leu His Ser Pro Ala Val
210 215 220

Glu Gly Ser Gln Val Glu Phe Leu Cys Met Ser Leu Ala Asn Pro Leu
225 230 235 240

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

Val Ile Gln Asn Pro Met Pro Ile Arg Glu Gly Asp Thr Val Thr Leu
305 310 315 320
Ser Cys Asn Tyr Asn Ser Ser Asn Pro Ser Val Thr Arg Tyr Glu Trp
325 330 335
Lys Pro His Gly Ala Trp Glu Glu Pro Ser Leu Gly Val Leu Lys Ile
340 345 350
Gln Lys Val Gly Trp Asp Asn Thr Thr Ile Ala Cys Ala Arg Cys Asn
355 360 365

Ser Trp Cys Ser Trp Ala Ser Pro Val Ala Leu Asn Val Gln Tyr Ala
370 375 380
Pro Arg Asp Val Arg Val Arg Lys Ile Lys Pro Leu Ser Glu Ile His
385 390 395 400
Ser Gly Asn Ser Val Ser Leu Gln Cys Asp Phe Ser Ser Ser His Pro
405 410 415
Lys Glu Val Gln Phe Phe Trp Glu Lys Asn Gly Arg Leu Leu Gly Lys
420 425 430

Glu Ser Gln Leu Asn Phe Asp Ser Ile Ser Pro Glu Asp Ala Gly Ser
435 440 445
Tyr Ser Cys Trp Val Asn Asn Ser Ile Gly Gln Thr Ala Ser Lys Ala
450 455 460
Trp Thr Leu Glu Val Leu Tyr Ala Pro Arg Arg Leu Arg Val Ser Met
465 470 475 480
Ser Pro Gly Asp Gln Val Met Glu Gly Lys Ser Ala Thr Leu Arg Cys

485 490 495

Glu Ser Asp Ala Asn Pro Pro Val Ser His Tyr Thr Trp Phe Asp Trp
500 505 510
Asn Asn Gln Ser Leu Pro Tyr His Ser Gln Lys Leu Arg Leu Glu Pro
515 520 525
Val Lys Val Gln His Ser Gly Ala Tyr Trp Cys Gln Gly Thr Asn Ser
530 535 540
Val Gly Lys Gly Arg Ser Pro Leu Ser Thr Leu Thr Val Tyr Tyr Ser
545 550 555 560

Pro Glu Thr Ile Gly Arg Arg Val Ala Val Gly Leu Gly Ser Cys Leu
565 570 575
Ala Ile Leu Ile Leu Ala Ile Cys Gly Leu Lys Leu Gln Arg Arg Asp
580 585 590
Ala Glu Ser Ser Glu Met Gln Arg Pro Pro Arg Thr Cys Asp Asp Thr
595 600 605
Val Thr Tyr Ser Ala Leu His Lys Arg Gln Val Gly Asp Tyr Glu Asn
610 615 620

Val Ile Pro Asp Phe Pro Glu Asp Glu Gly Ile His Tyr Ser Glu Leu
625 630 635 640
Ile Gln Phe Gly Val Gly Glu Arg Pro Gln Ala Gln Glu Asn Val Asp
645 650 655
Tyr Val Ile Leu Lys His
660

<210> 257
<211> 847
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD22__Homo_sapiens__P20273
<400> 257
Met His Leu Leu Gly Pro Trp Leu Leu Leu Val Leu Glu Tyr Leu
1 5 10 15

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

Lys Asp Gly Lys Val Pro Ser Glu Gln Lys Arg Val Gln Phe Leu Gly
85 90 95
Asp Lys Asn Lys Asn Cys Thr Leu Ser Ile His Pro Val His Leu Asn
100 105 110
Asp Ser Gly Gln Leu Gly Leu Arg Met Glu Ser Lys Thr Glu Lys Trp
115 120 125
Met Glu Arg Ile His Leu Asn Val Ser Glu Arg Pro Phe Pro Pro His
130 135 140

Ile Gln Leu Pro Pro Glu Ile Gln Glu Ser Gln Glu Val Thr Leu Thr
145 150 155 160
Cys Leu Leu Asn Phe Ser Cys Tyr Gly Tyr Pro Ile Gln Leu Gln Trp
165 170 175
Leu Leu Glu Gly Val Pro Met Arg Gln Ala Ala Val Thr Ser Thr Ser
180 185 190
Leu Thr Ile Lys Ser Val Phe Thr Arg Ser Glu Leu Lys Phe Ser Pro
195 200 205

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

260 265 270

Glu Tyr Thr Thr Val Ser Trp Leu Lys Asp Gly Thr Ser Leu Lys Lys
275 280 285
Gln Asn Thr Phe Thr Leu Asn Leu Arg Glu Val Thr Lys Asp Gln Ser
290 295 300
Gly Lys Tyr Cys Cys Gln Val Ser Asn Asp Val Gly Pro Gly Arg Ser
305 310 315 320
Glu Glu Val Phe Leu Gln Val Gln Tyr Ala Pro Glu Pro Ser Thr Val
325 330 335

Gln Ile Leu His Ser Pro Ala Val Glu Gly Ser Gln Val Glu Phe Leu
340 345 350
Cys Met Ser Leu Ala Asn Pro Leu Pro Thr Asn Tyr Thr Trp Tyr His
355 360 365
Asn Gly Lys Glu Met Gln Gly Arg Thr Glu Glu Lys Val His Ile Pro
370 375 380
Lys Ile Leu Pro Trp His Ala Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Glu Asn
385 390 395 400

Ile Leu Gly Thr Gly Gln Arg Gly Pro Gly Ala Glu Leu Asp Val Gln
405 410 415
Tyr Pro Pro Lys Lys Val Thr Thr Val Ile Gln Asn Pro Met Pro Ile
420 425 430
Arg Glu Gly Asp Thr Val Thr Leu Ser Cys Asn Tyr Asn Ser Ser Asn
435 440 445
Pro Ser Val Thr Arg Tyr Glu Trp Lys Pro His Gly Ala Trp Glu Glu
450 455 460

Pro Ser Leu Gly Val Leu Lys Ile Gln Asn Val Gly Trp Asp Asn Thr
465 470 475 480
Thr Ile Ala Cys Ala Ala Cys Asn Ser Trp Cys Ser Trp Ala Ser Pro
485 490 495
Val Ala Leu Asn Val Gln Tyr Ala Pro Arg Asp Val Arg Val Arg Lys
500 505 510

Ile Lys Pro Leu Ser Glu Ile His Ser Gly Asn Ser Val Ser Leu Gln
515 520 525

Cys Asp Phe Ser Ser Ser His Pro Lys Glu Val Gln Phe Phe Trp Glu
530 535 540
Lys Asn Gly Arg Leu Leu Gly Lys Glu Ser Gln Leu Asn Phe Asp Ser
545 550 555 560
Ile Ser Pro Glu Asp Ala Gly Ser Tyr Ser Cys Trp Val Asn Asn Ser
565 570 575
Ile Gly Gln Thr Ala Ser Lys Ala Trp Thr Leu Glu Val Leu Tyr Ala
580 585 590

Pro Arg Arg Leu Arg Val Ser Met Ser Pro Gly Asp Gln Val Met Glu
595 600 605
Gly Lys Ser Ala Thr Leu Thr Cys Glu Ser Asp Ala Asn Pro Pro Val
610 615 620
Ser His Tyr Thr Trp Phe Asp Trp Asn Asn Gln Ser Leu Pro Tyr His
625 630 635 640
Ser Gln Lys Leu Arg Leu Glu Pro Val Lys Val Gln His Ser Gly Ala
645 650 655

Tyr Trp Cys Gln Gly Thr Asn Ser Val Gly Lys Gly Arg Ser Pro Leu
660 665 670
Ser Thr Leu Thr Val Tyr Tyr Ser Pro Glu Thr Ile Gly Arg Arg Val
675 680 685
Ala Val Gly Leu Gly Ser Cys Leu Ala Ile Leu Ile Leu Ala Ile Cys
690 695 700
Gly Leu Lys Leu Gln Arg Arg Trp Lys Arg Thr Gln Ser Gln Gln Gly
705 710 715 720

Leu Gln Glu Asn Ser Ser Gly Gln Ser Phe Phe Val Arg Asn Lys Lys
725 730 735
Val Arg Arg Ala Pro Leu Ser Glu Gly Pro His Ser Leu Gly Cys Tyr
740 745 750
Asn Pro Met Met Glu Asp Gly Ile Ser Tyr Thr Thr Leu Arg Phe Pro

755 760 765

Glu Met Asn Ile Pro Arg Thr Gly Asp Ala Glu Ser Ser Glu Met Gln

770 775 780

Arg Pro Pro Pro Asp Cys Asp Asp Thr Val Thr Tyr Ser Ala Leu His

785 790 795 800

Lys Arg Gln Val Gly Asp Tyr Glu Asn Val Ile Pro Asp Phe Pro Glu

805 810 815

Asp Glu Gly Ile His Tyr Ser Glu Leu Ile Gln Phe Gly Val Gly Glu

820 825 830

Arg Pro Gln Ala Gln Glu Asn Val Asp Tyr Val Ile Leu Lys His

835 840 845

<210> 258

<211> 847

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD22__Homo_sapiens__Q0EAF5

<400> 258

Met His Leu Leu Gly Pro Trp Leu Leu Leu Val Leu Glu Tyr Leu

1 5 10 15

Ala Phe Ser Asp Ser Ser Lys Trp Val Phe Glu His Pro Glu Thr Leu

20 25 30

Tyr Ala Trp Glu Gly Ala Cys Val Trp Ile Pro Cys Thr Tyr Arg Ala

35 40 45

Leu Asp Gly Asp Leu Glu Ser Phe Ile Leu Phe His Asn Pro Glu Tyr

50 55 60

Asn Lys Asn Thr Ser Lys Phe Asp Gly Thr Arg Leu Tyr Glu Ser Thr

65 70 75 80

Lys Asp Gly Lys Val Pro Ser Glu Gln Lys Arg Val Gln Phe Leu Gly

85 90 95

Asp Lys Asn Lys Asn Cys Thr Leu Ser Ile His Pro Val His Leu Asn

100 105 110

Asp Ser Gly Gln Leu Gly Leu Arg Met Glu Ser Lys Thr Glu Lys Trp
115 120 125
Met Glu Arg Ile His Leu Asn Val Ser Glu Arg Pro Phe Pro Pro His
130 135 140
Ile Gln Leu Pro Pro Glu Ile Gln Glu Ser Gln Glu Val Thr Leu Thr
145 150 155 160
Cys Leu Leu Asn Phe Ser Cys Tyr Gly Tyr Pro Ile Gln Leu Gln Trp
165 170 175

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

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

Gly Lys Tyr Cys Cys Gln Val Ser Asn Asp Val Gly Pro Gly Arg Ser
305 310 315 320
Glu Glu Val Phe Leu Gln Val Gln Tyr Ala Pro Glu Pro Ser Thr Val
325 330 335
Gln Ile Leu His Ser Pro Ala Val Glu Gly Ser Gln Val Glu Phe Leu
340 345 350
Cys Met Ser Leu Ala Asn Pro Leu Pro Thr Asn Tyr Thr Trp Tyr His

355 360 365

Asn Gly Lys Glu Met Gln Gly Arg Thr Glu Glu Lys Val His Ile Pro
370 375 380
Lys Ile Leu Pro Trp His Ala Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Glu Asn
385 390 395 400
Ile Leu Gly Thr Gly Gln Arg Gly Pro Gly Ala Glu Leu Asp Val Gln
405 410 415
Tyr Pro Pro Lys Lys Val Thr Thr Val Ile Gln Asn Pro Met Pro Ile
420 425 430

Arg Glu Gly Asp Thr Val Thr Leu Ser Cys Asn Tyr Asn Ser Ser Asn
435 440 445
Pro Ser Val Thr Arg Tyr Glu Trp Lys Pro His Gly Ala Trp Glu Glu
450 455 460
Pro Ser Leu Gly Val Leu Lys Ile Gln Asn Val Gly Trp Asp Asn Thr
465 470 475 480
Thr Ile Ala Cys Ala Ala Cys Asn Ser Trp Cys Ser Trp Ala Ser Pro
485 490 495

Val Ala Leu Asn Val Gln Tyr Ala Pro Arg Asp Val Arg Val Arg Lys
500 505 510
Ile Lys Pro Leu Ser Glu Ile His Ser Gly Asn Ser Val Ser Leu Gln
515 520 525
Cys Asp Phe Ser Ser Ser His Pro Lys Glu Val Gln Phe Phe Trp Glu
530 535 540
Lys Asn Gly Arg Leu Leu Gly Lys Glu Ser Gln Leu Asn Phe Asp Ser
545 550 555 560

Ile Ser Pro Glu Asp Ala Gly Ser Tyr Ser Cys Trp Val Asn Asn Ser
565 570 575
Ile Gly Gln Thr Ala Ser Lys Ala Trp Thr Leu Glu Val Leu Tyr Ala
580 585 590
Pro Arg Arg Leu Arg Val Ser Met Ser Pro Gly Asp Gln Val Met Glu
595 600 605

Gly Lys Ser Ala Thr Leu Thr Cys Glu Ser Asp Ala Asn Pro Pro Val
610 615 620

Ser His Tyr Thr Trp Phe Asp Trp Asn Asn Gln Ser Leu Pro Tyr His
625 630 635 640
Ser Gln Lys Leu Arg Leu Glu Pro Val Lys Val Gln His Ser Gly Ala
645 650 655
Tyr Trp Cys Gln Gly Thr Asn Ser Val Gly Lys Gly Arg Ser Pro Leu
660 665 670
Ser Thr Leu Thr Val Tyr Tyr Ser Pro Glu Thr Ile Gly Arg Arg Val
675 680 685

Ala Val Gly Leu Gly Ser Cys Leu Ala Ile Leu Ile Leu Ala Ile Cys
690 695 700
Gly Leu Lys Leu Gln Arg Arg Trp Lys Arg Thr Gln Ser Gln Gln Gly
705 710 715 720
Leu Gln Glu Asn Ser Ser Gly Gln Ser Phe Phe Val Arg Asn Lys Lys
725 730 735
Val Arg Arg Ala Pro Leu Ser Glu Gly Pro His Ser Leu Gly Cys Tyr
740 745 750

Asn Pro Met Met Glu Asp Gly Ile Ser Tyr Thr Thr Leu Arg Phe Pro
755 760 765
Glu Met Asn Ile Pro Arg Thr Gly Asp Ala Glu Ser Ser Glu Met Gln
770 775 780
Arg Pro Pro Pro Asp Cys Asp Asp Thr Val Thr Tyr Ser Ala Leu His
785 790 795 800
Lys Arg Gln Val Gly Asp Tyr Glu Asn Val Ile Pro Asp Phe Pro Glu
805 810 815

Asp Glu Gly Ile His Tyr Ser Glu Leu Ile Gln Phe Gly Val Gly Glu
820 825 830
Arg Pro Gln Ala Gln Glu Asn Val Asp Tyr Val Ile Leu Lys His
835 840 845

<210> 259

<211> 534

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD276__Homo_sapiens__Q5ZPR3

<400> 259

Met Leu Arg Arg Arg Gly Ser Pro Gly Met Gly Val His Val Gly Ala
1 5 10 15

Ala Leu Gly Ala Leu Trp Phe Cys Leu Thr Gly Ala Leu Glu Val Gln

20 25 30

Val Pro Glu Asp Pro Val Val Ala Leu Val Gly Thr Asp Ala Thr Leu
35 40 45

Cys Cys Ser Phe Ser Pro Glu Pro Gly Phe Ser Leu Ala Gln Leu Asn
50 55 60

Leu Ile Trp Gln Leu Thr Asp Thr Lys Gln Leu Val His Ser Phe Ala
65 70 75 80

Glu Gly Gln Asp Gln Gly Ser Ala Tyr Ala Asn Arg Thr Ala Leu Phe

85 90 95

Pro Asp Leu Leu Ala Gln Gly Asn Ala Ser Leu Arg Leu Gln Arg Val
100 105 110

Arg Val Ala Asp Glu Gly Ser Phe Thr Cys Phe Val Ser Ile Arg Asp
115 120 125

Phe Gly Ser Ala Ala Val Ser Leu Gln Val Ala Ala Pro Tyr Ser Lys
130 135 140

Pro Ser Met Thr Leu Glu Pro Asn Lys Asp Leu Arg Pro Gly Asp Thr

145 150 155 160

Val Thr Ile Thr Cys Ser Ser Tyr Gln Gly Tyr Pro Glu Ala Glu Val
165 170 175

Phe Trp Gln Asp Gly Gln Gly Val Pro Leu Thr Gly Asn Val Thr Thr
180 185 190

Ser Gln Met Ala Asn Glu Gln Gly Leu Phe Asp Val His Ser Ile Leu
195 200 205

Arg Val Val Leu Gly Ala Asn Gly Thr Tyr Ser Cys Leu Val Arg Asn

210 215 220

Pro Val Leu Gln Gln Asp Ala His Ser Ser Val Thr Ile Thr Pro Gln

225 230 235 240

Arg Ser Pro Thr Gly Ala Val Glu Val Gln Val Pro Glu Asp Pro Val

245 250 255

Val Ala Leu Val Gly Thr Asp Ala Thr Leu Arg Cys Ser Phe Ser Pro

260 265 270

Glu Pro Gly Phe Ser Leu Ala Gln Leu Asn Leu Ile Trp Gln Leu Thr

275 280 285

Asp Thr Lys Gln Leu Val His Ser Phe Thr Glu Gly Arg Asp Gln Gly

290 295 300

Ser Ala Tyr Ala Asn Arg Thr Ala Leu Phe Pro Asp Leu Leu Ala Gln

305 310 315 320

Gly Asn Ala Ser Leu Arg Leu Gln Arg Val Arg Val Ala Asp Glu Gly

325 330 335

Ser Phe Thr Cys Phe Val Ser Ile Arg Asp Phe Gly Ser Ala Ala Val

340 345 350

Ser Leu Gln Val Ala Ala Pro Tyr Ser Lys Pro Ser Met Thr Leu Glu

355 360 365

Pro Asn Lys Asp Leu Arg Pro Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Ser

370 375 380

Ser Tyr Arg Gly Tyr Pro Glu Ala Glu Val Phe Trp Gln Asp Gly Gln

385 390 395 400

Gly Val Pro Leu Thr Gly Asn Val Thr Thr Ser Gln Met Ala Asn Glu

405 410 415

Gln Gly Leu Phe Asp Val His Ser Val Leu Arg Val Val Leu Gly Ala

420 425 430

Asn Gly Thr Tyr Ser Cys Leu Val Arg Asn Pro Val Leu Gln Gln Asp

435 440 445

Ala His Gly Ser Val Thr Ile Thr Gly Gln Pro Met Thr Phe Pro Pro

450 455 460

Glu Ala Leu Trp Val Thr Val Gly Leu Ser Val Cys Leu Ile Ala Leu

465 470 475 480

Leu Val Ala Leu Ala Phe Val Cys Trp Arg Lys Ile Lys Gln Ser Cys

485 490 495

Glu Glu Glu Asn Ala Gly Ala Glu Asp Gln Asp Gly Glu Gly Glu Gly

500 505 510

Ser Lys Thr Ala Leu Gln Pro Leu Lys His Ser Asp Ser Lys Glu Asp

515 520 525

Asp Gly Gln Glu Ile Ala

530

<210> 260

<211> 212

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33__Homo_sapiens__B4DF51

<400> 260

Met Pro Leu Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu Trp Ala Asp Leu Thr His

1 5 10 15

Arg Pro Lys Ile Leu Ile Pro Gly Thr Leu Glu Pro Gly His Ser Lys

20 25 30

Asn Leu Thr Cys Ser Val Ser Trp Ala Cys Glu Gln Gly Thr Pro Pro

35 40 45

Ile Phe Ser Trp Leu Ser Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Pro Arg Thr

50 55 60

Thr His Ser Ser Val Leu Ile Ile Thr Pro Arg Pro Gln Asp His Gly

65 70 75 80

Thr Asn Leu Thr Cys Gln Val Lys Phe Ala Gly Ala Gly Val Thr Thr

85 90 95

Glu Arg Thr Ile Gln Leu Asn Val Thr Tyr Val Pro Gln Asn Pro Thr

100 105 110

Thr Gly Ile Phe Pro Gly Asp Gly Ser Gly Lys Gln Glu Thr Arg Ala

115 120 125

Gly Val Val His Gly Ala Ile Gly Gly Ala Gly Val Thr Ala Leu Leu

130 135 140

Ala Leu Cys Leu Cys Leu Ile Phe Phe Ile Val Lys Thr His Arg Arg

145 150 155 160

Lys Ala Ala Arg Thr Ala Val Gly Arg Asn Asp Thr His Pro Thr Thr

165 170 175

Gly Ser Ala Ser Pro Val Ser Asp Gly Ala Ser Trp His Pro Val Cys

180 185 190

Pro Ala Asp Thr Ser Ser Gln Cys Gly Pro Pro Ser Cys Pro Ile Gln

195 200 205

His Phe Gln Asn

210

<210> 261

<211> 364

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33__Homo_sapiens__P20138

<400> 261

Met Pro Leu Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu Trp Ala Gly Ala Leu Ala

1 5 10 15

Met Asp Pro Asn Phe Trp Leu Gln Val Gln Glu Ser Val Thr Val Gln

20 25 30

Glu Gly Leu Cys Val Leu Val Pro Cys Thr Phe Phe His Pro Ile Pro

35 40 45

Tyr Tyr Asp Lys Asn Ser Pro Val His Gly Tyr Trp Phe Arg Glu Gly

50 55 60

Ala Ile Ile Ser Arg Asp Ser Pro Val Ala Thr Asn Lys Leu Asp Gln

65 70 75 80

Glu Val Gln Glu Glu Thr Gln Gly Arg Phe Arg Leu Leu Gly Asp Pro

85 90 95

Ser Arg Asn Asn Cys Ser Leu Ser Ile Val Asp Ala Arg Arg Arg Asp

100 105 110

Asn Gly Ser Tyr Phe Phe Arg Met Glu Arg Gly Ser Thr Lys Tyr Ser

115 120 125

Tyr Lys Ser Pro Gln Leu Ser Val His Val Thr Asp Leu Thr His Arg

130 135 140

Pro Lys Ile Leu Ile Pro Gly Thr Leu Glu Pro Gly His Ser Lys Asn

145 150 155 160

Leu Thr Cys Ser Val Ser Trp Ala Cys Glu Gln Gly Thr Pro Pro Ile

165 170 175

Phe Ser Trp Leu Ser Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Pro Arg Thr Thr

180 185 190

His Ser Ser Val Leu Ile Ile Thr Pro Arg Pro Gln Asp His Gly Thr

195 200 205

Asn Leu Thr Cys Gln Val Lys Phe Ala Gly Ala Gly Val Thr Thr Glu

210 215 220

Arg Thr Ile Gln Leu Asn Val Thr Tyr Val Pro Gln Asn Pro Thr Thr

225 230 235 240

Gly Ile Phe Pro Gly Asp Gly Ser Gly Lys Gln Glu Thr Arg Ala Gly

245 250 255

Val Val His Gly Ala Ile Gly Gly Ala Gly Val Thr Ala Leu Leu Ala

260 265 270

Leu Cys Leu Cys Leu Ile Phe Phe Ile Val Lys Thr His Arg Arg Lys

275 280 285

Ala Ala Arg Thr Ala Val Gly Arg Asn Asp Thr His Pro Thr Thr Gly

290 295 300

Ser Ala Ser Pro Lys His Gln Lys Lys Ser Lys Leu His Gly Pro Thr

305 310 315 320

Glu Thr Ser Ser Cys Ser Gly Ala Ala Pro Thr Val Glu Met Asp Glu

325 330 335

Glu Leu His Tyr Ala Ser Leu Asn Phe His Gly Met Asn Pro Ser Lys

340 345 350

Asp Thr Ser Thr Glu Tyr Ser Glu Val Arg Thr Gln

355 360

<210> 262

<211> 364

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33__Homo_sapiens__Q546G0

<400> 262

Met Pro Leu Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu Trp Ala Gly Ala Leu Ala

1 5 10 15

Met Asp Pro Asn Phe Trp Leu Gln Val Gln Glu Ser Val Thr Val Gln

20 25 30

Glu Gly Leu Cys Val Leu Val Pro Cys Thr Phe Phe His Pro Ile Pro

35 40 45

Tyr Tyr Asp Lys Asn Ser Pro Val His Gly Tyr Trp Phe Arg Glu Gly

50 55 60

Ala Ile Ile Ser Arg Asp Ser Pro Val Ala Thr Asn Lys Leu Asp Gln

65 70 75 80

Glu Val Gln Glu Glu Thr Gln Gly Arg Phe Arg Leu Leu Gly Asp Pro

85 90 95

Ser Arg Asn Asn Cys Ser Leu Ser Ile Val Asp Ala Arg Arg Arg Asp

100 105 110

Asn Gly Ser Tyr Phe Phe Arg Met Glu Arg Gly Ser Thr Lys Tyr Ser

115 120 125

Tyr Lys Ser Pro Gln Leu Ser Val His Val Thr Asp Leu Thr His Arg

130 135 140

Pro Lys Ile Leu Ile Pro Gly Thr Leu Glu Pro Gly His Ser Lys Asn

145 150 155 160

Leu Thr Cys Ser Val Ser Trp Ala Cys Glu Gln Gly Thr Pro Pro Ile

165 170 175

Phe Ser Trp Leu Ser Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Pro Arg Thr Thr

180 185 190

His Ser Ser Val Leu Ile Ile Thr Pro Arg Pro Gln Asp His Gly Thr

195 200 205

Asn Leu Thr Cys Gln Val Lys Phe Ala Gly Ala Gly Val Thr Thr Glu

210 215 220

Arg Thr Ile Gln Leu Asn Val Thr Tyr Val Pro Gln Asn Pro Thr Thr

225 230 235 240

Gly Ile Phe Pro Gly Asp Gly Ser Gly Lys Gln Glu Thr Arg Ala Gly

245 250 255

Val Val His Gly Ala Ile Gly Gly Ala Gly Val Thr Ala Leu Leu Ala

260 265 270

Leu Cys Leu Cys Leu Ile Phe Phe Ile Val Lys Thr His Arg Arg Lys

275 280 285

Ala Ala Arg Thr Ala Val Gly Arg Asn Asp Thr His Pro Thr Thr Gly

290 295 300

Ser Ala Ser Pro Lys His Gln Lys Lys Ser Lys Leu His Gly Pro Thr

305 310 315 320

Glu Thr Ser Ser Cys Ser Gly Ala Ala Pro Thr Val Glu Met Asp Glu

325 330 335

Glu Leu His Tyr Ala Ser Leu Asn Phe His Gly Met Asn Pro Ser Lys

340 345 350

Asp Thr Ser Thr Glu Tyr Ser Glu Val Arg Thr Gln

355 360

<210> 263

<211> 207

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD3E__Homo_sapiens__P07766

<400> 263

Met Gln Ser Gly Thr His Trp Arg Val Leu Gly Leu Cys Leu Leu Ser

1 5 10 15

Val Gly Val Trp Gly Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr

20 25 30

Gln Thr Pro Tyr Lys Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr

35 40 45

Cys Pro Gln Tyr Pro Gly Ser Glu Ile Leu Trp Gln His Asn Asp Lys

50 55 60

Asn Ile Gly Gly Asp Glu Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser Asp Glu Asp

65 70 75 80

His Leu Ser Leu Lys Glu Phe Ser Glu Leu Glu Gln Ser Gly Tyr Tyr

85 90 95

Val Cys Tyr Pro Arg Gly Ser Lys Pro Glu Asp Ala Asn Phe Tyr Leu

100 105 110

Tyr Leu Arg Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Met Glu Met Asp Val Met

115 120 125

Ser Val Ala Thr Ile Val Ile Val Asp Ile Cys Ile Thr Gly Gly Leu

130 135 140

Leu Leu Leu Val Tyr Tyr Trp Ser Lys Asn Arg Lys Ala Lys Ala Lys

145 150 155 160

Pro Val Thr Arg Gly Ala Gly Ala Gly Gly Arg Gln Arg Gly Gln Asn

165 170 175

Lys Glu Arg Pro Pro Pro Val Pro Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile Arg

180 185 190

Lys Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser Gly Leu Asn Gln Arg Arg Ile

195 200 205

<210> 264

<211> 164

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD3Z__Homo_sapiens__P20963

<400> 264

Met Lys Trp Lys Ala Leu Phe Thr Ala Ala Ile Leu Gln Ala Gln Leu

1 5 10 15

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

Glu Glu Tyr Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met
85 90 95
Gly Gly Lys Pro Gln Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn
100 105 110
Glu Leu Gln Lys Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met
115 120 125
Lys Gly Glu Arg Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly
130 135 140

Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala
145 150 155 160
Leu Pro Pro Arg
<210> 265
<211> 742
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD44_Isoform_1__Homo_sapiens__P16070
<400> 265
Met Asp Lys Phe Trp Trp His Ala Ala Trp Gly Leu Cys Leu Val Pro
1 5 10 15
Leu Ser Leu Ala Gln Ile Asp Leu Asn Ile Thr Cys Arg Phe Ala Gly
20 25 30

Val Phe His Val Glu Lys Asn Gly Arg Tyr Ser Ile Ser Arg Thr Glu

35 40 45

Ala Ala Asp Leu Cys Lys Ala Phe Asn Ser Thr Leu Pro Thr Met Ala

50 55 60

Gln Met Glu Lys Ala Leu Ser Ile Gly Phe Glu Thr Cys Arg Tyr Gly

65 70 75 80

Phe Ile Glu Gly His Val Val Ile Pro Arg Ile His Pro Asn Ser Ile

85 90 95

Cys Ala Ala Asn Asn Thr Gly Val Tyr Ile Leu Thr Ser Asn Thr Ser

100 105 110

Gln Tyr Asp Thr Tyr Cys Phe Asn Ala Ser Ala Pro Pro Glu Glu Asp

115 120 125

Cys Thr Ser Val Thr Asp Leu Pro Asn Ala Phe Asp Gly Pro Ile Thr

130 135 140

Ile Thr Ile Val Asn Arg Asp Gly Thr Arg Tyr Val Gln Lys Gly Glu

145 150 155 160

Tyr Arg Thr Asn Pro Glu Asp Ile Tyr Pro Ser Asn Pro Thr Asp Asp

165 170 175

Asp Val Ser Ser Gly Ser Ser Ser Glu Arg Ser Ser Thr Ser Gly Gly

180 185 190

Tyr Ile Phe Tyr Thr Phe Ser Thr Val His Pro Ile Pro Asp Glu Asp

195 200 205

Ser Pro Trp Ile Thr Asp Ser Thr Asp Arg Ile Pro Ala Thr Thr Leu

210 215 220

Met Ser Thr Ser Ala Thr Ala Thr Glu Thr Ala Thr Lys Arg Gln Glu

225 230 235 240

Thr Trp Asp Trp Phe Ser Trp Leu Phe Leu Pro Ser Glu Ser Lys Asn

245 250 255

His Leu His Thr Thr Thr Gln Met Ala Gly Thr Ser Ser Asn Thr Ile

260 265 270

Ser Ala Gly Trp Glu Pro Asn Glu Glu Asn Glu Asp Glu Arg Asp Arg

275 280 285

His Leu Ser Phe Ser Gly Ser Gly Ile Asp Asp Asp Glu Asp Phe Ile
290 295 300
Ser Ser Thr Ile Ser Thr Thr Pro Arg Ala Phe Asp His Thr Lys Gln
305 310 315 320
Asn Gln Asp Trp Thr Gln Trp Asn Pro Ser His Ser Asn Pro Glu Val
325 330 335
Leu Leu Gln Thr Thr Thr Arg Met Thr Asp Val Asp Arg Asn Gly Thr
340 345 350

Thr Ala Tyr Glu Gly Asn Trp Asn Pro Glu Ala His Pro Pro Leu Ile
355 360 365
His His Glu His His Glu Glu Glu Glu Thr Pro His Ser Thr Ser Thr
370 375 380
Ile Gln Ala Thr Pro Ser Ser Thr Thr Glu Glu Thr Ala Thr Gln Lys
385 390 395 400
Glu Gln Trp Phe Gly Asn Arg Trp His Glu Gly Tyr Arg Gln Thr Pro
405 410 415

Lys Glu Asp Ser His Ser Thr Thr Gly Thr Ala Ala Ala Ser Ala His
420 425 430
Thr Ser His Pro Met Gln Gly Arg Thr Thr Pro Ser Pro Glu Asp Ser
435 440 445
Ser Trp Thr Asp Phe Phe Asn Pro Ile Ser His Pro Met Gly Arg Gly
450 455 460
His Gln Ala Gly Arg Arg Met Asp Met Asp Ser Ser His Ser Ile Thr
465 470 475 480

Leu Gln Pro Thr Ala Asn Pro Asn Thr Gly Leu Val Glu Asp Leu Asp
485 490 495
Arg Thr Gly Pro Leu Ser Met Thr Thr Gln Gln Ser Asn Ser Gln Ser
500 505 510
Phe Ser Thr Ser His Glu Gly Leu Glu Glu Asp Lys Asp His Pro Thr
515 520 525
Thr Ser Thr Leu Thr Ser Ser Asn Arg Asn Asp Val Thr Gly Gly Arg

530 535 540

Arg Asp Pro Asn His Ser Glu Gly Ser Thr Thr Leu Leu Glu Gly Tyr
545 550 555 560
Thr Ser His Tyr Pro His Thr Lys Glu Ser Arg Thr Phe Ile Pro Val
565 570 575
Thr Ser Ala Lys Thr Gly Ser Phe Gly Val Thr Ala Val Thr Val Gly
580 585 590
Asp Ser Asn Ser Asn Val Asn Arg Ser Leu Ser Gly Asp Gln Asp Thr
595 600 605

Phe His Pro Ser Gly Gly Ser His Thr Thr His Gly Ser Glu Ser Asp
610 615 620
Gly His Ser His Gly Ser Gln Glu Gly Gly Ala Asn Thr Thr Ser Gly
625 630 635 640
Pro Ile Arg Thr Pro Gln Ile Pro Glu Trp Leu Ile Ile Leu Ala Ser
645 650 655
Leu Leu Ala Leu Ala Leu Ile Leu Ala Val Cys Ile Ala Val Asn Ser
660 665 670

Arg Arg Arg Cys Gly Gln Lys Lys Lys Leu Val Ile Asn Ser Gly Asn
675 680 685
Gly Ala Val Glu Asp Arg Lys Pro Ser Gly Leu Asn Gly Glu Ala Ser
690 695 700
Lys Ser Gln Glu Met Val His Leu Val Asn Lys Glu Ser Ser Glu Thr
705 710 715 720
Pro Asp Gln Phe Met Thr Ala Asp Glu Thr Arg Asn Leu Gln Asn Val
725 730 735

Asp Met Lys Ile Gly Val
740

<210> 266
<211> 699
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> CD44_Isoform_6__Homo_sapiens__P16070-6

<400> 266

Met Asp Lys Phe Trp Trp His Ala Ala Trp Gly Leu Cys Leu Val Pro
1 5 10 15

Leu Ser Leu Ala Gln Ile Asp Leu Asn Ile Thr Cys Arg Phe Ala Gly
20 25 30

Val Phe His Val Glu Lys Asn Gly Arg Tyr Ser Ile Ser Arg Thr Glu
35 40 45

Ala Ala Asp Leu Cys Lys Ala Phe Asn Ser Thr Leu Pro Thr Met Ala
50 55 60

Gln Met Glu Lys Ala Leu Ser Ile Gly Phe Glu Thr Cys Arg Tyr Gly
65 70 75 80

Phe Ile Glu Gly His Val Val Ile Pro Arg Ile His Pro Asn Ser Ile
85 90 95

Cys Ala Ala Asn Asn Thr Gly Val Tyr Ile Leu Thr Ser Asn Thr Ser
100 105 110

Gln Tyr Asp Thr Tyr Cys Phe Asn Ala Ser Ala Pro Pro Glu Glu Asp
115 120 125

Cys Thr Ser Val Thr Asp Leu Pro Asn Ala Phe Asp Gly Pro Ile Thr
130 135 140

Ile Thr Ile Val Asn Arg Asp Gly Thr Arg Tyr Val Gln Lys Gly Glu
145 150 155 160

Tyr Arg Thr Asn Pro Glu Asp Ile Tyr Pro Ser Asn Pro Thr Asp Asp
165 170 175

Asp Val Ser Ser Gly Ser Ser Ser Glu Arg Ser Ser Thr Ser Gly Gly
180 185 190

Tyr Ile Phe Tyr Thr Phe Ser Thr Val His Pro Ile Pro Asp Glu Asp
195 200 205

Ser Pro Trp Ile Thr Asp Ser Thr Asp Arg Ile Pro Ala Thr Thr Leu
210 215 220

Met Ser Thr Ser Ala Thr Ala Thr Glu Thr Ala Thr Lys Arg Gln Glu

225 230 235 240

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

Ser Ser Thr Ile Ser Thr Thr Pro Arg Ala Phe Asp His Thr Lys Gln
305 310 315 320
Asn Gln Asp Trp Thr Gln Trp Asn Pro Ser His Ser Asn Pro Glu Val
325 330 335
Leu Leu Gln Thr Thr Thr Arg Met Thr Asp Val Asp Arg Asn Gly Thr
340 345 350
Thr Ala Tyr Glu Gly Asn Trp Asn Pro Glu Ala His Pro Pro Leu Ile
355 360 365

His His Glu His His Glu Glu Glu Glu Thr Pro His Ser Thr Ser Thr
370 375 380
Thr Ala Ser Ala His Thr Ser His Pro Met Gln Gly Arg Thr Thr Pro
385 390 395 400
Ser Pro Glu Asp Ser Ser Trp Thr Asp Phe Phe Asn Pro Ile Ser His
405 410 415
Pro Met Gly Arg Gly His Gln Ala Gly Arg Arg Met Asp Met Asp Ser
420 425 430

Ser His Ser Ile Thr Leu Gln Pro Thr Ala Asn Pro Asn Thr Gly Leu
435 440 445
Val Glu Asp Leu Asp Arg Thr Gly Pro Leu Ser Met Thr Thr Gln Gln
450 455 460
Ser Asn Ser Gln Ser Phe Ser Thr Ser His Glu Gly Leu Glu Glu Asp
465 470 475 480

Lys Asp His Pro Thr Thr Ser Thr Leu Thr Ser Ser Asn Arg Asn Asp
485 490 495

Val Thr Gly Gly Arg Arg Asp Pro Asn His Ser Glu Gly Ser Thr Thr
500 505 510
Leu Leu Glu Gly Tyr Thr Ser His Tyr Pro His Thr Lys Glu Ser Arg
515 520 525
Thr Phe Ile Pro Val Thr Ser Ala Lys Thr Gly Ser Phe Gly Val Thr
530 535 540
Ala Val Thr Val Gly Asp Ser Asn Ser Asn Val Asn Arg Ser Leu Ser
545 550 555 560

Gly Asp Gln Asp Thr Phe His Pro Ser Gly Gly Ser His Thr Thr His
565 570 575
Gly Ser Glu Ser Asp Gly His Ser His Gly Ser Gln Glu Gly Gly Ala
580 585 590
Asn Thr Thr Ser Gly Pro Ile Arg Thr Pro Gln Ile Pro Glu Trp Leu
595 600 605
Ile Ile Leu Ala Ser Leu Leu Ala Leu Ala Leu Ile Leu Ala Val Cys
610 615 620

Ile Ala Val Asn Ser Arg Arg Arg Cys Gly Gln Lys Lys Lys Leu Val
625 630 635 640
Ile Asn Ser Gly Asn Gly Ala Val Glu Asp Arg Lys Pro Ser Gly Leu
645 650 655
Asn Gly Glu Ala Ser Lys Ser Gln Glu Met Val His Leu Val Asn Lys
660 665 670
Glu Ser Ser Glu Thr Pro Asp Gln Phe Met Thr Ala Asp Glu Thr Arg
675 680 685

Asn Leu Gln Asn Val Asp Met Lys Ile Gly Val
690 695

<210> 267
<211> 458
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD4__Homo_sapiens__P01730

<400> 267

Met Asn Arg Gly Val Pro Phe Arg His Leu Leu Leu Val Leu Gln Leu
1 5 10 15

Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Gln Gly Lys Lys Val Val Leu Gly Lys
20 25 30

Lys Gly Asp Thr Val Glu Leu Thr Cys Thr Ala Ser Gln Lys Lys Ser

35 40 45

Ile Gln Phe His Trp Lys Asn Ser Asn Gln Ile Lys Ile Leu Gly Asn
50 55 60

Gln Gly Ser Phe Leu Thr Lys Gly Pro Ser Lys Leu Asn Asp Arg Ala
65 70 75 80

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

Lys Asn Leu Lys Ile Glu Asp Ser Asp Thr Tyr Ile Cys Glu Val Glu

100 105 110

Asp Gln Lys Glu Glu Val Gln Leu Leu Val Phe Gly Leu Thr Ala Asn
115 120 125

Ser Asp Thr His Leu Leu Gln Gly Gln Ser Leu Thr Leu Thr Leu Glu
130 135 140

Ser Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Val Gln Cys Arg Ser Pro Arg Gly
145 150 155 160

Lys Asn Ile Gln Gly Gly Lys Thr Leu Ser Val Ser Gln Leu Glu Leu

165 170 175

Gln Asp Ser Gly Thr Trp Thr Cys Thr Val Leu Gln Asn Gln Lys Lys
180 185 190

Val Glu Phe Lys Ile Asp Ile Val Val Leu Ala Phe Gln Lys Ala Ser
195 200 205

Ser Ile Val Tyr Lys Lys Glu Gly Glu Gln Val Glu Phe Ser Phe Pro
210 215 220

Leu Ala Phe Thr Val Glu Lys Leu Thr Gly Ser Gly Glu Leu Trp Trp

225 230 235 240

Gln Ala Glu Arg Ala Ser Ser Ser Lys Ser Trp Ile Thr Phe Asp Leu

245 250 255

Lys Asn Lys Glu Val Ser Val Lys Arg Val Thr Gln Asp Pro Lys Leu

260 265 270

Gln Met Gly Lys Lys Leu Pro Leu His Leu Thr Leu Pro Gln Ala Leu

275 280 285

Pro Gln Tyr Ala Gly Ser Gly Asn Leu Thr Leu Ala Leu Glu Ala Lys

290 295 300

Thr Gly Lys Leu His Gln Glu Val Asn Leu Val Val Met Arg Ala Thr

305 310 315 320

Gln Leu Gln Lys Asn Leu Thr Cys Glu Val Trp Gly Pro Thr Ser Pro

325 330 335

Lys Leu Met Leu Ser Leu Lys Leu Glu Asn Lys Glu Ala Lys Val Ser

340 345 350

Lys Arg Glu Lys Ala Val Trp Val Leu Asn Pro Glu Ala Gly Met Trp

355 360 365

Gln Cys Leu Leu Ser Asp Ser Gly Gln Val Leu Leu Glu Ser Asn Ile

370 375 380

Lys Val Leu Pro Thr Trp Ser Thr Pro Val Gln Pro Met Ala Leu Ile

385 390 395 400

Val Leu Gly Gly Val Ala Gly Leu Leu Leu Phe Ile Gly Leu Gly Ile

405 410 415

Phe Phe Cys Val Arg Cys Arg His Arg Arg Arg Gln Ala Glu Arg Met

420 425 430

Ser Gln Ile Lys Arg Leu Leu Ser Glu Lys Lys Thr Cys Gln Cys Pro

435 440 445

His Arg Phe Gln Lys Thr Cys Ser Pro Ile

450 455

<210> 268

<211> 61

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD52__Homo_sapiens__P31358

<400> 268

Met Lys Arg Phe Leu Phe Leu Leu Leu Thr Ile Ser Leu Leu Val Met

1 5 10 15

Val Gln Ile Gln Thr Gly Leu Ser Gly Gln Asn Asp Thr Ser Gln Thr

20 25 30

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Ser Asn Ile Ser Gly Gly Ile Phe Leu Phe

35 40 45

Phe Val Ala Asn Ala Ile Ile His Leu Phe Cys Phe Ser

50 55 60

<210> 269

<211> 61

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD52__Homo_sapiens__Q6IBD0

<400> 269

Met Lys Arg Phe Leu Phe Leu Leu Leu Thr Ile Ser Leu Leu Val Met

1 5 10 15

Val Gln Ile Gln Thr Gly Leu Ser Gly Gln Asn Asp Thr Ser Gln Thr

20 25 30

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Ser Ser Met Ser Gly Gly Ile Phe Leu Phe

35 40 45

Phe Val Ala Asn Ala Ile Ile His Leu Phe Cys Phe Ser

50 55 60

<210> 270

<211> 61

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

CD52__Homo_sapiens__V9HWN9

<400> 270

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

<210> 271

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD55__Homo_sapiens__B1AP15

<400> 271

Met Thr Val Ala Arg Pro Ser Val Pro Ala Ala Leu Pro Leu Leu Gly
1 5 10 15
Glu Leu Pro Arg Leu Leu Leu Leu Val Leu Leu Cys Leu Pro Ala Val
20 25 30
Trp Gly Asp Cys Gly Leu Pro Pro Asp Val Pro Asn Ala Gln Pro Ala
35 40 45

Leu Glu Gly Arg Thr Ser Phe Pro Glu Asp Thr Val Ile Thr Tyr Lys
50 55 60
Cys Glu Glu Ser Phe Val Lys Ile Pro Gly Glu Lys Asp Ser Val Ile
65 70 75 80
Cys Leu Lys Gly Ser Gln Trp Ser Asp Ile Glu Glu Phe Cys Asn Gln
85 90 95
Lys Ser Cys Pro Asn Pro Gly Glu Ile Arg Asn Gly Gln Ile Asp Val
100 105 110

Pro Gly Gly Ile Leu Phe Gly Ala Thr Ile Ser Phe Ser Cys Asn Thr
115 120 125
Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Ser Thr Ser Ser Phe Cys Leu Ile Ser Gly

130 135 140

Ser Ser Val Gln Trp Ser Asp Pro Leu Pro Glu Cys Arg Glu Ile Tyr
145 150 155 160

Cys Pro Ala Pro Pro Gln Ile Asp Asn Gly Ile Ile Gln Gly Glu Arg
165 170 175

Asp His Tyr Gly Tyr Arg Gln Ser Val Thr Tyr Ala Cys Asn Lys Gly
180 185 190

Phe Thr Met Ile Gly Glu His Ser Ile Tyr Cys Thr Val Asn Asn Asp
195 200 205

Glu Gly Glu Trp Ser Gly Pro Pro Pro Glu Cys Arg Gly Lys Ser Leu
210 215 220

Thr Ser Lys Val Pro Pro Thr Val Gln Lys Pro Thr Thr Val Asn Val
225 230 235 240

Pro Thr Thr Glu Val Ser Pro Thr Ser Gln Lys Thr Thr Thr Lys Thr
245 250 255

Thr Thr Pro Asn Ala Gln Ala Thr Arg Ser Thr Pro Val Ser Arg Thr
260 265 270

Thr Lys His Phe His Glu Thr Thr Pro Asn Lys Gly Ser Gly Thr Thr
275 280 285

Ser Gly Thr Thr Arg Leu Leu Ser Gly His Thr Cys Phe Thr Leu Thr
290 295 300

Gly Leu Leu Gly Thr Leu Val Thr Met Gly Leu Leu Thr
305 310 315

<210> 272

<211> 293

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD55__Homo_sapiens__D3DT85

<400> 272

Met Ile Gly Glu His Ser Ile Tyr Cys Thr Val Asn Asn Asp Glu Gly
1 5 10 15

Glu Trp Ser Gly Pro Pro Pro Glu Cys Arg Gly Lys Ser Leu Thr Ser

20 25 30

Lys Val Pro Pro Thr Val Gln Lys Pro Thr Thr Val Asn Val Pro Thr

35 40 45

Thr Glu Val Ser Pro Thr Ser Gln Lys Thr Thr Thr Lys Thr Thr Thr

50 55 60

Pro Asn Ala Gln Gly Thr Glu Thr Pro Ser Val Leu Gln Lys His Thr

65 70 75 80

Thr Glu Asn Val Ser Ala Thr Arg Thr Pro Pro Thr Pro Gln Lys Pro

85 90 95

Thr Thr Val Asn Val Pro Ala Thr Ile Val Thr Pro Thr Pro Gln Lys

100 105 110

Pro Thr Thr Ile Asn Val Pro Ala Thr Gly Val Ser Ser Thr Pro Gln

115 120 125

Arg His Thr Ile Val Asn Val Ser Ala Thr Gly Thr Leu Pro Thr Leu

130 135 140

Gln Lys Pro Thr Arg Ala Asn Asp Ser Ala Thr Lys Ser Pro Ala Ala

145 150 155 160

Ala Gln Thr Ser Phe Ile Ser Lys Thr Leu Ser Thr Lys Thr Pro Ser

165 170 175

Ala Ala Gln Asn Pro Met Met Thr Asn Ala Ser Ala Thr Gln Ala Thr

180 185 190

Leu Thr Ala Gln Lys Phe Thr Thr Ala Lys Val Ala Phe Thr Gln Ser

195 200 205

Pro Ser Ala Ala Arg Lys Ser Thr Asn Val His Ser Pro Val Thr Asn

210 215 220

Gly Leu Lys Ser Thr Gln Arg Phe Pro Ser Ala His Ile Thr Ala Thr

225 230 235 240

Arg Ser Thr Pro Val Ser Arg Thr Thr Lys His Phe His Glu Thr Thr

245 250 255

Pro Asn Lys Gly Ser Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Arg Leu Leu Ser

260 265 270

Gly His Thr Cys Phe Thr Leu Thr Gly Leu Leu Gly Thr Leu Val Thr
275 280 285

Met Gly Leu Leu Thr
290

<210> 273

<211
> 267

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD55__Homo_sapiens__D3DT86

<400> 273

Met Ile Gly Glu His Ser Ile Tyr Cys Thr Val Asn Asn Asp Glu Gly
1 5 10 15

Glu Trp Ser Gly Pro Pro Pro Glu Cys Arg Gly Lys Ser Leu Thr Ser
20 25 30

Lys Val Pro Pro Thr Val Gln Lys Pro Thr Thr Val Asn Val Pro Thr
35 40 45

Thr Glu Val Ser Pro Thr Ser Gln Lys Thr Thr Thr Lys Thr Thr Thr

50 55 60

Pro Asn Ala Gln Gly Thr Glu Thr Pro Ser Val Leu Gln Lys His Thr
65 70 75 80

Thr Glu Asn Val Ser Ala Thr Arg Thr Pro Pro Thr Pro Gln Lys Pro
85 90 95

Thr Thr Val Asn Val Pro Ala Thr Ile Val Thr Pro Thr Pro Gln Lys
100 105 110

Pro Thr Thr Ile Asn Val Pro Ala Thr Gly Val Ser Ser Thr Pro Gln

115 120 125

Arg His Thr Ile Val Asn Val Ser Ala Thr Gly Thr Leu Pro Thr Leu
130 135 140

Gln Lys Pro Thr Arg Ala Asn Asp Ser Ala Thr Lys Ser Pro Ala Ala
145 150 155 160

Ala Gln Thr Ser Phe Ile Ser Lys Thr Leu Ser Thr Lys Thr Pro Ser
165 170 175

Ala Ala Gln Asn Pro Met Met Thr Asn Ala Ser Ala Thr Gln Ala Thr

180 185 190

Leu Thr Ala Gln Lys Phe Thr Thr Ala Lys Val Ala Phe Thr Gln Ser

195 200 205

Pro Ser Ala Ala Pro Thr Arg Ser Thr Pro Val Ser Arg Thr Thr Lys

210 215 220

His Phe His Glu Thr Thr Pro Asn Lys Gly Ser Gly Thr Thr Ser Gly

225 230 235 240

Thr Thr Arg Leu Leu Ser Gly His Thr Cys Phe Thr Leu Thr Gly Leu

245 250 255

Leu Gly Thr Leu Val Thr Met Gly Leu Leu Thr

260 265

<210> 274

<211> 381

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD55__Homo_sapiens__P08174

<400> 274

Met Thr Val Ala Arg Pro Ser Val Pro Ala Ala Leu Pro Leu Leu Gly

1 5 10 15

Glu Leu Pro Arg Leu Leu Leu Leu Val Leu Leu Cys Leu Pro Ala Val

20 25 30

Trp Gly Asp Cys Gly Leu Pro Pro Asp Val Pro Asn Ala Gln Pro Ala

35 40 45

Leu Glu Gly Arg Thr Ser Phe Pro Glu Asp Thr Val Ile Thr Tyr Lys

50 55 60

Cys Glu Glu Ser Phe Val Lys Ile Pro Gly Glu Lys Asp Ser Val Ile

65 70 75 80

Cys Leu Lys Gly Ser Gln Trp Ser Asp Ile Glu Glu Phe Cys Asn Arg

85 90 95

Ser Cys Glu Val Pro Thr Arg Leu Asn Ser Ala Ser Leu Lys Gln Pro

100 105 110

Tyr Ile Thr Gln Asn Tyr Phe Pro Val Gly Thr Val Val Glu Tyr Glu

115 120 125

Cys Arg Pro Gly Tyr Arg Arg Glu Pro Ser Leu Ser Pro Lys Leu Thr

130 135 140

Cys Leu Gln Asn Leu Lys Trp Ser Thr Ala Val Glu Phe Cys Lys Lys

145 150 155 160

Lys Ser Cys Pro Asn Pro Gly Glu Ile Arg Asn Gly Gln Ile Asp Val

165 170 175

Pro Gly Gly Ile Leu Phe Gly Ala Thr Ile Ser Phe Ser Cys Asn Thr

180 185 190

Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Ser Thr Ser Ser Phe Cys Leu Ile Ser Gly

195 200 205

Ser Ser Val Gln Trp Ser Asp Pro Leu Pro Glu Cys Arg Glu Ile Tyr

210 215 220

Cys Pro Ala Pro Pro Gln Ile Asp Asn Gly Ile Ile Gln Gly Glu Arg

225 230 235 240

Asp His Tyr Gly Tyr Arg Gln Ser Val Thr Tyr Ala Cys Asn Lys Gly

245 250 255

Phe Thr Met Ile Gly Glu His Ser Ile Tyr Cys Thr Val Asn Asn Asp

260 265 270

Glu Gly Glu Trp Ser Gly Pro Pro Pro Glu Cys Arg Gly Lys Ser Leu

275 280 285

Thr Ser Lys Val Pro Pro Thr Val Gln Lys Pro Thr Thr Val Asn Val

290 295 300

Pro Thr Thr Glu Val Ser Pro Thr Ser Gln Lys Thr Thr Thr Lys Thr

305 310 315 320

Thr Thr Pro Asn Ala Gln Ala Thr Arg Ser Thr Pro Val Ser Arg Thr

325 330 335

Thr Lys His Phe His Glu Thr Thr Pro Asn Lys Gly Ser Gly Thr Thr

340 345 350

Ser Gly Thr Thr Arg Leu Leu Ser Gly His Thr Cys Phe Thr Leu Thr
355 360 365

Gly Leu Leu Gly Thr Leu Val Thr Met Gly Leu Leu Thr
370 375 380

<210> 275

<211> 858

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD56__Homo_sapiens__P13591

<400> 275

Met Leu Gln Thr Lys Asp Leu Ile Trp Thr Leu Phe Phe Leu Gly Thr
1 5 10 15

Ala Val Ser Leu Gln Val Asp Ile Val Pro Ser Gln Gly Glu Ile Ser

20 25 30

Val Gly Glu Ser Lys Phe Phe Leu Cys Gln Val Ala Gly Asp Ala Lys
35 40 45

Asp Lys Asp Ile Ser Trp Phe Ser Pro Asn Gly Glu Lys Leu Thr Pro
50 55 60

Asn Gln Gln Arg Ile Ser Val Val Trp Asn Asp Asp Ser Ser Ser Thr
65 70 75 80

Leu Thr Ile Tyr Asn Ala Asn Ile Asp Asp Ala Gly Ile Tyr Lys Cys

85 90 95

Val Val Thr Gly Glu Asp Gly Ser Glu Ser Glu Ala Thr Val Asn Val

100 105 110

Lys Ile Phe Gln Lys Leu Met Phe Lys Asn Ala Pro Thr Pro Gln Glu
115 120 125

Phe Arg Glu Gly Glu Asp Ala Val Ile Val Cys Asp Val Val Ser Ser
130 135 140

Leu Pro Pro Thr Ile Ile Trp Lys His Lys Gly Arg Asp Val Ile Leu

145 150 155 160

Lys Lys Asp Val Arg Phe Ile Val Leu Ser Asn Asn Tyr Leu Gln Ile

165 170 175

Arg Gly Ile Lys Lys Thr Asp Glu Gly Thr Tyr Arg Cys Glu Gly Arg

180 185 190

Ile Leu Ala Arg Gly Glu Ile Asn Phe Lys Asp Ile Gln Val Ile Val

195 200 205

Asn Val Pro Pro Thr Ile Gln Ala Arg Gln Asn Ile Val Asn Ala Thr

210 215 220

Ala Asn Leu Gly Gln Ser Val Thr Leu Val Cys Asp Ala Glu Gly Phe

225 230 235 240

Pro Glu Pro Thr Met Ser Trp Thr Lys Asp Gly Glu Gln Ile Glu Gln

245 250 255

Glu Glu Asp Asp Glu Lys Tyr Ile Phe Ser Asp Asp Ser Ser Gln Leu

260 265 270

Thr Ile Lys Lys Val Asp Lys Asn Asp Glu Ala Glu Tyr Ile Cys Ile

275 280 285

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

290 295 300

Phe Ala Lys Pro Lys Ile Thr Tyr Val Glu Asn Gln Thr Ala Met Glu

305 310 315 320

Leu Glu Glu Gln Val Thr Leu Thr Cys Glu Ala Ser Gly Asp Pro Ile

325 330 335

Pro Ser Ile Thr Trp Arg Thr Ser Thr Arg Asn Ile Ser Ser Glu Glu

340 345 350

Lys Ala Ser Trp Thr Arg Pro Glu Lys Gln Glu Thr Leu Asp Gly His

355 360 365

Met Val Val Arg Ser His Ala Arg Val Ser Ser Leu Thr Leu Lys Ser

370 375 380

Ile Gln Tyr Thr Asp Ala Gly Glu Tyr Ile Cys Thr Ala Ser Asn Thr

385 390 395 400

Ile Gly Gln Asp Ser Gln Ser Met Tyr Leu Glu Val Gln Tyr Ala Pro

405 410 415

Lys Leu Gln Gly Pro Val Ala Val Tyr Thr Trp Glu Gly Asn Gln Val

420 425 430

Asn Ile Thr Cys Glu Val Phe Ala Tyr Pro Ser Ala Thr Ile Ser Trp

435 440 445

Phe Arg Asp Gly Gln Leu Leu Pro Ser Ser Asn Tyr Ser Asn Ile Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Glu Asn Asp Phe Gly Asn Tyr Asn Cys Thr Ala Val Asn Arg Ile Gly

485 490 495

Gln Glu Ser Leu Glu Phe Ile Leu Val Gln Ala Asp Thr Pro Ser Ser

500 505 510

Pro Ser Ile Asp Gln Val Glu Pro Tyr Ser Ser Thr Ala Gln Val Gln

515 520 525

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

530 535 540

Ala Glu Trp Arg Ala Val Gly Glu Glu Val Trp His Ser Lys Trp Tyr

545 550 555 560

Asp Ala Lys Glu Ala Ser Met Glu Gly Ile Val Thr Ile Val Gly Leu

565 570 575

Lys Pro Glu Thr Thr Tyr Ala Val Arg Leu Ala Ala Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Gly Leu Gly Glu Ile Ser Ala Ala Ser Glu Phe Lys Thr Gln Pro Val

595 600 605

Gln Gly Glu Pro Ser Ala Pro Lys Leu Glu Gly Gln Met Gly Glu Asp

610 615 620

Gly Asn Ser Ile Lys Val Asn Leu Ile Lys Gln Asp Asp Gly Gly Ser

625 630 635 640

Pro Ile Arg His Tyr Leu Val Arg Tyr Arg Ala Leu Ser Ser Glu Trp

645 650 655

Lys Pro Glu Ile Arg Leu Pro Ser Gly Ser Asp His Val Met Leu Lys

660 665 670

Ser Leu Asp Trp Asn Ala Glu Tyr Glu Val Tyr Val Val Ala Glu Asn

675 680 685

Gln Gln Gly Lys Ser Lys Ala Ala His Phe Val Phe Arg Thr Ser Ala

690 695 700

Gln Pro Thr Ala Ile Pro Ala Asn Gly Ser Pro Thr Ser Gly Leu Ser

705 710 715 720

Thr Gly Ala Ile Val Gly Ile Leu Ile Val Ile Phe Val Leu Leu Leu

725 730 735

Val Val Val Asp Ile Thr Cys Tyr Phe Leu Asn Lys Cys Gly Leu Phe

740 745 750

Met Cys Ile Ala Val Asn Leu Cys Gly Lys Ala Gly Pro Gly Ala Lys

755 760 765

Gly Lys Asp Met Glu Glu Gly Lys Ala Ala Phe Ser Lys Asp Glu Ser

770 775 780

Lys Glu Pro Ile Val Glu Val Arg Thr Glu Glu Glu Arg Thr Pro Asn

785 790 795 800

His Asp Gly Gly Lys His Thr Glu Pro Asn Glu Thr Thr Pro Leu Thr

805 810 815

Glu Pro Glu Lys Gly Pro Val Glu Ala Lys Pro Glu Cys Gln Glu Thr

820 825 830

Glu Thr Lys Pro Ala Pro Ala Glu Val Lys Thr Val Pro Asn Asp Ala

835 840 845

Thr Gln Thr Lys Glu Asn Glu Ser Lys Ala

850 855

<210> 276

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80__Homo_sapiens__A0N0P2

<400> 276

Met Gly His Thr Arg Arg Gln Gly Thr Ser Pro Ser Lys Cys Pro Tyr

1 5 10 15

Leu Asn Phe Phe Gln Leu Leu Val Leu Ala Gly Leu Ser His Phe Cys
20 25 30
Ser Gly Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu
35 40 45

Ser Cys Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile
50 55 60
Tyr Trp Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp
65 70 75 80
Met Asn Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr
85 90 95
Asn Asn Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly
100 105 110

Thr Tyr Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg
115 120 125
Glu His Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr
130 135 140
Pro Ser Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile
145 150 155 160
Ile Cys Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu
165 170 175

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

Asp Asn Leu Leu Pro Ser Trp Ala Ile Thr Leu Ile Ser Val Asn Gly
245 250 255
Ile Phe Val Ile Cys Cys Leu Thr Tyr Cys Phe Ala Pro Arg Cys Arg

260 265 270

Glu Arg Arg Arg Asn Glu Arg Leu Arg Arg Glu Ser Val Arg Pro Val

275 280 285

<210> 277

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80__Homo_sapiens__P33681

<400> 277

Met Gly His Thr Arg Arg Gln Gly Thr Ser Pro Ser Lys Cys Pro Tyr

1 5 10 15

Leu Asn Phe Phe Gln Leu Leu Val Leu Ala Gly Leu Ser His Phe Cys

20 25 30

Ser Gly Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu

35 40 45

Ser Cys Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile

50 55 60

Tyr Trp Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp

65 70 75 80

Met Asn Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr

85 90 95

Asn Asn Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly

100 105 110

Thr Tyr Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg

115 120 125

Glu His Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr

130 135 140

Pro Ser Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile

145 150 155 160

Ile Cys Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu

165 170 175

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

180 185 190

Pro Glu Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met

195 200 205

Thr Thr Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg

210 215 220

Val Asn Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro

225 230 235 240

Asp Asn Leu Leu Pro Ser Trp Ala Ile Thr Leu Ile Ser Val Asn Gly

245 250 255

Ile Phe Val Ile Cys Cys Leu Thr Tyr Cys Phe Ala Pro Arg Cys Arg

260 265 270

Glu Arg Arg Arg Asn Glu Arg Leu Arg Arg Glu Ser Val Arg Pro Val

275 280 285

<210> 278

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86__Homo_sapiens__P42081

<400> 278

Met Asp Pro Gln Cys Thr Met Gly Leu Ser Asn Ile Leu Phe Val Met

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ser Gly Ala Ala Pro Leu Lys Ile Gln Ala Tyr Phe

20 25 30

Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln

35 40 45

Ser Leu Ser Glu Leu Val Val Phe Trp Gln Asp Gln Glu Asn Leu Val

50 55 60

Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser

65 70 75 80

Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser Phe Asp Ser Asp Ser Trp Thr Leu Arg

85 90 95

Leu His Asn Leu Gln Ile Lys Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile
100 105 110

His His Lys Lys Pro Thr Gly Met Ile Arg Ile His Gln Met Asn Ser
115 120 125

Glu Leu Ser Val Leu Ala Asn Phe Ser Gln Pro Glu Ile Val Pro Ile
130 135 140

Ser Asn Ile Thr Glu Asn Val Tyr Ile Asn Leu Thr Cys Ser Ser Ile
145 150 155 160

His Gly Tyr Pro Glu Pro Lys Lys Met Ser Val Leu Leu Arg Thr Lys
165 170 175

Asn Ser Thr Ile Glu Tyr Asp Gly Val Met Gln Lys Ser Gln Asp Asn
180 185 190

Val Thr Glu Leu Tyr Asp Val Ser Ile Ser Leu Ser Val Ser Phe Pro
195 200 205

Asp Val Thr Ser Asn Met Thr Ile Phe Cys Ile Leu Glu Thr Asp Lys
210 215 220

Thr Arg Leu Leu Ser Ser Pro Phe Ser Ile Glu Leu Glu Asp Pro Gln
225 230 235 240

Pro Pro Pro Asp His Ile Pro Trp Ile Thr Ala Val Leu Pro Thr Val
245 250 255

Ile Ile Cys Val Met Val Phe Cys Leu Ile Leu Trp Lys Trp Lys Lys
260 265 270

Lys Lys Arg Pro Arg Asn Ser Tyr Lys Cys Gly Thr Asn Thr Met Glu
275 280 285

Arg Glu Glu Ser Glu Gln Thr Lys Lys Arg Glu Lys Ile His Ile Pro
290 295 300

Glu Arg Ser Asp Glu Ala Gln Arg Val Phe Lys Ser Ser Lys Thr Ser
305 310 315 320

Ser Cys Asp Lys Ser Asp Thr Cys Phe
325

<210> 279

<211> 235

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD8A__Homo_sapiens__P01732

<400> 279

Met Ala Leu Pro Val Thr Ala Leu Leu Leu Pro Leu Ala Leu Leu Leu

1 5 10 15

His Ala Ala Arg Pro Ser Gln Phe Arg Val Ser Pro Leu Asp Arg Thr

20 25 30

Trp Asn Leu Gly Glu Thr Val Glu Leu Lys Cys Gln Val Leu Leu Ser

35 40 45

Asn Pro Thr Ser Gly Cys Ser Trp Leu Phe Gln Pro Arg Gly Ala Ala

50 55 60

Ala Ser Pro Thr Phe Leu Leu Tyr Leu Ser Gln Asn Lys Pro Lys Ala

65 70 75 80

Ala Glu Gly Leu Asp Thr Gln Arg Phe Ser Gly Lys Arg Leu Gly Asp

85 90 95

Thr Phe Val Leu Thr Leu Ser Asp Phe Arg Arg Glu Asn Glu Gly Tyr

100 105 110

Tyr Phe Cys Ser Ala Leu Ser Asn Ser Ile Met Tyr Phe Ser His Phe

115 120 125

Val Pro Val Phe Leu Pro Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro Arg

130 135 140

Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu Arg

145 150 155 160

Pro Glu Ala Cys Arg Pro Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg Gly

165 170 175

Leu Asp Phe Ala Cys Asp Ile Tyr Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly Thr

180 185 190

Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser Leu Val Ile Thr Leu Tyr Cys Asn His

195 200 205

Arg Asn Arg Arg Arg Val Cys Lys Cys Pro Arg Pro Val Val Lys Ser

210 215 220

Gly Asp Lys Pro Ser Leu Ser Ala Arg Tyr Val

225 230 235

<210> 280

<211> 823

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDC27/m__Homo_sapiens__G5EA36

<400> 280

Met Thr Val Leu Gln Glu Pro Val Gln Ala Ala Ile Trp Gln Ala Leu

1 5 10 15

Asn His Tyr Ala Tyr Arg Asp Ala Val Phe Leu Ala Glu Arg Leu Tyr

20 25 30

Ala Glu Val His Ser Glu Glu Ala Leu Phe Leu Leu Ala Thr Cys Tyr

35 40 45

Tyr Arg Ser Gly Lys Ala Tyr Lys Ala Tyr Arg Leu Leu Lys Gly His

50 55 60

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

65 70 75 80

Asp Leu Ser Lys Leu Ala Glu Gly Glu Gln Ile Leu Ser Gly Gly Val

85 90 95

Phe Asn Lys Gln Lys Ser His Asp Asp Ile Val Thr Glu Phe Gly Asp

100 105 110

Ser Ala Cys Phe Thr Leu Ser Leu Leu Gly His Val Tyr Cys Lys Thr

115 120 125

Asp Arg Leu Ala Lys Gly Ser Glu Cys Tyr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

130 135 140

Asn Pro Phe Leu Trp Ser Pro Phe Glu Ser Leu Cys Glu Ile Gly Glu

145 150 155 160

Lys Pro Asp Pro Asp Gln Thr Phe Lys Phe Thr Ser Leu Gln Asn Phe

165 170 175

Ser Asn Cys Leu Pro Asn Ser Cys Thr Thr Gln Val Pro Asn His Ser

180 185 190

Leu Ser His Arg Gln Pro Glu Thr Val Leu Thr Glu Thr Pro Gln Asp

195 200 205

Thr Ile Glu Leu Asn Arg Leu Asn Leu Glu Ser Ser Asn Ser Lys Tyr

210 215 220

Ser Leu Asn Thr Asp Ser Ser Val Ser Tyr Ile Asp Ser Ala Val Ile

225 230 235 240

Ser Pro Asp Thr Val Pro Leu Gly Thr Gly Thr Ser Ile Leu Ser Lys

245 250 255

Gln Val Gln Asn Lys Pro Lys Thr Gly Arg Ser Leu Leu Gly Gly Pro

260 265 270

Ala Ala Leu Ser Pro Leu Thr Pro Ser Phe Gly Ile Leu Pro Leu Glu

275 280 285

Thr Pro Ser Pro Gly Asp Gly Ser Tyr Leu Gln Asn Tyr Thr Asn Thr

290 295 300

Pro Pro Val Ile Asp Val Pro Ser Thr Gly Ala Pro Ser Lys Lys Ser

305 310 315 320

Val Ala Arg Ile Gly Gln Thr Gly Thr Lys Ser Val Phe Ser Gln Ser

325 330 335

Gly Asn Ser Arg Glu Val Thr Pro Ile Leu Ala Gln Thr Gln Ser Ser

340 345 350

Gly Pro Gln Thr Ser Thr Thr Pro Gln Val Leu Ser Pro Thr Ile Thr

355 360 365

Ser Pro Pro Asn Ala Leu Pro Arg Arg Ser Ser Arg Leu Phe Thr Ser

370 375 380

Asp Ser Ser Thr Thr Lys Glu Asn Ser Lys Lys Leu Lys Met Lys Phe

385 390 395 400

Pro Pro Lys Ile Pro Asn Arg Lys Thr Lys Ser Lys Thr Asn Lys Gly

405 410 415

Gly Ile Thr Gln Pro Asn Ile Asn Asp Ser Leu Glu Ile Thr Lys Leu

420 425 430

Asp Ser Ser Ile Ile Ser Glu Gly Lys Ile Ser Thr Ile Thr Pro Gln
435 440 445

Ile Gln Ala Phe Asn Leu Gln Lys Ala Ala Ala Gly Leu Met Ser Leu
450 455 460

Leu Arg Glu Met Gly Lys Gly Tyr Leu Ala Leu Cys Ser Tyr Asn Cys
465 470 475 480

Lys Glu Ala Ile Asn Ile Leu Ser His Leu Pro Ser His His Tyr Asn
485 490 495

Thr Gly Trp Val Leu Cys Gln Ile Gly Arg Ala Tyr Phe Glu Leu Ser
500 505 510

Glu Tyr Met Gln Ala Glu Arg Ile Phe Ser Glu Val Arg Arg Ile Glu
515 520 525

Asn Tyr Arg Val Glu Gly Met Glu Ile Tyr Ser Thr Thr Leu Trp His
530 535 540

Leu Gln Lys Asp Val Ala Leu Ser Val Leu Ser Lys Asp Leu Thr Asp
545 550 555 560

Met Asp Lys Asn Ser Pro Glu Ala Trp Cys Ala Ala Gly Asn Cys Phe
565 570 575

Ser Leu Gln Arg Glu His Asp Ile Ala Ile Lys Phe Phe Gln Arg Ala
580 585 590

Ile Gln Val Asp Pro Asn Tyr Ala Tyr Ala Tyr Thr Leu Leu Gly His
595 600 605

Glu Phe Val Leu Thr Glu Glu Leu Asp Lys Ala Leu Ala Cys Phe Arg
610 615 620

Asn Ala Ile Arg Val Asn Pro Arg His Tyr Asn Ala Trp Tyr Gly Leu
625 630 635 640

Gly Met Ile Tyr Tyr Lys Gln Glu Lys Phe Ser Leu Ala Glu Met His
645 650 655

Phe Gln Lys Ala Leu Asp Ile Asn Pro Gln Ser Ser Val Leu Leu Cys
660 665 670

His Ile Gly Val Val Gln His Ala Leu Lys Lys Ser Glu Lys Ala Leu

675 680 685

Asp Thr Leu Asn Lys Ala Ile Val Ile Asp Pro Lys Asn Pro Leu Cys

690 695 700

Lys Phe His Arg Ala Ser Val Leu Phe Ala Asn Glu Lys Tyr Lys Ser

705 710 715 720

Ala Leu Gln Glu Leu Glu Glu Leu Lys Gln Ile Val Pro Lys Glu Ser

725 730 735

Leu Val Tyr Phe Leu Ile Gly Lys Val Tyr Lys Lys Leu Gly Gln Thr

740 745 750

His Leu Ala Leu Met Asn Phe Ser Trp Ala Met Asp Leu Asp Pro Lys

755 760 765

Gly Ala Asn Asn Gln Ile Lys Glu Ala Ile Asp Lys Arg Tyr Leu Pro

770 775 780

Asp Asp Glu Glu Pro Ile Thr Gln Glu Glu Gln Ile Met Gly Thr Asp

785 790 795 800

Glu Ser Gln Glu Ser Ser Met Thr Asp Ala Asp Asp Thr Gln Leu His

805 810 815

Ala Ala Glu Ser Asp Glu Phe

820

<210> 281

<211> 824

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDC27/m__Homo_sapiens__P30260

<400> 281

Met Thr Val Leu Gln Glu Pro Val Gln Ala Ala Ile Trp Gln Ala Leu

1 5 10 15

Asn His Tyr Ala Tyr Arg Asp Ala Val Phe Leu Ala Glu Arg Leu Tyr

20 25 30

Ala Glu Val His Ser Glu Glu Ala Leu Phe Leu Leu Ala Thr Cys Tyr

35 40 45

Tyr Arg Ser Gly Lys Ala Tyr Lys Ala Tyr Arg Leu Leu Lys Gly His

50 55 60

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

Asp Leu Ser Lys Leu Ala Glu Gly Glu Gln Ile Leu Ser Gly Gly Val
85 90 95

Phe Asn Lys Gln Lys Ser His Asp Asp Ile Val Thr Glu Phe Gly Asp
100 105 110

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

Asp Arg Leu Ala Lys Gly Ser Glu Cys Tyr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
130 135 140

Asn Pro Phe Leu Trp Ser Pro Phe Glu Ser Leu Cys Glu Ile Gly Glu
145 150 155 160

Lys Pro Asp Pro Asp Gln Thr Phe Lys Phe Thr Ser Leu Gln Asn Phe
165 170 175

Ser Asn Cys Leu Pro Asn Ser Cys Thr Thr Gln Val Pro Asn His Ser
180 185 190

Leu Ser His Arg Gln Pro Glu Thr Val Leu Thr Glu Thr Pro Gln Asp
195 200 205

Thr Ile Glu Leu Asn Arg Leu Asn Leu Glu Ser Ser Asn Ser Lys Tyr
210 215 220

Ser Leu Asn Thr Asp Ser Ser Val Ser Tyr Ile Asp Ser Ala Val Ile
225 230 235 240

Ser Pro Asp Thr Val Pro Leu Gly Thr Gly Thr Ser Ile Leu Ser Lys
245 250 255

Gln Val Gln Asn Lys Pro Lys Thr Gly Arg Ser Leu Leu Gly Gly Pro
260 265 270

Ala Ala Leu Ser Pro Leu Thr Pro Ser Phe Gly Ile Leu Pro Leu Glu
275 280 285

Thr Pro Ser Pro Gly Asp Gly Ser Tyr Leu Gln Asn Tyr Thr Asn Thr
290 295 300

Pro Pro Val Ile Asp Val Pro Ser Thr Gly Ala Pro Ser Lys Lys Ser
305 310 315 320
Val Ala Arg Ile Gly Gln Thr Gly Thr Lys Ser Val Phe Ser Gln Ser
325 330 335

Gly Asn Ser Arg Glu Val Thr Pro Ile Leu Ala Gln Thr Gln Ser Ser
340 345 350
Gly Pro Gln Thr Ser Thr Thr Pro Gln Val Leu Ser Pro Thr Ile Thr
355 360 365
Ser Pro Pro Asn Ala Leu Pro Arg Arg Ser Ser Arg Leu Phe Thr Ser
370 375 380
Asp Ser Ser Thr Thr Lys Glu Asn Ser Lys Lys Leu Lys Met Lys Phe
385 390 395 400

Pro Pro Lys Ile Pro Asn Arg Lys Thr Lys Ser Lys Thr Asn Lys Gly
405 410 415
Gly Ile Thr Gln Pro Asn Ile Asn Asp Ser Leu Glu Ile Thr Lys Leu
420 425 430
Asp Ser Ser Ile Ile Ser Glu Gly Lys Ile Ser Thr Ile Thr Pro Gln
435 440 445
Ile Gln Ala Phe Asn Leu Gln Lys Ala Ala Ala Glu Gly Leu Met Ser
450 455 460

Leu Leu Arg Glu Met Gly Lys Gly Tyr Leu Ala Leu Cys Ser Tyr Asn
465 470 475 480
Cys Lys Glu Ala Ile Asn Ile Leu Ser His Leu Pro Ser His His Tyr
485 490 495
Asn Thr Gly Trp Val Leu Cys Gln Ile Gly Arg Ala Tyr Phe Glu Leu
500 505 510
Ser Glu Tyr Met Gln Ala Glu Arg Ile Phe Ser Glu Val Arg Arg Ile
515 520 525

Glu Asn Tyr Arg Val Glu Gly Met Glu Ile Tyr Ser Thr Thr Leu Trp
530 535 540
His Leu Gln Lys Asp Val Ala Leu Ser Val Leu Ser Lys Asp Leu Thr

545 550 555 560

Asp Met Asp Lys Asn Ser Pro Glu Ala Trp Cys Ala Ala Gly Asn Cys

565 570 575

Phe Ser Leu Gln Arg Glu His Asp Ile Ala Ile Lys Phe Phe Gln Arg

580 585 590

Ala Ile Gln Val Asp Pro Asn Tyr Ala Tyr Ala Tyr Thr Leu Leu Gly

595 600 605

His Glu Phe Val Leu Thr Glu Glu Leu Asp Lys Ala Leu Ala Cys Phe

610 615 620

Arg Asn Ala Ile Arg Val Asn Pro Arg His Tyr Asn Ala Trp Tyr Gly

625 630 635 640

Leu Gly Met Ile Tyr Tyr Lys Gln Glu Lys Phe Ser Leu Ala Glu Met

645 650 655

His Phe Gln Lys Ala Leu Asp Ile Asn Pro Gln Ser Ser Val Leu Leu

660 665 670

Cys His Ile Gly Val Val Gln His Ala Leu Lys Lys Ser Glu Lys Ala

675 680 685

Leu Asp Thr Leu Asn Lys Ala Ile Val Ile Asp Pro Lys Asn Pro Leu

690 695 700

Cys Lys Phe His Arg Ala Ser Val Leu Phe Ala Asn Glu Lys Tyr Lys

705 710 715 720

Ser Ala Leu Gln Glu Leu Glu Glu Leu Lys Gln Ile Val Pro Lys Glu

725 730 735

Ser Leu Val Tyr Phe Leu Ile Gly Lys Val Tyr Lys Lys Leu Gly Gln

740 745 750

Thr His Leu Ala Leu Met Asn Phe Ser Trp Ala Met Asp Leu Asp Pro

755 760 765

Lys Gly Ala Asn Asn Gln Ile Lys Glu Ala Ile Asp Lys Arg Tyr Leu

770 775 780

Pro Asp Asp Glu Glu Pro Ile Thr Gln Glu Glu Gln Ile Met Gly Thr

785 790 795 800

Asp Glu Ser Gln Glu Ser Ser Met Thr Asp Ala Asp Asp Thr Gln Leu
805 810 815

His Ala Ala Glu Ser Asp Glu Phe
820

<210> 282

<211> 595

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDE30__Homo_sapiens__P28908

<400> 282

Met Arg Val Leu Leu Ala Ala Leu Gly Leu Leu Phe Leu Gly Ala Leu
1 5 10 15

Arg Ala Phe Pro Gln Asp Arg Pro Phe Glu Asp Thr Cys His Gly Asn
20 25 30

Pro Ser His Tyr Tyr Asp Lys Ala Val Arg Arg Cys Cys Tyr Arg Cys
35 40 45

Pro Met Gly Leu Phe Pro Thr Gln Gln Cys Pro Gln Arg Pro Thr Asp
50 55 60

Cys Arg Lys Gln Cys Glu Pro Asp Tyr Tyr Leu Asp Glu Ala Asp Arg
65 70 75 80

Cys Thr Ala Cys Val Thr Cys Ser Arg Asp Asp Leu Val Glu Lys Thr
85 90 95

Pro Cys Ala Trp Asn Ser Ser Arg Val Cys Glu Cys Arg Pro Gly Met
100 105 110

Phe Cys Ser Thr Ser Ala Val Asn Ser Cys Ala Arg Cys Phe Phe His
115 120 125

Ser Val Cys Pro Ala Gly Met Ile Val Lys Phe Pro Gly Thr Ala Gln
130 135 140

Lys Asn Thr Val Cys Glu Pro Ala Ser Pro Gly Val Ser Pro Ala Cys
145 150 155 160

Ala Ser Pro Glu Asn Cys Lys Glu Pro Ser Ser Gly Thr Ile Pro Gln
165 170 175

Ala Lys Pro Thr Pro Val Ser Pro Ala Thr Ser Ser Ala Ser Thr Met
180 185 190
Pro Val Arg Gly Gly Thr Arg Leu Ala Gln Glu Ala Ala Ser Lys Leu
195 200 205

Thr Arg Ala Pro Asp Ser Pro Ser Ser Val Gly Arg Pro Ser Ser Asp
210 215 220
Pro Gly Leu Ser Pro Thr Gln Pro Cys Pro Glu Gly Ser Gly Asp Cys
225 230 235 240
Arg Lys Gln Cys Glu Pro Asp Tyr Tyr Leu Asp Glu Ala Gly Arg Cys
245 250 255
Thr Ala Cys Val Ser Cys Ser Arg Asp Asp Leu Val Glu Lys Thr Pro
260 265 270

Cys Ala Trp Asn Ser Ser Arg Thr Cys Glu Cys Arg Pro Gly Met Ile
275 280 285
Cys Ala Thr Ser Ala Thr Asn Ser Cys Ala Arg Cys Val Pro Tyr Pro
290 295 300
Ile Cys Ala Ala Glu Thr Val Thr Lys Pro Gln Asp Met Ala Glu Lys
305 310 315 320
Asp Thr Thr Phe Glu Ala Pro Pro Leu Gly Thr Gln Pro Asp Cys Asn
325 330 335

Pro Thr Pro Glu Asn Gly Glu Ala Pro Ala Ser Thr Ser Pro Thr Gln
340 345 350
Ser Leu Leu Val Asp Ser Gln Ala Ser Lys Thr Leu Pro Ile Pro Thr
355 360 365
Ser Ala Pro Val Ala Leu Ser Ser Thr Gly Lys Pro Val Leu Asp Ala
370 375 380
Gly Pro Val Leu Phe Trp Val Ile Leu Val Leu Val Val Val Val Gly
385 390 395 400

Ser Ser Ala Phe Leu Leu Cys His Arg Arg Ala Cys Arg Lys Arg Ile
405 410 415
Arg Gln Lys Leu His Leu Cys Tyr Pro Val Gln Thr Ser Gln Pro Lys

420 425 430

Leu Glu Leu Val Asp Ser Arg Pro Arg Arg Ser Ser Thr Gln Leu Arg

435 440 445

Ser Gly Ala Ser Val Thr Glu Pro Val Ala Glu Glu Arg Gly Leu Met

450 455 460

Ser Gln Pro Leu Met Glu Thr Cys His Ser Val Gly Ala Ala Tyr Leu

465 470 475 480

Glu Ser Leu Pro Leu Gln Asp Ala Ser Pro Ala Gly Gly Pro Ser Ser

485 490 495

Pro Arg Asp Leu Pro Glu Pro Arg Val Ser Thr Glu His Thr Asn Asn

500 505 510

Lys Ile Glu Lys Ile Tyr Ile Met Lys Ala Asp Thr Val Ile Val Gly

515 520 525

Thr Val Lys Ala Glu Leu Pro Glu Gly Arg Gly Leu Ala Gly Pro Ala

530 535 540

Glu Pro Glu Leu Glu Glu Glu Leu Glu Ala Asp His Thr Pro His Tyr

545 550 555 560

Pro Glu Gln Glu Thr Glu Pro Pro Leu Gly Ser Cys Ser Asp Val Met

565 570 575

Leu Ser Val Glu Glu Glu Gly Lys Glu Asp Pro Leu Pro Thr Ala Ala

580 585 590

Ser Gly Lys

595

<210> 283

<211> 303

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDK4/m__Homo_sapiens__A0A024RBB6

<400> 283

Met Ala Thr Ser Arg Tyr Glu Pro Val Ala Glu Ile Gly Val Gly Ala

1 5 10 15

Tyr Gly Thr Val Tyr Lys Ala Arg Asp Pro His Ser Gly His Phe Val

```
            20                  25                  30
Ala Leu Lys Ser Val Arg Val Pro Asn Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
        35                  40                  45

Leu Pro Ile Ser Thr Val Arg Glu Val Ala Leu Leu Arg Arg Leu Glu
    50                  55                  60
Ala Phe Glu His Pro Asn Val Val Arg Leu Met Asp Val Cys Ala Thr
65                  70                  75                  80
Ser Arg Thr Asp Arg Glu Ile Lys Val Thr Leu Val Phe Glu His Val
                85                  90                  95
Asp Gln Asp Leu Arg Thr Tyr Leu Asp Lys Ala Pro Pro Pro Gly Leu
            100                 105                 110

Pro Ala Glu Thr Ile Lys Asp Leu Met Arg Gln Phe Leu Arg Gly Leu
        115                 120                 125
Asp Phe Leu His Ala Asn Cys Ile Val His Arg Asp Leu Lys Pro Glu
    130                 135                 140
Asn Ile Leu Val Thr Ser Gly Gly Thr Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly
145                 150                 155                 160
Leu Ala Arg Ile Tyr Ser Tyr Gln Met Ala Leu Thr Pro Val Val Val
                165                 170                 175

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

Asp Val Ser Leu Pro Arg Gly Ala Phe Pro Pro Arg Gly Pro Arg Pro
                245                 250                 255
Val Gln Ser Val Val Pro Glu Met Glu Glu Ser Gly Ala Gln Leu Leu
            260                 265                 270
```

Leu Glu Met Leu Thr Phe Asn Pro His Lys Arg Ile Ser Ala Phe Arg
275 280 285
Ala Leu Gln His Ser Tyr Leu His Lys Asp Glu Gly Asn Pro Glu
290 295 300

<210
> 284
<211> 303
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CDK4/m__Homo_sapiens__P11802
<400> 284
Met Ala Thr Ser Arg Tyr Glu Pro Val Ala Glu Ile Gly Val Gly Ala
1 5 10 15
Tyr Gly Thr Val Tyr Lys Ala Arg Asp Pro His Ser Gly His Phe Val
20 25 30
Ala Leu Lys Ser Val Arg Val Pro Asn Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
35 40 45

Leu Pro Ile Ser Thr Val Arg Glu Val Ala Leu Leu Arg Arg Leu Glu
50 55 60
Ala Phe Glu His Pro Asn Val Val Arg Leu Met Asp Val Cys Ala Thr
65 70 75 80
Ser Arg Thr Asp Arg Glu Ile Lys Val Thr Leu Val Phe Glu His Val
85 90 95
Asp Gln Asp Leu Arg Thr Tyr Leu Asp Lys Ala Pro Pro Pro Gly Leu
100 105 110

Pro Ala Glu Thr Ile Lys Asp Leu Met Arg Gln Phe Leu Arg Gly Leu
115 120 125
Asp Phe Leu His Ala Asn Cys Ile Val His Arg Asp Leu Lys Pro Glu
130 135 140
Asn Ile Leu Val Thr Ser Gly Gly Thr Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly
145 150 155 160
Leu Ala Arg Ile Tyr Ser Tyr Gln Met Ala Leu Thr Pro Val Val Val

165 170 175

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

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

<210
> 285

<211> 229

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDK4/m__Homo_sapiens__Q6LC83

<400> 285

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

Gln Phe Leu Arg Gly Leu Asp Phe Leu His Ala Asn Cys Ile Val His
50 55 60

Arg Asp Leu Lys Pro Glu Asn Ile Leu Val Thr Ser Gly Gly Thr Val
65 70 75 80
Lys Leu Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg Ile Tyr Ser Tyr Gln Met Ala
85 90 95
Leu Thr Pro Val Val Val Thr Leu Trp Tyr Arg Ala Pro Glu Val Leu
100 105 110

Leu Gln Ser Thr Tyr Ala Thr Pro Val Asp Met Trp Ser Val Gly Cys
115 120 125
Ile Phe Ala Glu Met Phe Arg Arg Lys Pro Leu Phe Cys Gly Asn Ser
130 135 140
Glu Ala Asp Gln Leu Gly Lys Ile Phe Asp Leu Ile Gly Leu Pro Pro
145 150 155 160
Glu Asp Asp Trp Pro Arg Asp Val Ser Leu Pro Arg Gly Ala Phe Pro
165 170 175

Pro Arg Gly Pro Arg Pro Val Gln Ser Val Val Pro Glu Met Glu Glu
180 185 190
Ser Gly Ala Gln Leu Leu Leu Glu Met Leu Thr Phe Asn Pro His Lys
195 200 205
Arg Ile Ser Ala Phe Arg Ala Leu Gln His Ser Tyr Leu His Lys Asp
210 215 220
Glu Gly Asn Pro Glu
225

<210> 286
<211> 111
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CDK4/m__Homo_sapiens__Q96BE9

<400> 286
Met Ala Thr Ser Arg Tyr Glu Pro Val Ala Glu Ile Gly Val Gly Ala
1 5 10 15
Tyr Gly Thr Val Tyr Lys Ala Arg Asp Pro His Ser Gly His Phe Val
20 25 30

Ala Leu Lys Ser Val Arg Val Pro Asn Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
35 40 45
Leu Pro Ile Ser Thr Val Arg Glu Val Ala Leu Leu Arg Arg Leu Glu
50 55 60

Ala Phe Glu His Pro Asn Val Val Arg Leu Met Asp Val Cys Ala Thr
65 70 75 80
Ser Arg Thr Asp Arg Glu Ile Lys Arg Cys Phe Val Glu Ser Leu Ser
85 90 95
Ser Val Glu Thr Leu Lys Pro Thr Ser Trp Ala Lys Ser Leu Thr
100 105 110

<210> 287
<211> 142
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CDKN2A/m__Homo_sapiens__D1LYX3
<400> 287
Met Glu Pro Ala Ala Gly Ser Ser Met Glu Pro Ser Ala Asp Trp Leu

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

65 70 75 80
Pro Val His Asp Ala Ala Arg Glu Gly Phe Leu Asp Thr Leu Val Val
85 90 95
Leu His Arg Ala Gly Ala Pro Cys Ala Met Pro Gly Ala Val Cys Pro
100 105 110
Trp Thr Trp Leu Arg Ser Trp Ala Ile Ala Met Ser His Gly Thr Cys
115 120 125

Ala Arg Leu Arg Gly Ala Pro Glu Ala Val Thr Met Pro Ala

130 135 140

<210> 288

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDKN2A/m__Homo_sapiens__G3XAG3

<400> 288

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

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

Glu Ala Gly Ala Leu Pro Asn Ala Pro Asn Ser Tyr Gly Arg Arg Pro
35 40 45

Ile Gln Val Gly Arg Gly Ser Ala Ala Gly Ala Gly Asp Gly Gly Arg
50 55 60

Leu Trp Arg Thr Lys Phe Ala Gly Glu Leu Glu Ser Gly Ser Ala Ser
65 70 75 80

Ile Leu Arg Lys Lys Gly Arg Leu Pro Gly Glu Phe Ser Glu Gly Val
85 90 95

Cys Asn His Arg Pro Pro Pro Gly Asp Ala Leu Gly Ala Trp Glu Ala
100 105 110

Lys Glu Glu Glu
115

<210> 289

<211> 156

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDKN2A/m__Homo_sapiens__K7PML8

<400> 289

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

Ala Thr Ala Ala Ala Arg Gly Arg Val Glu Glu Val Arg Ala Leu Leu
20 25 30
Glu Ala Gly Ala Leu Pro Asn Ala Pro Asn Ser Tyr Gly Arg Arg Pro
35 40 45

Ile Gln Val Met Met Met Gly Ser Ala Arg Val Ala Glu Leu Leu Leu
50 55 60
Leu His Gly Ala Glu Pro Asn Cys Ala Asp Pro Ala Thr Leu Thr Arg
65 70 75 80
Pro Val His Asp Ala Ala Arg Glu Gly Phe Leu Asp Thr Leu Val Val
85 90 95
Leu His Arg Ala Gly Ala Arg Leu Asp Val Arg Asp Ala Trp Gly Arg
100 105 110

Leu Pro Val Asp Leu Ala Glu Glu Leu Gly His Arg Asp Val Ala Arg
115 120 125
Tyr Leu Arg Ala Ala Ala Gly Gly Thr Arg Gly Ser Asn His Ala Arg
130 135 140
Ile Asp Ala Ala Glu Gly Pro Ser Asp Ile Pro Asp
145 150 155
<210> 290
<211> 108
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CDKN2A/m__Homo_sapiens__L8E941
<400> 290
Met Glu Val Met Met Met Gly Ser Ala Arg Val Ala Glu Leu Leu Leu

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

Leu Pro Val Asp Leu Ala Glu Glu Leu Gly His Arg Asp Val Ala Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Arg Ala Ala Ala Gly Gly Thr Arg Gly Ser Asn His Ala Arg

85 90 95

Ile Asp Ala Ala Glu Gly Pro Ser Asp Ile Pro Asp

100 105

<210> 291

<211> 132

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDKN2A/m__Homo_sapiens__Q8N726

<400> 291

Met Val Arg Arg Phe Leu Val Thr Leu Arg Ile Arg Arg Ala Cys Gly

1 5 10 15

Pro Pro Arg Val Arg Val Phe Val Val His Ile Pro Arg Leu Thr Gly

20 25 30

Glu Trp Ala Ala Pro Gly Ala Pro Ala Ala Val Ala Leu Val Leu Met

35 40 45

Leu Leu Arg Ser Gln Arg Leu Gly Gln Gln Pro Leu Pro Arg Arg Pro

50 55 60

Gly His Asp Asp Gly Gln Arg Pro Ser Gly Gly Ala Ala Ala Ala Pro

65 70 75 80

Arg Arg Gly Ala Gln Leu Arg Arg Pro Arg His Ser His Pro Thr Arg

85 90 95

Ala Arg Arg Cys Pro Gly Gly Leu Pro Gly His Ala Gly Gly Ala Ala

100 105 110

Pro Gly Arg Gly Ala Ala Gly Arg Ala Arg Cys Leu Gly Pro Ser Ala

115 120 125

Arg Gly Pro Gly

130

<210> 292

<211> 702

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CEA_Homo_sapiens_NP_004354

<400> 292

Met Glu Ser Pro Ser Ala Pro Pro His Arg Trp Cys Ile Pro Trp Gln
1 5 10 15

Arg Leu Leu Leu Thr Ala Ser Leu Leu Thr Phe Trp Asn Pro Pro Thr
20 25 30

Thr Ala Lys Leu Thr Ile Glu Ser Thr Pro Phe Asn Val Ala Glu Gly
35 40 45

Lys Glu Val Leu Leu Leu Val His Asn Leu Pro Gln His Leu Phe Gly
50 55 60

Tyr Ser Trp Tyr Lys Gly Glu Arg Val Asp Gly Asn Arg Gln Ile Ile
65 70 75 80

Gly Tyr Val Ile Gly Thr Gln Gln Ala Thr Pro Gly Pro Ala Tyr Ser
85 90 95

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

Ile Gln Asn Asp Thr Gly Phe Tyr Thr Leu His Val Ile Lys Ser Asp
115 120 125

Leu Val Asn Glu Glu Ala Thr Gly Gln Phe Arg Val Tyr Pro Glu Leu
130 135 140

Pro Lys Pro Ser Ile Ser Ser Asn Asn Ser Lys Pro Val Glu Asp Lys
145 150 155 160

Asp Ala Val Ala Phe Thr Cys Glu Pro Glu Thr Gln Asp Ala Thr Tyr
165 170 175

Leu Trp Trp Val Asn Asn Gln Ser Leu Pro Val Ser Pro Arg Leu Gln
180 185 190

Leu Ser Asn Gly Asn Arg Thr Leu Thr Leu Phe Asn Val Thr Arg Asn
195 200 205

Asp Thr Ala Ser Tyr Lys Cys Glu Thr Gln Asn Pro Val Ser Ala Arg

210 215 220

Arg Ser Asp Ser Val Ile Leu Asn Val Leu Tyr Gly Pro Asp Ala Pro

225 230 235 240

Thr Ile Ser Pro Leu Asn Thr Ser Tyr Arg Ser Gly Glu Asn Leu Asn

245 250 255

Leu Ser Cys His Ala Ala Ser Asn Pro Pro Ala Gln Tyr Ser Trp Phe

260 265 270

Val Asn Gly Thr Phe Gln Gln Ser Thr Gln Glu Leu Phe Ile Pro Asn

275 280 285

Ile Thr Val Asn Asn Ser Gly Ser Tyr Thr Cys Gln Ala His Asn Ser

290 295 300

Asp Thr Gly Leu Asn Arg Thr Thr Val Thr Thr Ile Thr Val Tyr Ala

305 310 315 320

Glu Pro Pro Lys Pro Phe Ile Thr Ser Asn Asn Ser Asn Pro Val Glu

325 330 335

Asp Glu Asp Ala Val Ala Leu Thr Cys Glu Pro Glu Ile Gln Asn Thr

340 345 350

Thr Tyr Leu Trp Trp Val Asn Asn Gln Ser Leu Pro Val Ser Pro Arg

355 360 365

Leu Gln Leu Ser Asn Asp Asn Arg Thr Leu Thr Leu Leu Ser Val Thr

370 375 380

Arg Asn Asp Val Gly Pro Tyr Glu Cys Gly Ile Gln Asn Glu Leu Ser

385 390 395 400

Val Asp His Ser Asp Pro Val Ile Leu Asn Val Leu Tyr Gly Pro Asp

405 410 415

Asp Pro Thr Ile Ser Pro Ser Tyr Thr Tyr Tyr Arg Pro Gly Val Asn

420 425 430

Leu Ser Leu Ser Cys His Ala Ala Ser Asn Pro Pro Ala Gln Tyr Ser

435 440 445

Trp Leu Ile Asp Gly Asn Ile Gln Gln His Thr Gln Glu Leu Phe Ile

450 455 460

Ser Asn Ile Thr Glu Lys Asn Ser Gly Leu Tyr Thr Cys Gln Ala Asn
465 470 475 480
Asn Ser Ala Ser Gly His Ser Arg Thr Thr Val Lys Thr Ile Thr Val
485 490 495
Ser Ala Glu Leu Pro Lys Pro Ser Ile Ser Ser Asn Asn Ser Lys Pro
500 505 510

Val Glu Asp Lys Asp Ala Val Ala Phe Thr Cys Glu Pro Glu Ala Gln
515 520 525
Asn Thr Thr Tyr Leu Trp Trp Val Asn Gly Gln Ser Leu Pro Val Ser
530 535 540
Pro Arg Leu Gln Leu Ser Asn Gly Asn Arg Thr Leu Thr Leu Phe Asn
545 550 555 560
Val Thr Arg Asn Asp Ala Arg Ala Tyr Val Cys Gly Ile Gln Asn Ser
565 570 575

Val Ser Ala Asn Arg Ser Asp Pro Val Thr Leu Asp Val Leu Tyr Gly
580 585 590
Pro Asp Thr Pro Ile Ile Ser Pro Pro Asp Ser Ser Tyr Leu Ser Gly
595 600 605
Ala Asn Leu Asn Leu Ser Cys His Ser Ala Ser Asn Pro Ser Pro Gln
610 615 620
Tyr Ser Trp Arg Ile Asn Gly Ile Pro Gln Gln His Thr Gln Val Leu
625 630 635 640

Phe Ile Ala Lys Ile Thr Pro Asn Asn Asn Gly Thr Tyr Ala Cys Phe
645 650 655
Val Ser Asn Leu Ala Thr Gly Arg Asn Asn Ser Ile Val Lys Ser Ile
660 665 670
Thr Val Ser Ala Ser Gly Thr Ser Pro Gly Leu Ser Ala Gly Ala Thr
675 680 685
Val Gly Ile Met Ile Gly Val Leu Val Gly Val Ala Leu Ile
690 695 700
<210> 293

<211> 344

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CEAM6__Homo_sapiens__P40199

<400> 293

Met Gly Pro Pro Ser Ala Pro Pro Cys Arg Leu His Val Pro Trp Lys
1 5 10 15

Glu Val Leu Leu Thr Ala Ser Leu Leu Thr Phe Trp Asn Pro Pro Thr
20 25 30

Thr Ala Lys Leu Thr Ile Glu Ser Thr Pro Phe Asn Val Ala Glu Gly
35 40 45

Lys Glu Val Leu Leu Leu Ala His Asn Leu Pro Gln Asn Arg Ile Gly

50 55 60

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

Gly Tyr Val Ile Gly Thr Gln Gln Ala Thr Pro Gly Pro Ala Tyr Ser
85 90 95

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

Thr Gln Asn Asp Thr Gly Phe Tyr Thr Leu Gln Val Ile Lys Ser Asp

115 120 125

Leu Val Asn Glu Glu Ala Thr Gly Gln Phe His Val Tyr Pro Glu Leu
130 135 140

Pro Lys Pro Ser Ile Ser Ser Asn Asn Ser Asn Pro Val Glu Asp Lys
145 150 155 160

Asp Ala Val Ala Phe Thr Cys Glu Pro Glu Val Gln Asn Thr Thr Tyr
165 170 175

Leu Trp Trp Val Asn Gly Gln Ser Leu Pro Val Ser Pro Arg Leu Gln

180 185 190

Leu Ser Asn Gly Asn Met Thr Leu Thr Leu Leu Ser Val Lys Arg Asn
195 200 205

Asp Ala Gly Ser Tyr Glu Cys Glu Ile Gln Asn Pro Ala Ser Ala Asn

210 215 220

Arg Ser Asp Pro Val Thr Leu Asn Val Leu Tyr Gly Pro Asp Gly Pro

225 230 235 240

Thr Ile Ser Pro Ser Lys Ala Asn Tyr Arg Pro Gly Glu Asn Leu Asn

245 250 255

Leu Ser Cys His Ala Ala Ser Asn Pro Pro Ala Gln Tyr Ser Trp Phe

260 265 270

Ile Asn Gly Thr Phe Gln Gln Ser Thr Gln Glu Leu Phe Ile Pro Asn

275 280 285

Ile Thr Val Asn Asn Ser Gly Ser Tyr Met Cys Gln Ala His Asn Ser

290 295 300

Ala Thr Gly Leu Asn Arg Thr Thr Val Thr Met Ile Thr Val Ser Gly

305 310 315 320

Ser Ala Pro Val Leu Ser Ala Val Ala Thr Val Gly Ile Thr Ile Gly

325 330 335

Val Leu Ala Arg Val Ala Leu Ile

340

<210> 294

<211> 390

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CH3L2__Homo_sapiens__Q15782

<400> 294

Met Gly Ala Thr Thr Met Asp Gln Lys Ser Leu Trp Ala Gly Val Val

1 5 10 15

Val Leu Leu Leu Leu Gln Gly Gly Ser Ala Tyr Lys Leu Val Cys Tyr

20 25 30

Phe Thr Asn Trp Ser Gln Asp Arg Gln Glu Pro Gly Lys Phe Thr Pro

35 40 45

Glu Asn Ile Asp Pro Phe Leu Cys Ser His Leu Ile Tyr Ser Phe Ala

50 55 60

Ser Ile Glu Asn Asn Lys Val Ile Ile Lys Asp Lys Ser Glu Val Met

65 70 75 80

Leu Tyr Gln Thr Ile Asn Ser Leu Lys Thr Lys Asn Pro Lys Leu Lys

85 90 95

Ile Leu Leu Ser Ile Gly Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Lys Gly Phe His

100 105 110

Pro Met Val Asp Ser Ser Thr Ser Arg Leu Glu Phe Ile Asn Ser Ile

115 120 125

Ile Leu Phe Leu Arg Asn His Asn Phe Asp Gly Leu Asp Val Ser Trp

130 135 140

Ile Tyr Pro Asp Gln Lys Glu Asn Thr His Phe Thr Val Leu Ile His

145 150 155 160

Glu Leu Ala Glu Ala Phe Gln Lys Asp Phe Thr Lys Ser Thr Lys Glu

165 170 175

Arg Leu Leu Leu Thr Ala Gly Val Ser Ala Gly Arg Gln Met Ile Asp

180 185 190

Asn Ser Tyr Gln Val Glu Lys Leu Ala Lys Asp Leu Asp Phe Ile Asn

195 200 205

Leu Leu Ser Phe Asp Phe His Gly Ser Trp Glu Lys Pro Leu Ile Thr

210 215 220

Gly His Asn Ser Pro Leu Ser Lys Gly Trp Gln Asp Arg Gly Pro Ser

225 230 235 240

Ser Tyr Tyr Asn Val Glu Tyr Ala Val Gly Tyr Trp Ile His Lys Gly

245 250 255

Met Pro Ser Glu Lys Val Val Met Gly Ile Pro Thr Tyr Gly His Ser

260 265 270

Phe Thr Leu Ala Ser Ala Glu Thr Thr Val Gly Ala Pro Ala Ser Gly

275 280 285

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Ile Thr Glu Ser Ser Gly Phe Leu Ala Tyr

290 295 300

Tyr Glu Ile Cys Gln Phe Leu Lys Gly Ala Lys Ile Thr Arg Leu Gln

305 310 315 320

Asp Gln Gln Val Pro Tyr Ala Val Lys Gly Asn Gln Trp Val Gly Tyr
325 330 335
Asp Asp Val Lys Ser Met Glu Thr Lys Val Gln Phe Leu Lys Asn Leu

340 345 350
Asn Leu Gly Gly Ala Met Ile Trp Ser Ile Asp Met Asp Asp Phe Thr
355 360 365
Gly Lys Ser Cys Asn Gln Gly Pro Tyr Pro Leu Val Gln Ala Val Lys
370 375 380
Arg Ser Leu Gly Ser Leu
385 390
<210> 295
<211> 943
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CLCA2__Homo_sapiens__Q9UQC9
<400> 295
Met Thr Gln Arg Ser Ile Ala Gly Pro Ile Cys Asn Leu Lys Phe Val

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

65 70 75 80
Phe Phe Arg Asn Ile Lys Ile Leu Ile Pro Ala Thr Trp Lys Ala Asn
85 90 95
Asn Asn Ser Lys Ile Lys Gln Glu Ser Tyr Glu Lys Ala Asn Val Ile
100 105 110
Val Thr Asp Trp Tyr Gly Ala His Gly Asp Asp Pro Tyr Thr Leu Gln
115 120 125

Tyr Arg Gly Cys Gly Lys Glu Gly Lys Tyr Ile His Phe Thr Pro Asn

130 135 140

Phe Leu Leu Asn Asp Asn Leu Thr Ala Gly Tyr Gly Ser Arg Gly Arg

145 150 155 160

Val Phe Val His Glu Trp Ala His Leu Arg Trp Gly Val Phe Asp Glu

165 170 175

Tyr Asn Asn Asp Lys Pro Phe Tyr Ile Asn Gly Gln Asn Gln Ile Lys

180 185 190

Val Thr Arg Cys Ser Ser Asp Ile Thr Gly Ile Phe Val Cys Glu Lys

195 200 205

Gly Pro Cys Pro Gln Glu Asn Cys Ile Ile Ser Lys Leu Phe Lys Glu

210 215 220

Gly Cys Thr Phe Ile Tyr Asn Ser Thr Gln Asn Ala Thr Ala Ser Ile

225 230 235 240

Met Phe Met Gln Ser Leu Ser Ser Val Val Glu Phe Cys Asn Ala Ser

245 250 255

Thr His Asn Gln Glu Ala Pro Asn Leu Gln Asn Gln Met Cys Ser Leu

260 265 270

Arg Ser Ala Trp Asp Val Ile Thr Asp Ser Ala Asp Phe His His Ser

275 280 285

Phe Pro Met Asn Gly Thr Glu Leu Pro Pro Pro Pro Thr Phe Ser Leu

290 295 300

Val Gln Ala Gly Asp Lys Val Val Cys Leu Val Leu Asp Val Ser Ser

305 310 315 320

Lys Met Ala Glu Ala Asp Arg Leu Leu Gln Leu Gln Gln Ala Ala Glu

325 330 335

Phe Tyr Leu Met Gln Ile Val Glu Ile His Thr Phe Val Gly Ile Ala

340 345 350

Ser Phe Asp Ser Lys Gly Glu Ile Arg Ala Gln Leu His Gln Ile Asn

355 360 365

Ser Asn Asp Asp Arg Lys Leu Leu Val Ser Tyr Leu Pro Thr Thr Val

370 375 380

Ser Ala Lys Thr Asp Ile Ser Ile Cys Ser Gly Leu Lys Lys Gly Phe

385 390 395 400

Glu Val Val Glu Lys Leu Asn Gly Lys Ala Tyr Gly Ser Val Met Ile

405 410 415

Leu Val Thr Ser Gly Asp Asp Lys Leu Leu Gly Asn Cys Leu Pro Thr

420 425 430

Val Leu Ser Ser Gly Ser Thr Ile His Ser Ile Ala Leu Gly Ser Ser

435 440 445

Ala Ala Pro Asn Leu Glu Glu Leu Ser Arg Leu Thr Gly Gly Leu Lys

450 455 460

Phe Phe Val Pro Asp Ile Ser Asn Ser Asn Ser Met Ile Asp Ala Phe

465 470 475 480

Ser Arg Ile Ser Ser Gly Thr Gly Asp Ile Phe Gln Gln His Ile Gln

485 490 495

Leu Glu Ser Thr Gly Glu Asn Val Lys Pro His His Gln Leu Lys Asn

500 505 510

Thr Val Thr Val Asp Asn Thr Val Gly Asn Asp Thr Met Phe Leu Val

515 520 525

Thr Trp Gln Ala Ser Gly Pro Pro Glu Ile Ile Leu Phe Asp Pro Asp

530 535 540

Gly Arg Lys Tyr Tyr Thr Asn Asn Phe Ile Thr Asn Leu Thr Phe Arg

545 550 555 560

Thr Ala Ser Leu Trp Ile Pro Gly Thr Ala Lys Pro Gly His Trp Thr

565 570 575

Tyr Thr Leu Asn Asn Thr His His Ser Leu Gln Ala Leu Lys Val Thr

580 585 590

Val Thr Ser Arg Ala Ser Asn Ser Ala Val Pro Pro Ala Thr Val Glu

595 600 605

Ala Phe Val Glu Arg Asp Ser Leu His Phe Pro His Pro Val Met Ile

610 615 620

Tyr Ala Asn Val Lys Gln Gly Phe Tyr Pro Ile Leu Asn Ala Thr Val
625 630 635 640
Thr Ala Thr Val Glu Pro Glu Thr Gly Asp Pro Val Thr Leu Arg Leu

645 650 655
Leu Asp Asp Gly Ala Gly Ala Asp Val Ile Lys Asn Asp Gly Ile Tyr
660 665 670
Ser Arg Tyr Phe Phe Ser Phe Ala Ala Asn Gly Arg Tyr Ser Leu Lys
675 680 685
Val His Val Asn His Ser Pro Ser Ile Ser Thr Pro Ala His Ser Ile
690 695 700
Pro Gly Ser His Ala Met Tyr Val Pro Gly Tyr Thr Ala Asn Gly Asn

705 710 715 720
Ile Gln Met Asn Ala Pro Arg Lys Ser Val Gly Arg Asn Glu Glu Glu
725 730 735
Arg Lys Trp Gly Phe Ser Arg Val Ser Ser Gly Gly Ser Phe Ser Val
740 745 750
Leu Gly Val Pro Ala Gly Pro His Pro Asp Val Phe Pro Pro Cys Lys
755 760 765
Ile Ile Asp Leu Glu Ala Val Lys Val Glu Glu Glu Leu Thr Leu Ser

770 775 780
Trp Thr Ala Pro Gly Glu Asp Phe Asp Gln Gly Gln Ala Thr Ser Tyr
785 790 795 800
Glu Ile Arg Met Ser Lys Ser Leu Gln Asn Ile Gln Asp Asp Phe Asn
805 810 815
Asn Ala Ile Leu Val Asn Thr Ser Lys Arg Asn Pro Gln Gln Ala Gly
820 825 830
Ile Arg Glu Ile Phe Thr Phe Ser Pro Gln Ile Ser Thr Asn Gly Pro

835 840 845
Glu His Gln Pro Asn Gly Glu Thr His Glu Ser His Arg Ile Tyr Val
850 855 860
Ala Ile Arg Ala Met Asp Arg Asn Ser Leu Gln Ser Ala Val Ser Asn

865 870 875 880

Ile Ala Gln Ala Pro Leu Phe Ile Pro Pro Asn Ser Asp Pro Val Pro

885 890 895

Ala Arg Asp Tyr Leu Ile Leu Lys Gly Val Leu Thr Ala Met Gly Leu

900 905 910

Ile Gly Ile Ile Cys Leu Ile Ile Val Val Thr His His Thr Leu Ser

915 920 925

Arg Lys Lys Arg Ala Asp Lys Lys Glu Asn Gly Thr Lys Leu Leu

930 935 940

<210> 296

<211> 235

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CML28__Homo_sapiens__Q9NQT4

<400> 296

Met Glu Glu Glu Thr His Thr Asp Ala Lys Ile Arg Ala Glu Asn Gly

1 5 10 15

Thr Gly Ser Ser Pro Arg Gly Pro Gly Cys Ser Leu Arg His Phe Ala

20 25 30

Cys Glu Gln Asn Leu Leu Ser Arg Pro Asp Gly Ser Ala Ser Phe Leu

35 40 45

Gln Gly Asp Thr Ser Val Leu Ala Gly Val Tyr Gly Pro Ala Glu Val

50 55 60

Lys Val Ser Lys Glu Ile Phe Asn Lys Ala Thr Leu Glu Val Ile Leu

65 70 75 80

Arg Pro Lys Ile Gly Leu Pro Gly Val Ala Glu Lys Ser Arg Glu Arg

85 90 95

Leu Ile Arg Asn Thr Cys Glu Ala Val Val Leu Gly Thr Leu His Pro

100 105 110

Arg Thr Ser Ile Thr Val Val Leu Gln Val Val Ser Asp Ala Gly Ser

115 120 125

Leu Leu Ala Cys Cys Leu Asn Ala Ala Cys Met Ala Leu Val Asp Ala

130 135 140

Gly Val Pro Met Arg Ala Leu Phe Cys Gly Val Ala Cys Ala Leu Asp
145 150 155 160
Ser Asp Gly Thr Leu Val Leu Asp Pro Thr Ser Lys Gln Glu Lys Glu
165 170 175
Ala Arg Ala Val Leu Thr Phe Ala Leu Asp Ser Val Glu Arg Lys Leu
180 185 190
Leu Met Ser Ser Thr Lys Gly Leu Tyr Ser Asp Thr Glu Leu Gln Gln
195 200 205

Cys Leu Ala Ala Ala Gln Ala Ala Ser Gln His Val Phe Arg Phe Tyr
210 215 220
Arg Glu Ser Leu Gln Arg Arg Tyr Ser Lys Ser
225 230 235

<210> 297
<211> 583
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CML66__Homo_sapiens__Q96RS6
<400> 297

Met Glu Val Ala Ala Asn Cys Ser Leu Arg Val Lys Arg Pro Leu Leu
1 5 10 15
Asp Pro Arg Phe Glu Gly Tyr Lys Leu Ser Leu Glu Pro Leu Pro Cys

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

85 90 95

Lys Pro Arg Glu Val Phe Arg Leu Pro Thr Asp Leu Thr Ala Cys Asp
100 105 110
Asn Arg Leu Cys Ala Ser Ile His Phe Ser Ser Ser Thr Trp Val Thr
115 120 125
Leu Ser Asp Gly Thr Gly Arg Leu Tyr Val Ile Gly Thr Gly Glu Arg
130 135 140
Gly Asn Ser Ala Ser Glu Lys Trp Glu Ile Met Phe Asn Glu Glu Leu

145 150 155 160
Gly Asp Pro Phe Ile Ile Ile His Ser Ile Ser Leu Leu Asn Ala Glu
165 170 175
Glu His Ser Ile Ala Thr Leu Leu Leu Arg Ile Glu Lys Glu Glu Leu
180 185 190
Asp Met Lys Gly Ser Gly Phe Tyr Val Ser Leu Glu Trp Val Thr Ile
195 200 205
Ser Lys Lys Asn Gln Asp Asn Lys Lys Tyr Glu Ile Ile Lys Arg Asp

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

275 280 285
Val Thr Ile Arg Leu Pro Glu Asp Ser Thr Lys Glu Asp Ile Gln Ile
290 295 300
Gln Phe Leu Pro Asp His Ile Asn Ile Val Leu Lys Asp His Gln Phe
305 310 315 320
Leu Glu Gly Lys Leu Tyr Ser Ser Ile Asp His Glu Ser Ser Thr Trp
325 330 335
Ile Ile Lys Glu Ser Asn Ser Leu Glu Ile Ser Leu Ile Lys Lys Asn

340 345 350

Glu Gly Leu Thr Trp Pro Glu Leu Val Ile Gly Asp Lys Gln Gly Glu

355 360 365

Leu Ile Arg Asp Ser Ala Gln Cys Ala Ala Ile Ala Glu Arg Leu Met

370 375 380

His Leu Thr Ser Glu Glu Leu Asn Pro Asn Pro Asp Lys Glu Lys Pro

385 390 395 400

Pro Cys Asn Ala Gln Glu Leu Glu Glu Cys Asp Ile Phe Phe Glu Glu

405 410 415

Ser Ser Ser Leu Cys Arg Phe Asp Gly Asn Thr Leu Lys Thr Thr His

420 425 430

Val Val Asn Leu Gly Ser Asn Gln Tyr Leu Phe Ser Val Ile Val Asp

435 440 445

Pro Lys Glu Met Pro Cys Phe Cys Leu Arg His Asp Val Asp Ala Leu

450 455 460

Leu Trp Gln Pro His Ser Ser Lys Gln Asp Asp Met Trp Glu His Ile

465 470 475 480

Ala Thr Phe Asn Ala Leu Gly Tyr Val Gln Ala Ser Lys Arg Asp Lys

485 490 495

Lys Phe Phe Ala Cys Ala Pro Asn Tyr Ser Tyr Ala Ala Leu Cys Glu

500 505 510

Cys Leu Arg Arg Val Phe Ile Tyr Arg Gln Pro Ala Pro Met Ser Thr

515 520 525

Val Leu Tyr Asn Arg Lys Glu Gly Arg Gln Val Gly Gln Val Ala Lys

530 535 540

Gln Gln Val Ala Ser Leu Glu Thr Asn Asp Pro Ile Leu Gly Phe Gln

545 550 555 560

Ala Thr Asn Glu Arg Leu Phe Val Leu Thr Thr Lys Asn Leu Phe Leu

565 570 575

Ile Lys Val Asn Thr Glu Asn

580

<210> 298

<211> 520

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> COA-1/m__Homo_sapiens__Q5T124

<400> 298

Met Ser Ser Pro Leu Ala Ser Leu Ser Lys Thr Arg Lys Val Pro Leu

1 5 10 15

Pro Ser Glu Pro Met Asn Pro Gly Arg Arg Gly Ile Arg Ile Tyr Gly

20 25 30

Asp Glu Asp Glu Val Asp Met Leu Ser Asp Gly Cys Gly Ser Glu Glu

35 40 45

Lys Ile Ser Val Pro Ser Cys Tyr Gly Gly Ile Gly Ala Pro Val Ser

50 55 60

Arg Gln Val Pro Ala Ser His Asp Ser Glu Leu Met Ala Phe Met Thr

65 70 75 80

Arg Lys Leu Trp Asp Leu Glu Gln Gln Val Lys Ala Gln Thr Asp Glu

85 90 95

Ile Leu Ser Lys Asp Gln Lys Ile Ala Ala Leu Glu Asp Leu Val Gln

100 105 110

Thr Leu Arg Pro His Pro Ala Glu Ala Thr Leu Gln Arg Gln Glu Glu

115 120 125

Leu Glu Thr Met Cys Val Gln Leu Gln Arg Gln Val Arg Glu Met Glu

130 135 140

Arg Phe Leu Ser Asp Tyr Gly Leu Gln Trp Val Gly Glu Pro Met Asp

145 150 155 160

Gln Glu Asp Ser Glu Ser Lys Thr Val Ser Glu His Gly Glu Arg Asp

165 170 175

Trp Met Thr Ala Lys Lys Phe Trp Lys Pro Gly Asp Ser Leu Ala Pro

180 185 190

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

195 200 205

Glu Leu Val Val Glu Gly Asp Thr Gln Val Thr Pro Val Pro Gly Gly
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Thr Leu Glu Pro Ile Pro Leu Lys Leu Tyr Arg Asn
225 230 235 240
Gly Ile Met Met Phe Asp Gly Pro Phe Gln Pro Phe Tyr Asp Pro Ser
245 250 255
Thr Gln Arg Cys Leu Arg Asp Ile Leu Asp Gly Phe Phe Pro Ser Glu

260 265 270
Leu Gln Arg Leu Tyr Pro Asn Gly Val Pro Phe Lys Val Ser Asp Leu
275 280 285
Arg Asn Gln Val Tyr Leu Glu Asp Gly Leu Asp Pro Phe Pro Gly Glu
290 295 300
Gly Arg Val Val Gly Arg Gln Leu Met His Lys Ala Leu Asp Arg Val
305 310 315 320
Glu Glu His Pro Gly Ser Arg Met Thr Ala Glu Lys Phe Leu Asn Arg

325 330 335
Leu Pro Lys Phe Val Ile Arg Gln Gly Glu Val Ile Asp Ile Arg Gly
340 345 350
Pro Ile Arg Asp Thr Leu Gln Asn Cys Cys Pro Leu Pro Ala Arg Ile
355 360 365
Gln Glu Ile Val Val Glu Thr Pro Thr Leu Ala Ala Glu Arg Glu Arg
370 375 380
Ser Gln Glu Ser Pro Asn Thr Pro Ala Pro Pro Leu Ser Met Leu Arg

385 390 395 400
Ile Lys Ser Glu Asn Gly Glu Gln Ala Phe Leu Leu Met Met Gln Pro
405 410 415
Asp Asn Thr Ile Gly Asp Val Arg Ala Leu Leu Ala Gln Ala Arg Val
420 425 430
Met Asp Ala Ser Ala Phe Glu Ile Phe Ser Thr Phe Pro Pro Thr Leu
435 440 445
Tyr Gln Asp Asp Thr Leu Thr Leu Gln Ala Ala Gly Leu Val Pro Lys

450 455 460

Ala Ala Leu Leu Leu Arg Ala Arg Arg Ala Pro Lys Ser Ser Leu Lys
465 470 475 480

Phe Ser Pro Gly Pro Cys Pro Gly Pro Gly Pro Gly Pro Ser Pro Gly
485 490 495

Pro Gly Pro Gly Pro Ser Pro Gly Pro Gly Pro Gly Pro Ser Pro Cys
500 505 510

Pro Gly Pro Ser Pro Ser Pro Gln
515 520

<210> 299

<211> 142

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> coactosin-like_protein__Homo_sapiens__Q14019

<400> 299

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

Val Arg Asp Asp Gly Ser Ala Val Ile Trp Val Thr Phe Lys Tyr Asp
20 25 30

Gly Ser Thr Ile Val Pro Gly Glu Gln Gly Ala Glu Tyr Gln His Phe
35 40 45

Ile Gln Gln Cys Thr Asp Asp Val Arg Leu Phe Ala Phe Val Arg Phe
50 55 60

Thr Thr Gly Asp Ala Met Ser Lys Arg Ser Lys Phe Ala Leu Ile Thr
65 70 75 80

Trp Ile Gly Glu Asn Val Ser Gly Leu Gln Arg Ala Lys Thr Gly Thr
85 90 95

Asp Lys Thr Leu Val Lys Glu Val Val Gln Asn Phe Ala Lys Glu Phe
100 105 110

Val Ile Ser Asp Arg Lys Glu Leu Glu Glu Asp Phe Ile Lys Ser Glu
115 120 125

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

130 135 140

<210> 300

<211> 164

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> collagen_XXIII__Homo_sapiens__L8EAS4

<400> 300

Met Ala Thr Arg Asp Pro Trp Val Trp Met Ala Ser Pro Asp Phe Gln
1 5 10 15

Ala Arg Lys Gly Lys Arg Val His Gln Glu Thr Leu Ala Pro Gly Glu

20 25 30

Thr Lys Asp Lys Met Glu Leu Leu Gly Leu Arg Gly Pro Leu Asp Leu
35 40 45

Leu Gly Pro Gly Ala Leu Leu Ala Thr Leu Gly Lys Met Ala Pro Gly
50 55 60

Glu His Lys Ala Gln Arg Ala Pro Lys Glu Ser Pro Asp Lys Thr Ala
65 70 75 80

Arg Trp Ala Gln Arg Asp Pro Gln Gly Pro Arg Val Ser Leu Glu Tyr

85 90 95

Leu Glu Arg Arg Ala Thr Met Gly His Gln Ala Ser Leu Asp His Gln

100 105 110

Gly Pro Arg Ala Ser Gln Gly Ala Trp Gly Leu Gly Glu Arg Thr Val
115 120 125

Trp Thr Val Pro Gln Asp Arg Arg Gly Ser Leu Ala Thr Glu Ala Arg
130 135 140

Met Glu Leu Gln Gly Pro Gly Val Pro Gln Ala Ser Arg Ala Ser Arg

145 150 155 160

Glu Thr Gln Trp

<210> 301

<211> 540

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> collagen_XXIII__Homo_sapiens__Q86Y22

<400> 301

Met Gly Pro Gly Glu Arg Ala Gly Gly Gly Gly Asp Ala Gly Lys Gly
1 5 10 15

Asn Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Ser Ala Thr Thr Ala Gly
20 25 30

Ser Arg Ala Val Ser Ala Leu Cys Leu Leu Leu Ser Val Gly Ser Ala

35 40 45

Ala Ala Cys Leu Leu Leu Gly Val Gln Ala Ala Ala Leu Gln Gly Arg
50 55 60

Val Ala Ala Leu Glu Glu Glu Arg Glu Leu Leu Arg Arg Ala Gly Pro
65 70 75 80

Pro Gly Ala Leu Asp Ala Trp Ala Glu Pro His Leu Glu Arg Leu Leu
85 90 95

Arg Glu Lys Leu Asp Gly Leu Ala Lys Ile Arg Thr Ala Arg Glu Ala

100 105 110

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

Pro Gly Arg Arg Gly Asp Pro Gly Pro Pro Gly Gln Ser Gly Arg Asp
130 135 140

Gly Tyr Pro Gly Pro Leu Gly Leu Asp Gly Lys Pro Gly Leu Pro Gly
145 150 155 160

Pro Lys Gly Glu Lys Gly Ala Pro Gly Asp Phe Gly Pro Arg Gly Asp

165 170 175

Gln Gly Gln Asp Gly Ala Ala Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro
180 185 190

Gly Ala Arg Gly Pro Pro Gly Asp Thr Gly Lys Asp Gly Pro Arg Gly
195 200 205

Ala Gln Gly Pro Ala Gly Pro Lys Gly Glu Pro Gly Gln Asp Gly Glu
210 215 220

Met Gly Pro Lys Gly Pro Pro Gly Pro Lys Gly Glu Pro Gly Val Pro

225 230 235 240

Gly Lys Lys Gly Asp Asp Gly Thr Pro Ser Gln Pro Gly Pro Pro Gly

245 250 255

Pro Lys Gly Glu Pro Gly Ser Met Gly Pro Arg Gly Glu Asn Gly Val

260 265 270

Asp Gly Ala Pro Gly Pro Lys Gly Glu Pro Gly His Arg Gly Thr Asp

275 280 285

Gly Ala Ala Gly Pro Arg Gly Ala Pro Gly Leu Lys Gly Glu Gln Gly

290 295 300

Asp Thr Val Val Ile Asp Tyr Asp Gly Arg Ile Leu Asp Ala Leu Lys

305 310 315 320

Gly Pro Pro Gly Pro Gln Gly Pro Pro Gly Pro Pro Gly Ile Pro Gly

325 330 335

Ala Lys Gly Glu Leu Gly Leu Pro Gly Ala Pro Gly Ile Asp Gly Glu

340 345 350

Lys Gly Pro Lys Gly Gln Lys Gly Asp Pro Gly Glu Pro Gly Pro Ala

355 360 365

Gly Leu Lys Gly Glu Ala Gly Glu Met Gly Leu Ser Gly Leu Pro Gly

370 375 380

Ala Asp Gly Leu Lys Gly Glu Lys Gly Glu Ser Ala Ser Asp Ser Leu

385 390 395 400

Gln Glu Ser Leu Ala Gln Leu Ile Val Glu Pro Gly Pro Pro Gly Pro

405 410 415

Pro Gly Pro Pro Gly Pro Met Gly Leu Gln Gly Ile Gln Gly Pro Lys

420 425 430

Gly Leu Asp Gly Ala Lys Gly Glu Lys Gly Ala Ser Gly Glu Arg Gly

435 440 445

Pro Ser Gly Leu Pro Gly Pro Val Gly Pro Pro Gly Leu Ile Gly Leu

450 455 460

Pro Gly Thr Lys Gly Glu Lys Gly Arg Pro Gly Glu Pro Gly Leu Asp

465 470 475 480

Gly Phe Pro Gly Pro Arg Gly Glu Lys Gly Asp Arg Ser Glu Arg Gly

485 490 495

Glu Lys Gly Glu Arg Gly Val Pro Gly Arg Lys Gly Val Lys Gly Gln

500 505 510

Lys Gly Glu Pro Gly Pro Pro Gly Leu Asp Gln Pro Cys Pro Val Gly

515 520 525

Pro Asp Gly Leu Pro Val Pro Gly Cys Trp His Lys

530 535 540

<210> 302

<211> 163

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> COX-2__Homo_sapiens__Q6ZYK7

<400> 302

Met Leu Ala Arg Ala Leu Leu Leu Cys Ala Val Leu Ala Leu Ser His

1 5 10 15

Thr Ala Asn Pro Cys Cys Ser His Pro Cys Gln Asn Arg Gly Val Cys

20 25 30

Met Ser Val Gly Phe Asp Gln Tyr Lys Cys Asp Cys Thr Arg Thr Gly

35 40 45

Phe Tyr Gly Glu Asn Cys Ser Thr Pro Glu Phe Leu Thr Arg Ile Lys

50 55 60

Leu Phe Leu Lys Pro Thr Pro Asn Thr Val His Tyr Ile Leu Thr His

65 70 75 80

Phe Lys Gly Phe Trp Asn Val Val Asn Asn Ile Pro Phe Leu Arg Asn

85 90 95

Ala Ile Met Ser Tyr Val Leu Thr Ser Arg Ser His Leu Ile Asp Ser

100 105 110

Pro Pro Thr Tyr Asn Ala Asp Tyr Gly Tyr Lys Ser Trp Glu Ala Phe

115 120 125

Ser Asn Leu Ser Tyr Tyr Thr Arg Ala Leu Pro Pro Val Pro Asp Asp

130 135 140

Cys Pro Thr Pro Leu Gly Val Lys Ala Leu His Ala Ser Val Phe Gln
145 150 155 160

Asp Arg Ser

<210> 303

<211> 543

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CP1B1__Homo_sapiens__Q16678

<400> 303

Met Gly Thr Ser Leu Ser Pro Asn Asp Pro Trp Pro Leu Asn Pro Leu
1 5 10 15

Ser Ile Gln Gln Thr Thr Leu Leu Leu Leu Leu Ser Val Leu Ala Thr
20 25 30

Val His Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gln Arg Arg Arg Gln Leu Arg
35 40 45

Ser Ala Pro Pro Gly Pro Phe Ala Trp Pro Leu Ile Gly Asn Ala Ala
50 55 60

Ala Val Gly Gln Ala Ala His Leu Ser Phe Ala Arg Leu Ala Arg Arg
65 70 75 80

Tyr Gly Asp Val Phe Gln Ile Arg Leu Gly Ser Cys Pro Ile Val Val
85 90 95

Leu Asn Gly Glu Arg Ala Ile His Gln Ala Leu Val Gln Gln Gly Ser
100 105 110

Ala Phe Ala Asp Arg Pro Ala Phe Ala Ser Phe Arg Val Val Ser Gly
115 120 125

Gly Arg Ser Met Ala Phe Gly His Tyr Ser Glu His Trp Lys Val Gln
130 135 140

Arg Arg Ala Ala His Ser Met Met Arg Asn Phe Phe Thr Arg Gln Pro
145 150 155 160

Arg Ser Arg Gln Val Leu Glu Gly His Val Leu Ser Glu Ala Arg Glu
165 170 175

Leu Val Ala Leu Leu Val Arg Gly Ser Ala Asp Gly Ala Phe Leu Asp
180 185 190
Pro Arg Pro Leu Thr Val Val Ala Val Ala Asn Val Met Ser Ala Val
195 200 205

Cys Phe Gly Cys Arg Tyr Ser His Asp Asp Pro Glu Phe Arg Glu Leu
210 215 220
Leu Ser His Asn Glu Glu Phe Gly Arg Thr Val Gly Ala Gly Ser Leu
225 230 235 240
Val Asp Val Met Pro Trp Leu Gln Tyr Phe Pro Asn Pro Val Arg Thr
245 250 255
Val Phe Arg Glu Phe Glu Gln Leu Asn Arg Asn Phe Ser Asn Phe Ile
260 265 270

Leu Asp Lys Phe Leu Arg His Cys Glu Ser Leu Arg Pro Gly Ala Ala
275 280 285
Pro Arg Asp Met Met Asp Ala Phe Ile Leu Ser Ala Glu Lys Lys Ala
290 295 300
Ala Gly Asp Ser His Gly Gly Gly Ala Arg Leu Asp Leu Glu Asn Val
305 310 315 320
Pro Ala Thr Ile Thr Asp Ile Phe Gly Ala Ser Gln Asp Thr Leu Ser
325 330 335

Thr Ala Leu Gln Trp Leu Leu Leu Leu Phe Thr Arg Tyr Pro Asp Val
340 345 350
Gln Thr Arg Val Gln Ala Glu Leu Asp Gln Val Val Gly Arg Asp Arg
355 360 365
Leu Pro Cys Met Gly Asp Gln Pro Asn Leu Pro Tyr Val Leu Ala Phe
370 375 380
Leu Tyr Glu Ala Met Arg Phe Ser Ser Phe Val Pro Val Thr Ile Pro
385 390 395 400

His Ala Thr Thr Ala Asn Thr Ser Val Leu Gly Tyr His Ile Pro Lys
405 410 415
Asp Thr Val Val Phe Val Asn Gln Trp Ser Val Asn His Asp Pro Leu

420 425 430

Lys Trp Pro Asn Pro Glu Asn Phe Asp Pro Ala Arg Phe Leu Asp Lys

435 440 445

Asp Gly Leu Ile Asn Lys Asp Leu Thr Ser Arg Val Met Ile Phe Ser

450 455 460

Val Gly Lys Arg Arg Cys Ile Gly Glu Glu Leu Ser Lys Met Gln Leu

465 470 475 480

Phe Leu Phe Ile Ser Ile Leu Ala His Gln Cys Asp Phe Arg Ala Asn

485 490 495

Pro Asn Glu Pro Ala Lys Met Asn Phe Ser Tyr Gly Leu Thr Ile Lys

500 505 510

Pro Lys Ser Phe Lys Val Asn Val Thr Leu Arg Glu Ser Met Glu Leu

515 520 525

Leu Asp Ser Ala Val Gln Asn Leu Gln Ala Lys Glu Thr Cys Gln

530 535 540

<210> 304

<211> 110

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CSAG2__Homo_sapiens__Q9Y5P2-2

<400> 304

Met Trp Met Gly Leu Ile Gln Leu Val Glu Gly Val Lys Arg Lys Asp

1 5 10 15

Gln Gly Phe Leu Glu Lys Glu Phe Tyr His Lys Thr Asn Ile Lys Met

20 25 30

Arg Cys Glu Phe Leu Ala Cys Trp Pro Ala Phe Thr Val Leu Gly Glu

35 40 45

Ala Trp Arg Asp Gln Val Asp Trp Ser Arg Leu Leu Arg Asp Ala Gly

50 55 60

Leu Val Lys Met Ser Arg Lys Pro Arg Ala Ser Ser Pro Leu Ser Asn

65 70 75 80

Asn His Pro Pro Thr Pro Lys Arg Phe Pro Arg Gln Pro Gly Arg Glu

85 90 95

Lys Gly Pro Ile Lys Glu Val Pro Gly Thr Lys Gly Ser Pro

100 105 110

<210> 305

<211> 127

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CSAG2__Homo_sapiens__Q9Y5P2

<400> 305

Met Trp Met Gly Leu Ile Gln Leu Val Glu Gly Val Lys Arg Lys Asp

1 5 10 15

Gln Gly Phe Leu Glu Lys Glu Phe Tyr His Lys Thr Asn Ile Lys Met

20 25 30

Arg Cys Glu Phe Leu Ala Cys Trp Pro Ala Phe Thr Val Leu Gly Glu

35 40 45

Ala Trp Arg Asp Gln Val Asp Trp Ser Arg Leu Leu Arg Asp Ala Gly

50 55 60

Leu Val Lys Met Ser Arg Lys Pro Arg Ala Ser Ser Pro Leu Ser Asn

65 70 75 80

Asn His Pro Pro Thr Pro Lys Arg Arg Gly Ser Gly Arg His Pro Leu

85 90 95

Asn Pro Gly Pro Glu Ala Leu Ser Lys Phe Pro Arg Gln Pro Gly Arg

100 105 110

Glu Lys Gly Pro Ile Lys Glu Val Pro Gly Thr Lys Gly Ser Pro

115 120 125

<210> 306

<211> 189

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CT45A1__Homo_sapiens__Q5HYN5

<400> 306

Met Thr Asp Lys Thr Glu Lys Val Ala Val Asp Pro Glu Thr Val Phe

1 5 10 15

Lys Arg Pro Arg Glu Cys Asp Ser Pro Ser Tyr Gln Lys Arg Gln Arg

20 25 30

Met Ala Leu Leu Ala Arg Lys Gln Gly Ala Gly Asp Ser Leu Ile Ala

35 40 45

Gly Ser Ala Met Ser Lys Ala Lys Lys Leu Met Thr Gly His Ala Ile

50 55 60

Pro Pro Ser Gln Leu Asp Ser Gln Ile Asp Asp Phe Thr Gly Phe Ser

65 70 75 80

Lys Asp Arg Met Met Gln Lys Pro Gly Ser Asn Ala Pro Val Gly Gly

85 90 95

Asn Val Thr Ser Ser Phe Ser Gly Asp Asp Leu Glu Cys Arg Glu Thr

100 105 110

Ala Ser Ser Pro Lys Ser Gln Arg Glu Ile Asn Ala Asp Ile Lys Arg

115 120 125

Lys Leu Val Lys Glu Leu Arg Cys Val Gly Gln Lys Tyr Glu Lys Ile

130 135 140

Phe Glu Met Leu Glu Gly Val Gln Gly Pro Thr Ala Val Arg Lys Arg

145 150 155 160

Phe Phe Glu Ser Ile Ile Lys Glu Ala Ala Arg Cys Met Arg Arg Asp

165 170 175

Phe Val Lys His Leu Lys Lys Lys Leu Lys Arg Met Ile

180 185

<210> 307

<211> 264

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CT55__Homo_sapiens__Q8WUE5

<400> 307

Met Leu Arg Leu Leu Arg Leu Ala Leu Ala Phe Tyr Gly Arg Thr Ala

1 5 10 15

Asp Pro Ala Glu Arg Gln Gly Pro Gln Gln Gln Gly Leu Pro Gln Gly

20 25 30

Asp Thr Gln Leu Thr Thr Val Gln Gly Val Val Thr Ser Phe Cys Gly

35 40 45

Asp Tyr Gly Met Ile Asp Glu Ser Ile Tyr Phe Ser Ser Asp Val Val

50 55 60

Thr Gly Asn Val Pro Leu Lys Val Gly Gln Lys Val Asn Val Val Val

65 70 75 80

Glu Glu Asp Lys Pro His Tyr Gly Leu Arg Ala Ile Lys Val Asp Val

85 90 95

Val Pro Arg His Leu Tyr Gly Ala Gly Pro Ser Asp Ser Gly Thr Arg

100 105 110

Val Leu Ile Gly Cys Val Thr Ser Ile Asn Glu Asp Asn Ile Tyr Ile

115 120 125

Ser Asn Ser Ile Tyr Phe Ser Ile Ala Ile Val Ser Glu Asp Phe Val

130 135 140

Pro Tyr Lys Gly Asp Leu Leu Glu Val Glu Tyr Ser Thr Glu Pro Gly

145 150 155 160

Ile Ser Asn Ile Lys Ala Thr Ser Val Lys Pro Ile Arg Cys Ile His

165 170 175

Thr Glu Glu Val Cys Ile Thr Ser Val His Gly Arg Asn Gly Val Ile

180 185 190

Asp Tyr Thr Ile Phe Phe Thr Leu Asp Ser Val Lys Leu Pro Asp Gly

195 200 205

Tyr Val Pro Gln Val Asp Asp Ile Val Asn Val Val Met Val Glu Ser

210 215 220

Ile Gln Phe Cys Phe Ile Trp Arg Ala Ile Ser Ile Thr Pro Val His

225 230 235 240

Lys Ser Ser Ser Gly Phe Gln Asp Asp Gly Gly Leu Gly Arg Pro Lys

245 250 255

Arg Glu Arg Arg Ser Gln Ser Ile

260

<210> 308

<211> 947

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CT-_9/BRD6__Homo_sapiens__Q58F21

<400> 308

Met Ser Leu Pro Ser Arg Gln Thr Ala Ile Ile Val Asn Pro Pro Pro

1 5 10 15

Pro Glu Tyr Ile Asn Thr Lys Lys Asn Gly Arg Leu Thr Asn Gln Leu

20 25 30

Gln Tyr Leu Gln Lys Val Val Leu Lys Asp Leu Trp Lys His Ser Phe

35 40 45

Ser Trp Pro Phe Gln Arg Pro Val Asp Ala Val Lys Leu Gln Leu Pro

50 55 60

Asp Tyr Tyr Thr Ile Ile Lys Asn Pro Met Asp Leu Asn Thr Ile Lys

65 70 75 80

Lys Arg Leu Glu Asn Lys Tyr Tyr Ala Lys Ala Ser Glu Cys Ile Glu

85 90 95

Asp Phe Asn Thr Met Phe Ser Asn Cys Tyr Leu Tyr Asn Lys Pro Gly

100 105 110

Asp Asp Ile Val Leu Met Ala Gln Ala Leu Glu Lys Leu Phe Met Gln

115 120 125

Lys Leu Ser Gln Met Pro Gln Glu Glu Gln Val Val Gly Val Lys Glu

130 135 140

Arg Ile Lys Lys Gly Thr Gln Gln Asn Ile Ala Val Ser Ser Ala Lys

145 150 155 160

Glu Lys Ser Ser Pro Ser Ala Thr Glu Lys Val Phe Lys Gln Gln Glu

165 170 175

Ile Pro Ser Val Phe Pro Lys Thr Ser Ile Ser Pro Leu Asn Val Val

180 185 190

Gln Gly Ala Ser Val Asn Ser Ser Ser Gln Thr Ala Ala Gln Val Thr

195 200 205

Lys Gly Val Lys Arg Lys Ala Asp Thr Thr Thr Pro Ala Thr Ser Ala

210 215 220

Val Lys Ala Ser Ser Glu Phe Ser Pro Thr Phe Thr Glu Lys Ser Val

225 230 235 240

Ala Leu Pro Pro Ile Lys Glu Asn Met Pro Lys Asn Val Leu Pro Asp

245 250 255

Ser Gln Gln Gln Tyr Asn Val Val Lys Thr Val Lys Val Thr Glu Gln

260 265 270

Leu Arg His Cys Ser Glu Ile Leu Lys Glu Met Leu Ala Lys Lys His

275 280 285

Phe Ser Tyr Ala Trp Pro Phe Tyr Asn Pro Val Asp Val Asn Ala Leu

290 295 300

Gly Leu His Asn Tyr Tyr Asp Val Val Lys Asn Pro Met Asp Leu Gly

305 310 315 320

Thr Ile Lys Glu Lys Met Asp Asn Gln Glu Tyr Lys Asp Ala Tyr Lys

325 330 335

Phe Ala Ala Asp Val Arg Leu Met Phe Met Asn Cys Tyr Lys Tyr Asn

340 345 350

Pro Pro Asp His Glu Val Val Thr Met Ala Arg Met Leu Gln Asp Val

355 360 365

Phe Glu Thr His Phe Ser Lys Ile Pro Ile Glu Pro Val Glu Ser Met

370 375 380

Pro Leu Cys Tyr Ile Lys Thr Asp Ile Thr Glu Thr Thr Gly Arg Glu

385 390 395 400

Asn Thr Asn Glu Ala Ser Ser Glu Gly Asn Ser Ser Asp Asp Ser Glu

405 410 415

Asp Glu Arg Val Lys Arg Leu Ala Lys Leu Gln Glu Gln Leu Lys Ala

420 425 430

Val His Gln Gln Leu Gln Val Leu Ser Gln Val Pro Phe Arg Lys Leu

435 440 445

Asn Lys Lys Lys Glu Lys Ser Lys Lys Glu Lys Lys Lys Glu Lys Val

450 455 460

Asn Asn Ser Asn Glu Asn Pro Arg Lys Met Cys Glu Gln Met Arg Leu

465 470 475 480

Lys Glu Lys Ser Lys Arg Asn Gln Pro Lys Lys Arg Lys Gln Gln Phe

485 490 495

Ile Gly Leu Lys Ser Glu Asp Glu Asp Asn Ala Lys Pro Met Asn Tyr

500 505 510

Asp Glu Lys Arg Gln Leu Ser Leu Asn Ile Asn Lys Leu Pro Gly Asp

515 520 525

Lys Leu Gly Arg Val Val His Ile Ile Gln Ser Arg Glu Pro Ser Leu

530 535 540

Ser Asn Ser Asn Pro Asp Glu Ile Glu Ile Asp Phe Glu Thr Leu Lys

545 550 555 560

Ala Ser Thr Leu Arg Glu Leu Glu Lys Tyr Val Ser Ala Cys Leu Arg

565 570 575

Lys Arg Pro Leu Lys Pro Pro Ala Lys Lys Ile Met Met Ser Lys Glu

580 585 590

Glu Leu His Ser Gln Lys Lys Gln Glu Leu Glu Lys Arg Leu Leu Asp

595 600 605

Val Asn Asn Gln Leu Asn Ser Arg Lys Arg Gln Thr Lys Ser Asp Lys

610 615 620

Thr Gln Pro Ser Lys Ala Val Glu Asn Val Ser Arg Leu Ser Glu Ser

625 630 635 640

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Glu Ser Glu Ser Ser Ser Ser Asp

645 650 655

Leu Ser Ser Ser Asp Ser Ser Asp Ser Glu Ser Glu Met Phe Pro Lys

660 665 670

Phe Thr Glu Val Lys Pro Asn Asp Ser Pro Ser Lys Glu Asn Val Lys

675 680 685

Lys Met Lys Asn Glu Cys Ile Pro Pro Glu Gly Arg Thr Gly Val Thr

690 695 700

Gln Ile Gly Tyr Cys Val Gln Asp Thr Thr Ser Ala Asn Thr Thr Leu

705 710 715 720

Val His Gln Thr Thr Pro Ser His Val Met Pro Pro Asn His His Gln

725 730 735

Leu Ala Phe Asn Tyr Gln Glu Leu Glu His Leu Gln Thr Val Lys Asn

740 745 750

Ile Ser Pro Leu Gln Ile Leu Pro Pro Ser Gly Asp Ser Glu Gln Leu

755 760 765

Ser Asn Gly Ile Thr Val Met His Pro Ser Gly Asp Ser Asp Thr Thr

770 775 780

Met Leu Glu Ser Glu Cys Gln Ala Pro Val Gln Lys Asp Ile Lys Ile

785 790 795 800

Lys Asn Ala Asp Ser Trp Lys Ser Leu Gly Lys Pro Val Lys Pro Ser

805 810 815

Gly Val Met Lys Ser Ser Asp Glu Leu Phe Asn Gln Phe Arg Lys Ala

820 825 830

Ala Ile Glu Lys Glu Val Lys Ala Arg Thr Gln Glu Leu Ile Arg Lys

835 840 845

His Leu Glu Gln Asn Thr Lys Glu Leu Lys Ala Ser Gln Glu Asn Gln

850 855 860

Arg Asp Leu Gly Asn Gly Leu Thr Val Glu Ser Phe Ser Asn Lys Ile

865 870 875 880

Gln Asn Lys Cys Ser Gly Glu Glu Gln Lys Glu His Gln Gln Ser Ser

885 890 895

Glu Ala Gln Asp Lys Ser Lys Leu Trp Leu Leu Lys Asp Arg Asp Leu

900 905 910

Ala Arg Gln Lys Glu Gln Glu Arg Arg Arg Arg Glu Ala Met Val Gly

915 920 925

Thr Ile Asp Met Thr Leu Gln Ser Asp Ile Met Thr Met Phe Glu Asn

930 935 940

Asn Phe Asp

945

<210> 309

<211> 180

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CTAG2_Isoform_LAGE-1A__Homo_sapiens__O75638-2

<400> 309

Met Gln Ala Glu Gly Arg Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gly Asp Ala Asp

1 5 10 15

Gly Pro Gly Gly Pro Gly Ile Pro Asp Gly Pro Gly Gly Asn Ala Gly

20 25 30

Gly Pro Gly Glu Ala Gly Ala Thr Gly Gly Arg Gly Pro Arg Gly Ala

35 40 45

Gly Ala Ala Arg Ala Ser Gly Pro Arg Gly Gly Ala Pro Arg Gly Pro

50 55 60

His Gly Gly Ala Ala Ser Ala Gln Asp Gly Arg Cys Pro Cys Gly Ala

65 70 75 80

Arg Arg Pro Asp Ser Arg Leu Leu Glu Leu His Ile Thr Met Pro Phe

85 90 95

Ser Ser Pro Met Glu Ala Glu Leu Val Arg Arg Ile Leu Ser Arg Asp

100 105 110

Ala Ala Pro Leu Pro Arg Pro Gly Ala Val Leu Lys Asp Phe Thr Val

115 120 125

Ser Gly Asn Leu Leu Phe Ile Arg Leu Thr Ala Ala Asp His Arg Gln

130 135 140

Leu Gln Leu Ser Ile Ser Ser Cys Leu Gln Gln Leu Ser Leu Leu Met

145 150 155 160

Trp Ile Thr Gln Cys Phe Leu Pro Val Phe Leu Ala Gln Ala Pro Ser

165 170 175

Gly Gln Arg Arg

180

<210> 310

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CTAG2_Isoform_LAGE-1B__Homo_sapiens__O75638

<400> 310

Met Gln Ala Glu Gly Gln Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gly Asp Ala Asp

1 5 10 15

Gly Pro Gly Gly Pro Gly Ile Pro Asp Gly Pro Gly Gly Asn Ala Gly

20 25 30

Gly Pro Gly Glu Ala Gly Ala Thr Gly Gly Arg Gly Pro Arg Gly Ala

35 40 45

Gly Ala Ala Arg Ala Ser Gly Pro Arg Gly Gly Ala Pro Arg Gly Pro

50 55 60

His Gly Gly Ala Ala Ser Ala Gln Asp Gly Arg Cys Pro Cys Gly Ala

65 70 75 80

Arg Arg Pro Asp Ser Arg Leu Leu Gln Leu His Ile Thr Met Pro Phe

85 90 95

Ser Ser Pro Met Glu Ala Glu Leu Val Arg Arg Ile Leu Ser Arg Asp

100 105 110

Ala Ala Pro Leu Pro Arg Pro Gly Ala Val Leu Lys Asp Phe Thr Val

115 120 125

Ser Gly Asn Leu Leu Phe Met Ser Val Arg Asp Gln Asp Arg Glu Gly

130 135 140

Ala Gly Arg Met Arg Val Val Gly Trp Gly Leu Gly Ser Ala Ser Pro

145 150 155 160

Glu Gly Gln Lys Ala Arg Asp Leu Arg Thr Pro Lys His Lys Val Ser

165 170 175

Glu Gln Arg Pro Gly Thr Pro Gly Pro Pro Pro Pro Glu Gly Ala Gln

180 185 190

Gly Asp Gly Cys Arg Gly Val Ala Phe Asn Val Met Phe Ser Ala Pro

195 200 205

His Ile

210

<210> 311

<211> 663

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CTCFL__Homo_sapiens__Q8NI51

<400> 311

Met Ala Ala Thr Glu Ile Ser Val Leu Ser Glu Gln Phe Thr Lys Ile

1 5 10 15

Lys Glu Leu Glu Leu Met Pro Glu Lys Gly Leu Lys Glu Glu Glu Lys

20 25 30

Asp Gly Val Cys Arg Glu Lys Asp His Arg Ser Pro Ser Glu Leu Glu

35 40 45

Ala Glu Arg Thr Ser Gly Ala Phe Gln Asp Ser Val Leu Glu Glu Glu

50 55 60

Val Glu Leu Val Leu Ala Pro Ser Glu Glu Ser Glu Lys Tyr Ile Leu

65 70 75 80

Thr Leu Gln Thr Val His Phe Thr Ser Glu Ala Val Glu Leu Gln Asp

85 90 95

Met Ser Leu Leu Ser Ile Gln Gln Gln Glu Gly Val Gln Val Val Val

100 105 110

Gln Gln Pro Gly Pro Gly Leu Leu Trp Leu Glu Glu Gly Pro Arg Gln

115 120 125

Ser Leu Gln Gln Cys Val Ala Ile Ser Ile Gln Gln Glu Leu Tyr Ser

130 135 140

Pro Gln Glu Met Glu Val Leu Gln Phe His Ala Leu Glu Glu Asn Val

145 150 155 160

Met Val Ala Ser Glu Asp Ser Lys Leu Ala Val Ser Leu Ala Glu Thr

165 170 175

Thr Gly Leu Ile Lys Leu Glu Glu Glu Gln Glu Lys Asn Gln Leu Leu

180 185 190

Ala Glu Arg Thr Lys Glu Gln Leu Phe Phe Val Glu Thr Met Ser Gly

195 200 205

Asp Glu Arg Ser Asp Glu Ile Val Leu Thr Val Ser Asn Ser Asn Val

210 215 220

Glu Glu Gln Glu Asp Gln Pro Thr Ala Gly Gln Ala Asp Ala Glu Lys

225 230 235 240

Ala Lys Ser Thr Lys Asn Gln Arg Lys Thr Lys Gly Ala Lys Gly Thr

245 250 255

Phe His Cys Asp Val Cys Met Phe Thr Ser Ser Arg Met Ser Ser Phe

260 265 270

Asn Arg His Met Lys Thr His Thr Ser Glu Lys Pro His Leu Cys His

275 280 285

Leu Cys Leu Lys Thr Phe Arg Thr Val Thr Leu Leu Arg Asn His Val

290 295 300

Asn Thr His Thr Gly Thr Arg Pro Tyr Lys Cys Asn Asp Cys Asn Met

305 310 315 320

Ala Phe Val Thr Ser Gly Glu Leu Val Arg His Arg Arg Tyr Lys His

325 330 335

Thr His Glu Lys Pro Phe Lys Cys Ser Met Cys Lys Tyr Ala Ser Val

340 345 350

Glu Ala Ser Lys Leu Lys Arg His Val Arg Ser His Thr Gly Glu Arg

355 360 365

Pro Phe Gln Cys Cys Gln Cys Ser Tyr Ala Ser Arg Asp Thr Tyr Lys

370 375 380

Leu Lys Arg His Met Arg Thr His Ser Gly Glu Lys Pro Tyr Glu Cys

385 390 395 400

His Ile Cys His Thr Arg Phe Thr Gln Ser Gly Thr Met Lys Ile His

405 410 415

Ile Leu Gln Lys His Gly Glu Asn Val Pro Lys Tyr Gln Cys Pro His

420 425 430

Cys Ala Thr Ile Ile Ala Arg Lys Ser Asp Leu Arg Val His Met Arg

435 440 445

Asn Leu His Ala Tyr Ser Ala Ala Glu Leu Lys Cys Arg Tyr Cys Ser

450 455 460

Ala Val Phe His Glu Arg Tyr Ala Leu Ile Gln His Gln Lys Thr His

465 470 475 480

Lys Asn Glu Lys Arg Phe Lys Cys Lys His Cys Ser Tyr Ala Cys Lys

485 490 495

Gln Glu Arg His Met Thr Ala His Ile Arg Thr His Thr Gly Glu Lys

500 505 510

Pro Phe Thr Cys Leu Ser Cys Asn Lys Cys Phe Arg Gln Lys Gln Leu

515 520 525

Leu Asn Ala His Phe Arg Lys Tyr His Asp Ala Asn Phe Ile Pro Thr

530 535 540

Val Tyr Lys Cys Ser Lys Cys Gly Lys Gly Phe Ser Arg Trp Ile Asn

545 550 555 560

Leu His Arg His Ser Glu Lys Cys Gly Ser Gly Glu Ala Lys Ser Ala

565 570 575

Ala Ser Gly Lys Gly Arg Arg Thr Arg Lys Arg Lys Gln Thr Ile Leu

580 585 590

Lys Glu Ala Thr Lys Gly Gln Lys Glu Ala Ala Lys Gly Trp Lys Glu

595 600 605

Ala Ala Asn Gly Asp Glu Ala Ala Ala Glu Glu Ala Ser Thr Thr Lys

610 615 620

Gly Glu Gln Phe Pro Gly Glu Met Phe Pro Val Ala Cys Arg Glu Thr

625 630 635 640

Thr Ala Arg Val Lys Glu Glu Val Asp Glu Gly Val Thr Cys Glu Met

645 650 655

Leu Leu Asn Thr Met Asp Lys

660

<210> 312

<211> 715

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Cten__Homo_sapiens__Q8IZW8

<400> 312

Met Ser Gln Val Met Ser Ser Pro Leu Leu Ala Gly Gly His Ala Val

1 5 10 15

Ser Leu Ala Pro Cys Asp Glu Pro Arg Arg Thr Leu His Pro Ala Pro

20 25 30

Ser Pro Ser Leu Pro Pro Gln Cys Ser Tyr Tyr Thr Thr Glu Gly Trp

35 40 45

Gly Ala Gln Ala Leu Met Ala Pro Val Pro Cys Met Gly Pro Pro Gly

50 55 60

Arg Leu Gln Gln Ala Pro Gln Val Glu Ala Lys Ala Thr Cys Phe Leu

65 70 75 80

Pro Ser Pro Gly Glu Lys Ala Leu Gly Thr Pro Glu Asp Leu Asp Ser

85 90 95

Tyr Ile Asp Phe Ser Leu Glu Ser Leu Asn Gln Met Ile Leu Glu Leu

100 105 110

Asp Pro Thr Phe Gln Leu Leu Pro Pro Gly Thr Gly Gly Ser Gln Ala

115 120 125

Glu Leu Ala Gln Ser Thr Met Ser Met Arg Lys Lys Glu Glu Ser Glu

130 135 140

Ala Leu Asp Ile Lys Tyr Ile Glu Val Thr Ser Ala Arg Ser Arg Cys

145 150 155 160

His Asp Gly Pro Gln His Cys Ser Ser Pro Ser Val Thr Pro Pro Phe

165 170 175

Gly Ser Leu Arg Ser Gly Gly Leu Leu Leu Ser Arg Asp Val Pro Arg

180 185 190

Glu Thr Arg Ser Ser Ser Glu Ser Leu Ile Phe Ser Gly Asn Gln Gly

195 200 205

Arg Gly His Gln Arg Pro Leu Pro Pro Ser Glu Gly Leu Ser Pro Arg

210 215 220

Pro Pro Asn Ser Pro Ser Ile Ser Ile Pro Cys Met Gly Ser Lys Ala

225 230 235 240

Ser Ser Pro His Gly Leu Gly Ser Pro Leu Val Ala Ser Pro Arg Leu

245 250 255

Glu Lys Arg Leu Gly Gly Leu Ala Pro Gln Arg Gly Ser Arg Ile Ser

260 265 270

Val Leu Ser Ala Ser Pro Val Ser Asp Val Ser Tyr Met Phe Gly Ser

275 280 285

Ser Gln Ser Leu Leu His Ser Ser Asn Ser Ser His Gln Ser Ser Ser

290 295 300

Arg Ser Leu Glu Ser Pro Ala Asn Ser Ser Ser Ser Leu His Ser Leu

305 310 315 320

Gly Ser Val Ser Leu Cys Thr Arg Pro Ser Asp Phe Gln Ala Pro Arg

325 330 335

Asn Pro Thr Leu Thr Met Gly Gln Pro Arg Thr Pro His Ser Pro Pro

340 345 350

Leu Ala Lys Glu His Ala Ser Ser Cys Pro Pro Ser Ile Thr Asn Ser

355 360 365

Met Val Asp Ile Pro Ile Val Leu Ile Asn Gly Cys Pro Glu Pro Gly

370 375 380

Ser Ser Pro Pro Gln Arg Thr Pro Gly His Gln Asn Ser Val Gln Pro

385 390 395 400

Gly Ala Ala Ser Pro Ser Asn Pro Cys Pro Ala Thr Arg Ser Asn Ser

405 410 415

Gln Thr Leu Ser Asp Ala Pro Phe Thr Thr Cys Pro Glu Gly Pro Ala

420 425 430

Arg Asp Met Gln Pro Thr Met Lys Phe Val Met Asp Thr Ser Lys Tyr

435 440 445

Trp Phe Lys Pro Asn Ile Thr Arg Glu Gln Ala Ile Glu Leu Leu Arg

450 455 460

Lys Glu Glu Pro Gly Ala Phe Val Ile Arg Asp Ser Ser Ser Tyr Arg

465 470 475 480

Gly Ser Phe Gly Leu Ala Leu Lys Val Gln Glu Val Pro Ala Ser Ala

485 490 495

Gln Ser Arg Pro Gly Glu Asp Ser Asn Asp Leu Ile Arg His Phe Leu

500 505 510

Ile Glu Ser Ser Ala Lys Gly Val His Leu Lys Gly Ala Asp Glu Glu

515 520 525

Pro Tyr Phe Gly Ser Leu Ser Ala Phe Val Cys Gln His Ser Ile Met

530 535 540

Ala Leu Ala Leu Pro Cys Lys Leu Thr Ile Pro Gln Arg Glu Leu Gly

545 550 555 560

Gly Ala Asp Gly Ala Ser Asp Ser Thr Asp Ser Pro Ala Ser Cys Gln

565 570 575

Lys Lys Ser Ala Gly Cys His Thr Leu Tyr Leu Ser Ser Val Ser Val

580 585 590

Glu Thr Leu Thr Gly Ala Leu Ala Val Gln Lys Ala Ile Ser Thr Thr

595 600 605

Phe Glu Arg Asp Ile Leu Pro Thr Pro Thr Val Val His Phe Lys Val

610 615 620

Thr Glu Gln Gly Ile Thr Leu Thr Asp Val Gln Arg Lys Val Phe Phe

625 630 635 640

Arg Arg His Tyr Pro Leu Thr Thr Leu Arg Phe Cys Gly Met Asp Pro

645 650 655

Glu Gln Arg Lys Trp Gln Lys Tyr Cys Lys Pro Ser Trp Ile Phe Gly

660 665 670

Phe Val Ala Lys Ser Gln Thr Glu Pro Gln Glu Asn Val Cys His Leu

675 680 685

Phe Ala Glu Tyr Asp Met Val Gln Pro Ala Ser Gln Val Ile Gly Leu
690 695 700

Val Thr Ala Leu Leu Gln Asp Ala Glu Arg Met
705 710 715

<210> 313
<211> 433
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> cyclin_B1__Homo_sapiens__P14635
<400> 313

Met Ala Leu Arg Val Thr Arg Asn Ser Lys Ile Asn Ala Glu Asn Lys
1 5 10 15

Ala Lys Ile Asn Met Ala Gly Ala Lys Arg Val Pro Thr Ala Pro Ala
20 25 30

Ala Thr Ser Lys Pro Gly Leu Arg Pro Arg Thr Ala Leu Gly Asp Ile
35 40 45

Gly Asn Lys Val Ser Glu Gln Leu Gln Ala Lys Met Pro Met Lys Lys
50 55 60

Glu Ala Lys Pro Ser Ala Thr Gly Lys Val Ile Asp Lys Lys Leu Pro
65 70 75 80

Lys Pro Leu Glu Lys Val Pro Met Leu Val Pro Val Pro Val Ser Glu
85 90 95

Pro Val Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Val Lys Glu
100 105 110

Glu Lys Leu Ser Pro Glu Pro Ile Leu Val Asp Thr Ala Ser Pro Ser
115 120 125

Pro Met Glu Thr Ser Gly Cys Ala Pro Ala Glu Glu Asp Leu Cys Gln
130 135 140

Ala Phe Ser Asp Val Ile Leu Ala Val Asn Asp Val Asp Ala Glu Asp
145 150 155 160

Gly Ala Asp Pro Asn Leu Cys Ser Glu Tyr Val Lys Asp Ile Tyr Ala

165 170 175

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

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

Phe Leu Arg Arg Ala Ser Lys Ile Gly Glu Val Asp Val Glu Gln His
305 310 315 320
Thr Leu Ala Lys Tyr Leu Met Glu Leu Thr Met Leu Asp Tyr Asp Met
325 330 335
Val His Phe Pro Pro Ser Gln Ile Ala Ala Gly Ala Phe Cys Leu Ala
340 345 350
Leu Lys Ile Leu Asp Asn Gly Glu Trp Thr Pro Thr Leu Gln His Tyr
355 360 365

Leu Ser Tyr Thr Glu Glu Ser Leu Leu Pro Val Met Gln His Leu Ala
370 375 380
Lys Asn Val Val Met Val Asn Gln Gly Leu Thr Lys His Met Thr Val
385 390 395 400
Lys Asn Lys Tyr Ala Thr Ser Lys His Ala Lys Ile Ser Thr Leu Pro
405 410 415

Gln Leu Asn Ser Ala Leu Val Gln Asp Leu Ala Lys Ala Val Ala Lys
420 425 430

Val

<210> 314

<211> 295

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> cyclin_D1__Homo_sapiens__P24385

<400> 314

Met Glu His Gln Leu Leu Cys Cys Glu Val Glu Thr Ile Arg Arg Ala
1 5 10 15

Tyr Pro Asp Ala Asn Leu Leu Asn Asp Arg Val Leu Arg Ala Met Leu
20 25 30

Lys Ala Glu Glu Thr Cys Ala Pro Ser Val Ser Tyr Phe Lys Cys Val
35 40 45

Gln Lys Glu Val Leu Pro Ser Met Arg Lys Ile Val Ala Thr Trp Met
50 55 60

Leu Glu Val Cys Glu Glu Gln Lys Cys Glu Glu Glu Val Phe Pro Leu
65 70 75 80

Ala Met Asn Tyr Leu Asp Arg Phe Leu Ser Leu Glu Pro Val Lys Lys
85 90 95

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

Met Lys Glu Thr Ile Pro Leu Thr Ala Glu Lys Leu Cys Ile Tyr Thr
115 120 125

Asp Asn Ser Ile Arg Pro Glu Glu Leu Leu Gln Met Glu Leu Leu Leu
130 135 140

Val Asn Lys Leu Lys Trp Asn Leu Ala Ala Met Thr Pro His Asp Phe
145 150 155 160

Ile Glu His Phe Leu Ser Lys Met Pro Glu Ala Glu Glu Asn Lys Gln
165 170 175

Ile Ile Arg Lys His Ala Gln Thr Phe Val Ala Leu Cys Ala Thr Asp
180 185 190
Val Lys Phe Ile Ser Asn Pro Pro Ser Met Val Ala Ala Gly Ser Val
195 200 205
Val Ala Ala Val Gln Gly Leu Asn Leu Arg Ser Pro Asn Asn Phe Leu
210 215 220
Ser Tyr Tyr Arg Leu Thr Arg Phe Leu Ser Arg Val Ile Lys Cys Asp
225 230 235 240

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

<210> 315
<211> 216
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> cyp-B__Homo_sapiens__P23284
<400> 315
Met Leu Arg Leu Ser Glu Arg Asn Met Lys Val Leu Leu Ala Ala Ala
1 5 10 15
Leu Ile Ala Gly Ser Val Phe Phe Leu Leu Leu Pro Gly Pro Ser Ala
20 25 30
Ala Asp Glu Lys Lys Lys Gly Pro Lys Val Thr Val Lys Val Tyr Phe
35 40 45
Asp Leu Arg Ile Gly Asp Glu Asp Val Gly Arg Val Ile Phe Gly Leu

50 55 60
Phe Gly Lys Thr Val Pro Lys Thr Val Asp Asn Phe Val Ala Leu Ala
65 70 75 80

Thr Gly Glu Lys Gly Phe Gly Tyr Lys Asn Ser Lys Phe His Arg Val
85 90 95
Ile Lys Asp Phe Met Ile Gln Gly Gly Asp Phe Thr Arg Gly Asp Gly
100 105 110
Thr Gly Gly Lys Ser Ile Tyr Gly Glu Arg Phe Pro Asp Glu Asn Phe

115 120 125
Lys Leu Lys His Tyr Gly Pro Gly Trp Val Ser Met Ala Asn Ala Gly
130 135 140
Lys Asp Thr Asn Gly Ser Gln Phe Phe Ile Thr Thr Val Lys Thr Ala
145 150 155 160
Trp Leu Asp Gly Lys His Val Val Phe Gly Lys Val Leu Glu Gly Met
165 170 175
Glu Val Val Arg Lys Val Glu Ser Thr Lys Thr Asp Ser Arg Asp Lys

180 185 190
Pro Leu Lys Asp Val Ile Ile Ala Asp Cys Gly Lys Ile Glu Val Glu
195 200 205
Lys Pro Phe Ala Ile Ala Lys Glu
210 215
<210> 316
<211> 347
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> DAM-10__Homo_sapiens__P43366
<400> 316
Met Pro Arg Gly Gln Lys Ser Lys Leu Arg Ala Arg Glu Lys Arg Arg
1 5 10 15

Lys Ala Arg Glu Glu Thr Gln Gly Leu Lys Val Ala His Ala Thr Ala
20 25 30
Ala Glu Lys Glu Glu Cys Pro Ser Ser Ser Pro Val Leu Gly Asp Thr
35 40 45
Pro Thr Ser Ser Pro Ala Ala Gly Ile Pro Gln Lys Pro Gln Gly Ala
50 55 60

Pro Pro Thr Thr Thr Ala Ala Ala Ala Val Ser Cys Thr Glu Ser Asp
65 70 75 80

Glu Gly Ala Lys Cys Gln Gly Glu Glu Asn Ala Ser Phe Ser Gln Ala
85 90 95
Thr Thr Ser Thr Glu Ser Ser Val Lys Asp Pro Val Ala Trp Glu Ala
100 105 110
Gly Met Leu Met His Phe Ile Leu Arg Lys Tyr Lys Met Arg Glu Pro
115 120 125
Ile Met Lys Ala Asp Met Leu Lys Val Val Asp Glu Lys Tyr Lys Asp
130 135 140

His Phe Thr Glu Ile Leu Asn Gly Ala Ser Arg Arg Leu Glu Leu Val
145 150 155 160
Phe Gly Leu Asp Leu Lys Glu Asp Asn Pro Ser Gly His Thr Tyr Thr
165 170 175
Leu Val Ser Lys Leu Asn Leu Thr Asn Asp Gly Asn Leu Ser Asn Asp
180 185 190
Trp Asp Phe Pro Arg Asn Gly Leu Leu Met Pro Leu Leu Gly Val Ile
195 200 205

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

Gly Pro Arg Ala Tyr Ala Glu Thr Thr Lys Met Lys Val Leu Glu Phe
275 280 285
Leu Ala Lys Met Asn Gly Ala Thr Pro Arg Asp Phe Pro Ser His Tyr
290 295 300
Glu Glu Ala Leu Arg Asp Glu Glu Glu Arg Ala Gln Val Arg Ser Ser

305 310 315 320

Val Arg Ala Arg Arg Arg Thr Thr Ala Thr Thr Phe Arg Ala Arg Ser

325 330 335

Arg Ala Pro Phe Ser Arg Ser Ser His Pro Met

340 345

<210> 317

<211> 811

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> DEP1A__Homo_sapiens__Q5TB30

<400> 317

Met Glu Ser Gln Gly Val Pro Pro Gly Pro Tyr Arg Ala Thr Lys Leu

1 5 10 15

Trp Asn Glu Val Thr Thr Ser Phe Arg Ala Gly Met Pro Leu Arg Lys

20 25 30

His Arg Gln His Phe Lys Lys Tyr Gly Asn Cys Phe Thr Ala Gly Glu

35 40 45

Ala Val Asp Trp Leu Tyr Asp Leu Leu Arg Asn Asn Ser Asn Phe Gly

50 55 60

Pro Glu Val Thr Arg Gln Gln Thr Ile Gln Leu Leu Arg Lys Phe Leu

65 70 75 80

Lys Asn His Val Ile Glu Asp Ile Lys Gly Arg Trp Gly Ser Glu Asn

85 90 95

Val Asp Asp Asn Asn Gln Leu Phe Arg Phe Pro Ala Thr Ser Pro Leu

100 105 110

Lys Thr Leu Pro Arg Arg Tyr Pro Glu Leu Arg Lys Asn Asn Ile Glu

115 120 125

Asn Phe Ser Lys Asp Lys Asp Ser Ile Phe Lys Leu Arg Asn Leu Ser

130 135 140

Arg Arg Thr Pro Lys Arg His Gly Leu His Leu Ser Gln Glu Asn Gly

145 150 155 160

Glu Lys Ile Lys His Glu Ile Ile Asn Glu Asp Gln Glu Asn Ala Ile

165 170 175

Asp Asn Arg Glu Leu Ser Gln Glu Asp Val Glu Glu Val Trp Arg Tyr

180 185 190

Val Ile Leu Ile Tyr Leu Gln Thr Ile Leu Gly Val Pro Ser Leu Glu

195 200 205

Glu Val Ile Asn Pro Lys Gln Val Ile Pro Gln Tyr Ile Met Tyr Asn

210 215 220

Met Ala Asn Thr Ser Lys Arg Gly Val Val Ile Leu Gln Asn Lys Ser

225 230 235 240

Asp Asp Leu Pro His Trp Val Leu Ser Ala Met Lys Cys Leu Ala Asn

245 250 255

Trp Pro Arg Ser Asn Asp Met Asn Asn Pro Thr Tyr Val Gly Phe Glu

260 265 270

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

275 280 285

Pro Leu Leu Thr Phe Glu Tyr Tyr Glu Leu Phe Val Asn Ile Leu Val

290 295 300

Val Cys Gly Tyr Ile Thr Val Ser Asp Arg Ser Ser Gly Ile His Lys

305 310 315 320

Ile Gln Asp Asp Pro Gln Ser Ser Lys Phe Leu His Leu Asn Asn Leu

325 330 335

Asn Ser Phe Lys Ser Thr Glu Cys Leu Leu Leu Ser Leu Leu His Arg

340 345 350

Glu Lys Asn Lys Glu Glu Ser Asp Ser Thr Glu Arg Leu Gln Ile Ser

355 360 365

Asn Pro Gly Phe Gln Glu Arg Cys Ala Lys Lys Met Gln Leu Val Asn

370 375 380

Leu Arg Asn Arg Arg Val Ser Ala Asn Asp Ile Met Gly Gly Ser Cys

385 390 395 400

His Asn Leu Ile Gly Leu Ser Asn Met His Asp Leu Ser Ser Asn Ser

405 410 415

Lys Pro Arg Cys Cys Ser Leu Glu Gly Ile Val Asp Val Pro Gly Asn

420 425 430

Ser Ser Lys Glu Ala Ser Ser Val Phe His Gln Ser Phe Pro Asn Ile

435 440 445

Glu Gly Gln Asn Asn Lys Leu Phe Leu Glu Ser Lys Pro Lys Gln Glu

450 455 460

Phe Leu Leu Asn Leu His Ser Glu Glu Asn Ile Gln Lys Pro Phe Ser

465 470 475 480

Ala Gly Phe Lys Arg Thr Ser Thr Leu Thr Val Gln Asp Gln Glu Glu

485 490 495

Leu Cys Asn Gly Lys Cys Lys Ser Lys Gln Leu Cys Arg Ser Gln Ser

500 505 510

Leu Leu Leu Arg Ser Ser Thr Arg Arg Asn Ser Tyr Ile Asn Thr Pro

515 520 525

Val Ala Glu Ile Ile Met Lys Pro Asn Val Gly Gln Gly Ser Thr Ser

530 535 540

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

545 550 555 560

Asn Lys Arg Leu Cys Lys Ser Thr Ile Glu Leu Ser Glu Asn Ser Leu

565 570 575

Leu Pro Ala Ser Ser Met Leu Thr Gly Thr Gln Ser Leu Leu Gln Pro

580 585 590

His Leu Glu Arg Val Ala Ile Asp Ala Leu Gln Leu Cys Cys Leu Leu

595 600 605

Leu Pro Pro Pro Asn Arg Arg Lys Leu Gln Leu Leu Met Arg Met Ile

610 615 620

Ser Arg Met Ser Gln Asn Val Asp Met Pro Lys Leu His Asp Ala Met

625 630 635 640

Gly Thr Arg Ser Leu Met Ile His Thr Phe Ser Arg Cys Val Leu Cys

645 650 655

Cys Ala Glu Glu Val Asp Leu Asp Glu Leu Leu Ala Gly Arg Leu Val
660 665 670

Ser Phe Leu Met Asp His His Gln Glu Ile Leu Gln Val Pro Ser Tyr

675 680 685

Leu Gln Thr Ala Val Glu Lys His Leu Asp Tyr Leu Lys Lys Gly His
690 695 700

Ile Glu Asn Pro Gly Asp Gly Leu Phe Ala Pro Leu Pro Thr Tyr Ser
705 710 715 720

Tyr Cys Lys Gln Ile Ser Ala Gln Glu Phe Asp Glu Gln Lys Val Ser
725 730 735

Thr Ser Gln Ala Ala Ile Ala Glu Leu Leu Glu Asn Ile Ile Lys Asn

740 745 750

Arg Ser Leu Pro Leu Lys Glu Lys Arg Lys Lys Leu Lys Gln Phe Gln
755 760 765

Lys Glu Tyr Pro Leu Ile Tyr Gln Lys Arg Phe Pro Thr Thr Glu Ser
770 775 780

Glu Ala Ala Leu Phe Gly Asp Lys Pro Thr Ile Lys Gln Pro Met Leu
785 790 795 800

Ile Leu Arg Lys Pro Lys Phe Arg Ser Leu Arg
805 810

<210> 318

<211> 98

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_16__P03129

<400> 318

Met His Gly Asp Thr Pro Thr Leu His Glu Tyr Met Leu Asp Leu Gln
1 5 10 15

Pro Glu Thr Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr Glu Gln Leu Asn Asp Ser Ser
20 25 30

Glu Glu Glu Asp Glu Ile Asp Gly Pro Ala Gly Gln Ala Glu Pro Asp

35 40 45

Arg Ala His Tyr Asn Ile Val Thr Phe Cys Cys Lys Cys Asp Ser Thr
50 55 60
Leu Arg Leu Cys Val Gln Ser Thr His Val Asp Ile Arg Thr Leu Glu
65 70 75 80
Asp Leu Leu Met Gly Thr Leu Gly Ile Val Cys Pro Ile Cys Ser Gln
85 90 95
Lys Pro

<210> 319
<211> 105
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_18__P06788

<400> 319
Met His Gly Pro Lys Ala Thr Leu Gln Asp Ile Val Leu His Leu Glu
1 5 10 15
Pro Gln Asn Glu Ile Pro Val Asp Leu Leu Cys His Glu Gln Leu Ser
20 25 30
Asp Ser Glu Glu Glu Asn Asp Glu Ile Asp Gly Val Asn His Gln His
35 40 45
Leu Pro Ala Arg Arg Ala Glu Pro Gln Arg His Thr Met Leu Cys Met
50 55 60

Cys Cys Lys Cys Glu Ala Arg Ile Lys Leu Val Val Glu Ser Ser Ala
65 70 75 80
Asp Asp Leu Arg Ala Phe Gln Gln Leu Phe Leu Asn Thr Leu Ser Phe
85 90 95
Val Cys Pro Trp Cys Ala Ser Gln Gln
100 105

<210> 320
<211> 98
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_31__P17387

<400> 320

Met Arg Gly Glu Thr Pro Thr Leu Gln Asp Tyr Val Leu Asp Leu Gln

1 5 10 15

Pro Glu Ala Thr Asp Leu His Cys Tyr Glu Gln Leu Pro Asp Ser Ser

20 25 30

Asp Glu Glu Asp Val Ile Asp Ser Pro Ala Gly Gln Ala Glu Pro Asp

35 40 45

Thr Ser Asn Tyr Asn Ile Val Thr Phe Cys Cys Gln Cys Lys Ser Thr

50 55 60

Leu Arg Leu Cys Val Gln Ser Thr Gln Val Asp Ile Arg Ile Leu Gln

65 70 75 80

Glu Leu Leu Met Gly Ser Phe Gly Ile Val Cys Pro Asn Cys Ser Thr

85 90 95

Arg Leu

<210> 321

<211> 97

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_33__P06429

<400> 321

Met Arg Gly His Lys Pro Thr Leu Lys Glu Tyr Val Leu Asp Leu Tyr

1 5 10 15

Pro Glu Pro Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr Glu Gln Leu Ser Asp Ser Ser

20 25 30

Asp Glu Asp Glu Gly Leu Asp Arg Pro Asp Gly Gln Ala Gln Pro Ala

35 40 45

Thr Ala Asp Tyr Tyr Ile Val Thr Cys Cys His Thr Cys Asn Thr Thr

50 55 60

Val Arg Leu Cys Val Asn Ser Thr Ala Ser Asp Leu Arg Thr Ile Gln

65 70 75 80

Gln Leu Leu Met Gly Thr Val Asn Ile Val Cys Pro Thr Cys Ala Gln

85 90 95

Gln

<210> 322

<211> 99

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_35__P27230

<400> 322

Met His Gly Glu Ile Thr Thr Leu Gln Asp Tyr Val Leu Asp Leu Glu

1 5 10 15

Pro Glu Ala Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr Glu Gln Leu Cys Asp Ser Ser

20 25 30

Glu Glu Glu Glu Asp Thr Ile Asp Gly Pro Ala Gly Gln Ala Lys Pro

35 40 45

Asp Thr Ser Asn Tyr Asn Ile Val Thr Ser Cys Cys Lys Cys Glu Ala

50 55 60

Thr Leu Arg Leu Cys Val Gln Ser Thr His Ile Asp Ile Arg Lys Leu

65 70 75 80

Glu Asp Leu Leu Met Gly Thr Phe Gly Ile Val Cys Pro Gly Cys Ser

85 90 95

Gln Arg Ala

<210> 323

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_39__P24837

<400> 323

Met Arg Gly Pro Lys Pro Thr Leu Gln Glu Ile Val Leu Asp Leu Cys

1 5 10 15

Pro Tyr Asn Glu Ile Gln Pro Val Asp Leu Val Cys His Glu Gln Leu

20 25 30

Gly Glu Ser Glu Asp Glu Ile Asp Glu Pro Asp His Ala Val Asn His

35 40 45

Gln His Gln Leu Leu Ala Arg Arg Asp Glu Pro Gln Arg His Thr Ile

50 55 60

Gln Cys Ser Cys Cys Lys Cys Asn Asn Thr Leu Gln Leu Val Val Glu

65 70 75 80

Ala Ser Arg Asp Thr Leu Arg Gln Leu Gln Gln Leu Phe Met Asp Ser

85 90 95

Leu Gly Phe Val Cys Pro Trp Cys Ala Thr Ala Asn Gln

100 105

<210> 324

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_45__P21736

<400> 324

Met His Gly Pro Arg Glu Thr Leu Gln Glu Ile Val Leu His Leu Glu

1 5 10 15

Pro Gln Asn Glu Leu Asp Pro Val Asp Leu Leu Cys Tyr Glu Gln Leu

20 25 30

Ser Glu Ser Glu Glu Glu Asn Asp Glu Ala Asp Gly Val Ser His Ala

35 40 45

Gln Leu Pro Ala Arg Arg Ala Glu Pro Gln Arg His Lys Ile Leu Cys

50 55 60

Val Cys Cys Lys Cys Asp Gly Arg Ile Glu Leu Thr Val Glu Ser Ser

65 70 75 80

Ala Glu Asp Leu Arg Thr Leu Gln Gln Leu Phe Leu Ser Thr Leu Ser

85 90 95

Phe Val Cys Pro Trp Cys Ala Thr Asn Gln

100 105

<210> 325

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_51__P26558

<400> 325

Met Arg Gly Asn Val Pro Gln Leu Lys Asp Val Val Leu His Leu Thr

1 5 10 15

Pro Gln Thr Glu Ile Asp Leu Gln Cys Tyr Glu Gln Phe Asp Ser Ser

20 25 30

Glu Glu Glu Asp Glu Val Asp Asn Met Arg Asp Gln Leu Pro Glu Arg

35 40 45

Arg Ala Gly Gln Ala Thr Cys Tyr Arg Ile Glu Ala Pro Cys Cys Arg

50 55 60

Cys Ser Ser Val Val Gln Leu Ala Val Glu Ser Ser Gly Asp Thr Leu

65 70 75 80

Arg Val Val Gln Gln Met Leu Met Gly Glu Leu Ser Leu Val Cys Pro

85 90 95

Cys Cys Ala Asn Asn

100

<210> 326

<211> 99

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_52__P36831

<400> 326

Met Arg Gly Asp Lys Ala Thr Ile Lys Asp Tyr Ile Leu Asp Leu Gln

1 5 10 15

Pro Glu Thr Thr Asp Leu His Cys Tyr Glu Gln Leu Gly Asp Ser Ser

20 25 30

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

35 40 45

Gln Ala Thr Ser Asn Tyr Tyr Ile Val Thr Tyr Cys His Ser Cys Asp

50 55 60

Ser Thr Leu Arg Leu Cys Ile His Ser Thr Ala Thr Asp Leu Arg Thr

65 70 75 80

Leu Gln Gln Met Leu Leu Gly Thr Leu Gln Val Val Cys Pro Gly Cys

85 90 95

Ala Arg Leu

<210> 327

<211> 105

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_56__P36833

<400> 327

Met His Gly Lys Val Pro Thr Leu Gln Asp Val Val Leu Glu Leu Thr

1 5 10 15

Pro Gln Thr Glu Ile Asp Leu Gln Cys Asn Glu Gln Leu Asp Ser Ser

20 25 30

Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Val Asp His Leu Gln Glu Arg Pro Gln

35 40 45

Gln Ala Arg Gln Ala Lys Gln His Thr Cys Tyr Leu Ile His Val Pro

50 55 60

Cys Cys Glu Cys Lys Phe Val Val Gln Leu Asp Ile Gln Ser Thr Lys

65 70 75 80

Glu Asp Leu Arg Val Val Gln Gln Leu Leu Met Gly Ala Leu Thr Val

85 90 95

Thr Cys Pro Leu Cys Ala Ser Ser Asn

100 105

<210> 328

<211> 98

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_58__Q9QCZ1

<400> 328

Met Arg Gly Asn Asn Pro Thr Leu Arg Glu Tyr Ile Leu Asp Leu His

1 5 10 15

Pro Glu Pro Thr Asp Leu Phe Cys Tyr Glu Gln Leu Cys Asp Ser Ser

20 25 30

Asp Glu Asp Glu Ile Gly Leu Asp Arg Pro Asp Gly Gln Ala Gln Pro

35 40 45

Ala Thr Ala Asn Tyr Tyr Ile Val Thr Cys Cys Tyr Thr Cys Asp Thr

50 55 60

Thr Val Arg Leu Cys Ile Asn Ser Thr Thr Thr Asp Val Arg Thr Leu

65 70 75 80

Gln Gln Leu Leu Met Gly Thr Cys Thr Ile Val Cys Pro Ser Cys Ala

85 90 95

Gln Gln

<210> 329

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_59__Q81965

<400> 329

Met His Gly Pro Lys Ala Thr Leu Cys Asp Ile Val Leu Asp Leu Glu

1 5 10 15

Pro Gln Asn Tyr Glu Glu Val Asp Leu Val Cys Tyr Glu Gln Leu Pro

20 25 30

Asp Ser Asp Ser Glu Asn Glu Lys Asp Glu Pro Asp Gly Val Asn His

35 40 45

Pro Leu Leu Leu Ala Arg Arg Ala Glu Pro Gln Arg His Asn Ile Val

50 55 60

Cys Val Cys Cys Lys Cys Asn Asn Gln Leu Gln Leu Val Val Glu Thr

65 70 75 80

Ser Gln Asp Gly Leu Arg Ala Leu Gln Gln Leu Phe Met Asp Thr Leu

85 90 95

Ser Phe Val Cys Pro Leu Cys Ala Ala Asn Gln

100 105

<210> 330

<211> 105

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> E7__Human_papillomavirus_type_66__Q80956

<400> 330

Met His Gly Lys Val Pro Thr Leu Gln Glu Val Ile Leu Glu Leu Ala

1 5 10 15

Pro Gln Thr Glu Ile Asp Leu Gln Cys Asn Glu Gln Leu Asp Ser Ser

20 25 30

Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Ile Asp His Leu Leu Glu Arg Pro Gln

35 40 45

Gln Ala Arg Gln Ala Glu Gln His Lys Cys Tyr Leu Ile His Val Pro

50 55 60

Cys Cys Lys Cys Glu Leu Val Val Gln Leu Asp Ile Gln Ser Thr Lys

65 70 75 80

Glu Glu Leu Arg Val Val Gln Gln Leu Leu Met Gly Ala Leu Thr Val

85 90 95

Thr Cys Pro Leu Cys Ala Ser Ser Lys

100 105

<210> 331

<211> 463

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EF1A2__Homo_sapiens__Q05639

<400> 331

Met Gly Lys Glu Lys Thr His Ile Asn Ile Val Val Ile Gly His Val

1 5 10 15

Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Cys Gly

20 25 30

Gly Ile Asp Lys Arg Thr Ile Glu Lys Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu

35 40 45

Met Gly Lys Gly Ser Phe Lys Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys
50 55 60
Ala Glu Arg Glu Arg Gly Ile Thr Ile Asp Ile Ser Leu Trp Lys Phe
65 70 75 80

Glu Thr Thr Lys Tyr Tyr Ile Thr Ile Ile Asp Ala Pro Gly His Arg
85 90 95
Asp Phe Ile Lys Asn Met Ile Thr Gly Thr Ser Gln Ala Asp Cys Ala
100 105 110
Val Leu Ile Val Ala Ala Gly Val Gly Glu Phe Glu Ala Gly Ile Ser
115 120 125
Lys Asn Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ala Tyr Thr Leu Gly
130 135 140

Val Lys Gln Leu Ile Val Gly Val Asn Lys Met Asp Ser Thr Glu Pro
145 150 155 160
Ala Tyr Ser Glu Lys Arg Tyr Asp Glu Ile Val Lys Glu Val Ser Ala
165 170 175
Tyr Ile Lys Lys Ile Gly Tyr Asn Pro Ala Thr Val Pro Phe Val Pro
180 185 190
Ile Ser Gly Trp His Gly Asp Asn Met Leu Glu Pro Ser Pro Asn Met
195 200 205

Pro Trp Phe Lys Gly Trp Lys Val Glu Arg Lys Glu Gly Asn Ala Ser
210 215 220
Gly Val Ser Leu Leu Glu Ala Leu Asp Thr Ile Leu Pro Pro Thr Arg
225 230 235 240
Pro Thr Asp Lys Pro Leu Arg Leu Pro Leu Gln Asp Val Tyr Lys Ile
245 250 255
Gly Gly Ile Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu Thr Gly Ile Leu
260 265 270

Arg Pro Gly Met Val Val Thr Phe Ala Pro Val Asn Ile Thr Thr Glu
275 280 285
Val Lys Ser Val Glu Met His His Glu Ala Leu Ser Glu Ala Leu Pro

290 295 300

Gly Asp Asn Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ser Val Lys Asp Ile

305 310 315 320

Arg Arg Gly Asn Val Cys Gly Asp Ser Lys Ser Asp Pro Pro Gln Glu

325 330 335

Ala Ala Gln Phe Thr Ser Gln Val Ile Ile Leu Asn His Pro Gly Gln

340 345 350

Ile Ser Ala Gly Tyr Ser Pro Val Ile Asp Cys His Thr Ala His Ile

355 360 365

Ala Cys Lys Phe Ala Glu Leu Lys Glu Lys Ile Asp Arg Arg Ser Gly

370 375 380

Lys Lys Leu Glu Asp Asn Pro Lys Ser Leu Lys Ser Gly Asp Ala Ala

385 390 395 400

Ile Val Glu Met Val Pro Gly Lys Pro Met Cys Val Glu Ser Phe Ser

405 410 415

Gln Tyr Pro Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp Met Arg Gln Thr

420 425 430

Val Ala Val Gly Val Ile Lys Asn Val Glu Lys Lys Ser Gly Gly Ala

435 440 445

Gly Lys Val Thr Lys Ser Ala Gln Lys Ala Gln Lys Ala Gly Lys

450 455 460

<210

> 332

<211> 972

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EFTUD2/m__Homo_sapiens__Q15029

<400> 332

Met Asp Thr Asp Leu Tyr Asp Glu Phe Gly Asn Tyr Ile Gly Pro Glu

1 5 10 15

Leu Asp Ser Asp Glu Asp Asp Asp Glu Leu Gly Arg Glu Thr Lys Asp

20 25 30

Leu Asp Glu Met Asp Asp Asp Asp Asp Asp Asp Asp Val Gly Asp His

35 40 45

Asp Asp Asp His Pro Gly Met Glu Val Val Leu His Glu Asp Lys Lys
50 55 60
Tyr Tyr Pro Thr Ala Glu Glu Val Tyr Gly Pro Glu Val Glu Thr Ile
65 70 75 80
Val Gln Glu Glu Asp Thr Gln Pro Leu Thr Glu Pro Ile Ile Lys Pro
85 90 95
Val Lys Thr Lys Lys Phe Thr Leu Met Glu Gln Thr Leu Pro Val Thr
100 105 110

Val Tyr Glu Met Asp Phe Leu Ala Asp Leu Met Asp Asn Ser Glu Leu
115 120 125
Ile Arg Asn Val Thr Leu Cys Gly His Leu His His Gly Lys Thr Cys
130 135 140
Phe Val Asp Cys Leu Ile Glu Gln Thr His Pro Glu Ile Arg Lys Arg
145 150 155 160
Tyr Asp Gln Asp Leu Cys Tyr Thr Asp Ile Leu Phe Thr Glu Gln Glu
165 170 175

Arg Gly Val Gly Ile Lys Ser Thr Pro Val Thr Val Val Leu Pro Asp
180 185 190
Thr Lys Gly Lys Ser Tyr Leu Phe Asn Ile Met Asp Thr Pro Gly His
195 200 205
Val Asn Phe Ser Asp Glu Val Thr Ala Gly Leu Arg Ile Ser Asp Gly
210 215 220
Val Val Leu Phe Ile Asp Ala Ala Glu Gly Val Met Leu Asn Thr Glu
225 230 235 240

Arg Leu Ile Lys His Ala Val Gln Glu Arg Leu Ala Val Thr Val Cys
245 250 255
Ile Asn Lys Ile Asp Arg Leu Ile Leu Glu Leu Lys Leu Pro Pro Thr
260 265 270
Asp Ala Tyr Tyr Lys Leu Arg His Ile Val Asp Glu Val Asn Gly Leu
275 280 285

Ile Ser Met Tyr Ser Thr Asp Glu Asn Leu Ile Leu Ser Pro Leu Leu
290 295 300

Gly Asn Val Cys Phe Ser Ser Ser Gln Tyr Ser Ile Cys Phe Thr Leu
305 310 315 320
Gly Ser Phe Ala Lys Ile Tyr Ala Asp Thr Phe Gly Asp Ile Asn Tyr
325 330 335
Gln Glu Phe Ala Lys Arg Leu Trp Gly Asp Ile Tyr Phe Asn Pro Lys
340 345 350
Thr Arg Lys Phe Thr Lys Lys Ala Pro Thr Ser Ser Ser Gln Arg Ser
355 360 365

Phe Val Glu Phe Ile Leu Glu Pro Leu Tyr Lys Ile Leu Ala Gln Val
370 375 380
Val Gly Asp Val Asp Thr Ser Leu Pro Arg Thr Leu Asp Glu Leu Gly
385 390 395 400
Ile His Leu Thr Lys Glu Glu Leu Lys Leu Asn Ile Arg Pro Leu Leu
405 410 415
Arg Leu Val Cys Lys Lys Phe Phe Gly Glu Phe Thr Gly Phe Val Asp
420 425 430

Met Cys Val Gln His Ile Pro Ser Pro Lys Val Gly Ala Lys Pro Lys
435 440 445
Ile Glu His Thr Tyr Thr Gly Gly Val Asp Ser Asp Leu Gly Glu Ala
450 455 460
Met Ser Asp Cys Asp Pro Asp Gly Pro Leu Met Cys His Thr Thr Lys
465 470 475 480
Met Tyr Ser Thr Asp Asp Gly Val Gln Phe His Ala Phe Gly Arg Val
485 490 495

Leu Ser Gly Thr Ile His Ala Gly Gln Pro Val Lys Val Leu Gly Glu
500 505 510
Asn Tyr Thr Leu Glu Asp Glu Glu Asp Ser Gln Ile Cys Thr Val Gly
515 520 525
Arg Leu Trp Ile Ser Val Ala Arg Tyr His Ile Glu Val Asn Arg Val

530 535 540

Pro Ala Gly Asn Trp Val Leu Ile Glu Gly Val Asp Gln Pro Ile Val
545 550 555 560

Lys Thr Ala Thr Ile Thr Glu Pro Arg Gly Asn Glu Glu Ala Gln Ile
565 570 575

Phe Arg Pro Leu Lys Phe Asn Thr Thr Ser Val Ile Lys Ile Ala Val
580 585 590

Glu Pro Val Asn Pro Ser Glu Leu Pro Lys Met Leu Asp Gly Leu Arg
595 600 605

Lys Val Asn Lys Ser Tyr Pro Ser Leu Thr Thr Lys Val Glu Glu Ser
610 615 620

Gly Glu His Val Ile Leu Gly Thr Gly Glu Leu Tyr Leu Asp Cys Val
625 630 635 640

Met His Asp Leu Arg Lys Met Tyr Ser Glu Ile Asp Ile Lys Val Ala
645 650 655

Asp Pro Val Val Thr Phe Cys Glu Thr Val Val Glu Thr Ser Ser Leu
660 665 670

Lys Cys Phe Ala Glu Thr Pro Asn Lys Lys Asn Lys Ile Thr Met Ile
675 680 685

Ala Glu Pro Leu Glu Lys Gly Leu Ala Glu Asp Ile Glu Asn Glu Val
690 695 700

Val Gln Ile Thr Trp Asn Arg Lys Lys Leu Gly Glu Phe Phe Gln Thr
705 710 715 720

Lys Tyr Asp Trp Asp Leu Leu Ala Ala Arg Ser Ile Trp Ala Phe Gly
725 730 735

Pro Asp Ala Thr Gly Pro Asn Ile Leu Val Asp Asp Thr Leu Pro Ser
740 745 750

Glu Val Asp Lys Ala Leu Leu Gly Ser Val Lys Asp Ser Ile Val Gln
755 760 765

Gly Phe Gln Trp Gly Thr Arg Glu Gly Pro Leu Cys Asp Glu Leu Ile
770 775 780

Arg Asn Val Lys Phe Lys Ile Leu Asp Ala Val Val Ala Gln Glu Pro
785 790 795 800
Leu His Arg Gly Gly Gly Gln Ile Ile Pro Thr Ala Arg Arg Val Val
805 810 815

Tyr Ser Ala Phe Leu Met Ala Thr Pro Arg Leu Met Glu Pro Tyr Tyr
820 825 830
Phe Val Glu Val Gln Ala Pro Ala Asp Cys Val Ser Ala Val Tyr Thr
835 840 845
Val Leu Ala Arg Arg Arg Gly His Val Thr Gln Asp Ala Pro Ile Pro
850 855 860
Gly Ser Pro Leu Tyr Thr Ile Lys Ala Phe Ile Pro Ala Ile Asp Ser
865 870 875 880

Phe Gly Phe Glu Thr Asp Leu Arg Thr His Thr Gln Gly Gln Ala Phe
885 890 895
Ser Leu Ser Val Phe His His Trp Gln Ile Val Pro Gly Asp Pro Leu
900 905 910
Asp Lys Ser Ile Val Ile Arg Pro Leu Glu Pro Gln Pro Ala Pro His
915 920 925
Leu Ala Arg Glu Phe Met Ile Lys Thr Arg Arg Arg Lys Gly Leu Ser
930 935 940

Glu Asp Val Ser Ile Ser Lys Phe Phe Asp Asp Pro Met Leu Leu Glu
945 950 955 960
Leu Ala Lys Gln Asp Val Val Leu Asn Tyr Pro Met
965 970

<210> 333
<211> 657
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> EGFR__Homo_sapiens__A0A0B4J1Y5
<400> 333
Met Arg Pro Ser Gly Thr Ala Gly Ala Ala Leu Leu Ala Leu Leu Ala
1 5 10 15

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

20 25 30

Gly Thr Ser Asn Lys Leu Thr Gln Leu Gly Thr Phe Glu Asp His Phe

35 40 45

Leu Ser Leu Gln Arg Met Phe Asn Asn Cys Glu Val Val Leu Gly Asn

50 55 60

Leu Glu Ile Thr Tyr Val Gln Arg Asn Tyr Asp Leu Ser Phe Leu Lys

65 70 75 80

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

85 90 95

Glu Arg Ile Pro Leu Glu Asn Leu Gln Ile Ile Arg Gly Asn Met Tyr

100 105 110

Tyr Glu Asn Ser Tyr Ala Leu Ala Val Leu Ser Asn Tyr Asp Ala Asn

115 120 125

Lys Thr Gly Leu Lys Glu Leu Pro Met Arg Asn Leu Gln Glu Ile Leu

130 135 140

His Gly Ala Val Arg Phe Ser Asn Asn Pro Ala Leu Cys Asn Val Glu

145 150 155 160

Ser Ile Gln Trp Arg Asp Ile Val Ser Ser Asp Phe Leu Ser Asn Met

165 170 175

Ser Met Asp Phe Gln Asn His Leu Gly Ser Cys Gln Lys Cys Asp Pro

180 185 190

Ser Cys Pro Asn Gly Ser Cys Trp Gly Ala Gly Glu Glu Asn Cys Gln

195 200 205

Lys Leu Thr Lys Ile Ile Cys Ala Gln Gln Cys Ser Gly Arg Cys Arg

210 215 220

Gly Lys Ser Pro Ser Asp Cys Cys His Asn Gln Cys Ala Ala Gly Cys

225 230 235 240

Thr Gly Pro Arg Glu Ser Asp Cys Leu Val Cys Arg Lys Phe Arg Asp

245 250 255

Glu Ala Thr Cys Lys Asp Thr Cys Pro Pro Leu Met Leu Tyr Asn Pro

260 265 270

Thr Thr Tyr Gln Met Asp Val Asn Pro Glu Gly Lys Tyr Ser Phe Gly

275 280 285

Ala Thr Cys Val Lys Lys Cys Pro Arg Asn Tyr Val Val Thr Asp His

290 295 300

Gly Ser Cys Val Arg Ala Cys Gly Ala Asp Ser Tyr Glu Met Glu Glu

305 310 315 320

Asp Gly Val Arg Lys Cys Lys Lys Cys Glu Gly Pro Cys Arg Lys Val

325 330 335

Cys Asn Gly Ile Gly Ile Gly Glu Phe Lys Asp Ser Leu Ser Ile Asn

340 345 350

Ala Thr Asn Ile Lys His Phe Lys Asn Cys Thr Ser Ile Ser Gly Asp

355 360 365

Leu His Ile Leu Pro Val Ala Phe Arg Gly Asp Ser Phe Thr His Thr

370 375 380

Pro Pro Leu Asp Pro Gln Glu Leu Asp Ile Leu Lys Thr Val Lys Glu

385 390 395 400

Ile Thr Gly Phe Leu Leu Ile Gln Ala Trp Pro Glu Asn Arg Thr Asp

405 410 415

Leu His Ala Phe Glu Asn Leu Glu Ile Ile Arg Gly Arg Thr Lys Gln

420 425 430

His Gly Gln Phe Ser Leu Ala Val Val Ser Leu Asn Ile Thr Ser Leu

435 440 445

Gly Leu Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Asp Gly Asp Val Ile Ile Ser

450 455 460

Gly Asn Lys Asn Leu Cys Tyr Ala Asn Thr Ile Asn Trp Lys Lys Leu

465 470 475 480

Phe Gly Thr Ser Gly Gln Lys Thr Lys Ile Ile Ser Asn Arg Gly Glu

485 490 495

Asn Ser Cys Lys Ala Thr Gly Gln Val Cys His Ala Leu Cys Ser Pro

500 505 510

Glu Gly Cys Trp Gly Pro Glu Pro Arg Asp Cys Val Ser Cys Arg Asn
515 520 525
Val Ser Arg Gly Arg Glu Cys Val Asp Lys Cys Asn Leu Leu Glu Gly

530 535 540
Glu Pro Arg Glu Phe Val Glu Asn Ser Glu Cys Ile Gln Cys His Pro
545 550 555 560
Glu Cys Leu Pro Gln Ala Met Asn Ile Thr Cys Thr Gly Arg Gly Pro
565 570 575
Asp Asn Cys Ile Gln Cys Ala His Tyr Ile Asp Gly Pro His Cys Val
580 585 590
Lys Thr Cys Pro Ala Gly Val Met Gly Glu Asn Asn Thr Leu Val Trp

595 600 605
Lys Tyr Ala Asp Ala Gly His Val Cys His Leu Cys His Pro Asn Cys
610 615 620
Thr Tyr Gly Cys Thr Gly Pro Gly Leu Glu Gly Cys Pro Thr Asn Gly
625 630 635 640
Ser Tyr Ile Val Ser His Phe Pro Arg Ser Phe Tyr Lys Met Ser Val
645 650 655
His

<210> 334

<211> 1136

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> EGFR__Homo_sapiens__E7BSV0

<400> 334

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

Leu Ser Leu Gln Arg Met Phe Asn Asn Cys Glu Val Val Leu Gly Asn

50 55 60

Leu Glu Ile Thr Tyr Val Gln Arg Asn Tyr Asp Leu Ser Phe Leu Lys
65 70 75 80

Thr Ile Gln Glu Val Ala Gly Tyr Val Leu Ile Ala Leu Asn Thr Val
85 90 95

Glu Arg Ile Pro Leu Glu Asn Leu Gln Ile Ile Arg Gly Asn Met Tyr
100 105 110

Tyr Glu Asn Ser Tyr Ala Leu Ala Val Leu Ser Asn Tyr Asp Ala Asn

115 120 125

Lys Thr Gly Leu Lys Glu Leu Pro Met Arg Asn Leu Gln Glu Ile Leu
130 135 140

His Gly Ala Val Arg Phe Ser Asn Asn Pro Ala Leu Cys Asn Val Glu
145 150 155 160

Ser Ile Gln Trp Arg Asp Ile Val Ser Ser Asp Phe Leu Ser Asn Met
165 170 175

Ser Met Asp Phe Gln Asn His Leu Gly Ser Cys Gln Lys Cys Asp Pro

180 185 190

Ser Cys Pro Asn Gly Ser Cys Trp Gly Ala Gly Glu Glu Asn Cys Gln
195 200 205

Lys Leu Thr Lys Ile Ile Cys Ala Gln Gln Cys Ser Gly Arg Cys Arg
210 215 220

Gly Lys Ser Pro Ser Asp Cys Cys His Asn Gln Cys Ala Ala Gly Cys
225 230 235 240

Thr Gly Pro Arg Glu Ser Asp Cys Leu Val Cys Arg Lys Phe Arg Asp

245 250 255

Glu Ala Thr Cys Lys Asp Thr Cys Pro Pro Leu Met Leu Tyr Asn Pro

260 265 270

Thr Thr Tyr Gln Met Asp Val Asn Pro Glu Gly Lys Tyr Ser Phe Gly

275 280 285

Ala Thr Cys Val Lys Lys Cys Pro Arg Asn Tyr Val Val Thr Asp His

290 295 300

Gly Ser Cys Val Arg Ala Cys Gly Ala Asp Ser Tyr Glu Met Glu Glu

305 310 315 320

Asp Gly Val Arg Lys Cys Lys Lys Cys Glu Gly Pro Cys Arg Lys Val

325 330 335

Cys Asn Gly Ile Gly Ile Gly Glu Phe Lys Asp Ser Leu Ser Ile Asn

340 345 350

Ala Thr Asn Ile Lys His Phe Lys Asn Cys Thr Ser Ile Ser Gly Asp

355 360 365

Leu His Ile Leu Pro Val Ala Phe Arg Gly Asp Ser Phe Thr His Thr

370 375 380

Pro Pro Leu Asp Pro Gln Glu Leu Asp Ile Leu Lys Thr Val Lys Glu

385 390 395 400

Ile Thr Gly Phe Leu Leu Ile Gln Ala Trp Pro Glu Asn Arg Thr Asp

405 410 415

Leu His Ala Phe Glu Asn Leu Glu Ile Ile Arg Gly Arg Thr Lys Gln

420 425 430

His Gly Gln Phe Ser Leu Ala Val Val Ser Leu Asn Ile Thr Ser Leu

435 440 445

Gly Leu Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Asp Gly Asp Val Ile Ile Ser

450 455 460

Gly Asn Lys Asn Leu Cys Tyr Ala Asn Thr Ile Asn Trp Lys Lys Leu

465 470 475 480

Phe Gly Thr Ser Gly Gln Lys Thr Lys Ile Ile Ser Asn Arg Gly Glu

485 490 495

Asn Ser Cys Lys Ala Thr Gly Gln Val Cys His Ala Leu Cys Ser Pro

500 505 510

Glu Gly Cys Trp Gly Pro Glu Pro Arg Asp Cys Val Ser Cys Arg Asn

515 520 525

Val Ser Arg Gly Arg Glu Cys Val Asp Lys Cys Asn Leu Leu Glu Gly

530 535 540

Glu Pro Arg Glu Phe Val Glu Asn Ser Glu Cys Ile Gln Cys His Pro
545 550 555 560
Glu Cys Leu Pro Gln Ala Met Asn Ile Thr Cys Thr Gly Arg Gly Pro

565 570 575
Asp Asn Cys Ile Gln Cys Ala His Tyr Ile Asp Gly Pro His Cys Val
580 585 590
Lys Thr Cys Pro Ala Gly Val Met Gly Glu Asn Asn Thr Leu Val Trp
595 600 605
Lys Tyr Ala Asp Ala Gly His Val Cys His Leu Cys His Pro Asn Cys
610 615 620
Thr Tyr Gly Cys Thr Gly Pro Gly Leu Glu Gly Cys Pro Thr Asn Gly

625 630 635 640
Pro Lys Ile Pro Ser Ile Ala Thr Gly Met Val Gly Ala Leu Leu Leu
645 650 655
Leu Leu Val Val Ala Leu Gly Ile Gly Leu Phe Met Arg Arg Arg His
660 665 670
Ile Val Arg Lys Arg Thr Leu Arg Arg Leu Leu Gln Glu Arg Glu Leu
675 680 685
Val Glu Pro Leu Thr Pro Ser Gly Glu Ala Pro Asn Gln Ala Leu Leu

690 695 700
Arg Ile Leu Lys Glu Thr Glu Phe Lys Lys Ile Lys Val Leu Gly Ser
705 710 715 720
Gly Ala Phe Gly Thr Val Tyr Lys Gly Leu Trp Ile Pro Glu Gly Glu
725 730 735
Lys Val Lys Ile Pro Val Ala Ile Lys Glu Leu Arg Glu Ala Thr Ser
740 745 750
Pro Lys Ala Asn Lys Glu Ile Leu Asp Glu Ala Tyr Val Met Ala Ser

755 760 765
Val Asp Asn Pro His Val Cys Arg Leu Leu Gly Ile Cys Leu Thr Ser
770 775 780
Thr Val Gln Leu Ile Thr Gln Leu Met Pro Phe Gly Cys Leu Leu Asp

785 790 795 800

Tyr Val Arg Glu His Lys Asp Asn Ile Gly Ser Gln Tyr Leu Leu Asn

805 810 815

Trp Cys Val Gln Ile Ala Lys Gly Met Asn Tyr Leu Glu Asp Arg Arg

820 825 830

Leu Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Val Lys Thr Pro

835 840 845

Gln His Val Lys Ile Thr Asp Phe Gly Leu Ala Lys Leu Leu Gly Ala

850 855 860

Glu Glu Lys Glu Tyr His Ala Glu Gly Gly Lys Val Pro Ile Lys Trp

865 870 875 880

Met Ala Leu Glu Ser Ile Leu His Arg Ile Tyr Thr His Gln Ser Asp

885 890 895

Val Trp Ser Tyr Gly Val Thr Val Trp Glu Leu Met Thr Phe Gly Ser

900 905 910

Lys Pro Tyr Asp Gly Ile Pro Ala Ser Glu Ile Ser Ser Ile Leu Glu

915 920 925

Lys Gly Glu Arg Leu Pro Gln Pro Pro Ile Cys Thr Ile Asp Val Tyr

930 935 940

Met Ile Met Val Lys Cys Trp Met Ile Asp Ala Asp Ser Arg Pro Lys

945 950 955 960

Phe Arg Glu Leu Ile Ile Glu Phe Ser Lys Met Ala Arg Asp Pro Gln

965 970 975

Arg Tyr Leu Val Ile Gln Gly Asp Glu Arg Met His Leu Pro Ser Pro

980 985 990

Thr Asp Ser Asn Phe Tyr Arg Ala Leu Met Asp Glu Glu Asp Met Asp

995 1000 1005

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

1010 1015 1020

Phe Ser Ser Pro Ser Thr Ser Arg Thr Pro Leu Leu Ser Ser Leu

1025 1030 1035

Ser Ala Thr Ser Asn Asn Ser Thr Val Ala Cys Ile Asp Arg Asn

1040 1045 1050

Gly Leu Gln Ser Cys Pro Ile Lys Glu Asp Ser Phe Leu Gln Arg

1055 1060 1065

Tyr Ser Ser Asp Pro Thr Gly Ala Leu Thr Glu Asp Ser Ile Asp

1070 1075 1080

Asp Thr Phe Leu Pro Val Pro Gly Glu Trp Leu Val Trp Lys Gln

1085 1090 1095

Ser Cys Ser Ser Thr Ser Ser Thr His Ser Ala Ala Ala Ser Leu

1100 1105 1110

Gln Cys Pro Ser Gln Val Leu Pro Pro Ala Ser Pro Glu Gly Glu

1115 1120 1125

Thr Val Ala Asp Leu Gln Thr Gln

1130 1135

<210> 335

<211> 49

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EGFR__Homo_sapiens__L0R6G1

<400> 335

Met Cys Ala Thr Cys Ala Ile Gln Thr Ala Pro Thr Gly Pro Asn Lys

1 5 10 15

Ser Ser Leu Ser Asp Phe Ser Leu Pro Leu Lys Leu His Phe Leu Ser

20 25 30

Thr Ile Ser Ile Ser Pro Phe Ala Ser Asn Lys Val Leu Thr Leu Phe

35 40 45

Ile

<210> 336

<211> 405

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EGFR__Homo_sapiens__P00533-2

<400> 336

Met Arg Pro Ser Gly Thr Ala Gly Ala Ala Leu Leu Ala Leu Leu Ala
1 5 10 15

Ala Leu Cys Pro Ala Ser Arg Ala Leu Glu Glu Lys Lys Val Cys Gln
20 25 30

Gly Thr Ser Asn Lys Leu Thr Gln Leu Gly Thr Phe Glu Asp His Phe
35 40 45

Leu Ser Leu Gln Arg Met Phe Asn Asn Cys Glu Val Val Leu Gly Asn
50 55 60

Leu Glu Ile Thr Tyr Val Gln Arg Asn Tyr Asp Leu Ser Phe Leu Lys
65 70 75 80

Thr Ile Gln Glu Val Ala Gly Tyr Val Leu Ile Ala Leu Asn Thr Val
85 90 95

Glu Arg Ile Pro Leu Glu Asn Leu Gln Ile Ile Arg Gly Asn Met Tyr
100 105 110

Tyr Glu Asn Ser Tyr Ala Leu Ala Val Leu Ser Asn Tyr Asp Ala Asn
115 120 125

Lys Thr Gly Leu Lys Glu Leu Pro Met Arg Asn Leu Gln Glu Ile Leu
130 135 140

His Gly Ala Val Arg Phe Ser Asn Asn Pro Ala Leu Cys Asn Val Glu
145 150 155 160

Ser Ile Gln Trp Arg Asp Ile Val Ser Ser Asp Phe Leu Ser Asn Met
165 170 175

Ser Met Asp Phe Gln Asn His Leu Gly Ser Cys Gln Lys Cys Asp Pro
180 185 190

Ser Cys Pro Asn Gly Ser Cys Trp Gly Ala Gly Glu Glu Asn Cys Gln
195 200 205

Lys Leu Thr Lys Ile Ile Cys Ala Gln Gln Cys Ser Gly Arg Cys Arg
210 215 220

Gly Lys Ser Pro Ser Asp Cys Cys His Asn Gln Cys Ala Ala Gly Cys
225 230 235 240

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

Gly Ser Cys Val Arg Ala Cys Gly Ala Asp Ser Tyr Glu Met Glu Glu
305 310 315 320
Asp Gly Val Arg Lys Cys Lys Lys Cys Glu Gly Pro Cys Arg Lys Val
325 330 335
Cys Asn Gly Ile Gly Ile Gly Glu Phe Lys Asp Ser Leu Ser Ile Asn
340 345 350
Ala Thr Asn Ile Lys His Phe Lys Asn Cys Thr Ser Ile Ser Gly Asp
355 360 365

Leu His Ile Leu Pro Val Ala Phe Arg Gly Asp Ser Phe Thr His Thr
370 375 380
Pro Pro Leu Asp Pro Gln Glu Leu Asp Ile Leu Lys Thr Val Lys Glu
385 390 395 400
Ile Thr Gly Leu Ser
405

<210> 337
<211> 1210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> EGFR__Homo_sapiens__P00533
<400> 337
Met Arg Pro Ser Gly Thr Ala Gly Ala Ala Leu Leu Ala Leu Leu Ala
1 5 10 15

Ala Leu Cys Pro Ala Ser Arg Ala Leu Glu Glu Lys Lys Val Cys Gln
20 25 30

Gly Thr Ser Asn Lys Leu Thr Gln Leu Gly Thr Phe Glu Asp His Phe
35 40 45
Leu Ser Leu Gln Arg Met Phe Asn Asn Cys Glu Val Val Leu Gly Asn
50 55 60
Leu Glu Ile Thr Tyr Val Gln Arg Asn Tyr Asp Leu Ser Phe Leu Lys
65 70 75 80

Thr Ile Gln Glu Val Ala Gly Tyr Val Leu Ile Ala Leu Asn Thr Val
85 90 95
Glu Arg Ile Pro Leu Glu Asn Leu Gln Ile Ile Arg Gly Asn Met Tyr
100 105 110
Tyr Glu Asn Ser Tyr Ala Leu Ala Val Leu Ser Asn Tyr Asp Ala Asn
115 120 125
Lys Thr Gly Leu Lys Glu Leu Pro Met Arg Asn Leu Gln Glu Ile Leu
130 135 140

His Gly Ala Val Arg Phe Ser Asn Asn Pro Ala Leu Cys Asn Val Glu
145 150 155 160
Ser Ile Gln Trp Arg Asp Ile Val Ser Ser Asp Phe Leu Ser Asn Met
165 170 175
Ser Met Asp Phe Gln Asn His Leu Gly Ser Cys Gln Lys Cys Asp Pro
180 185 190
Ser Cys Pro Asn Gly Ser Cys Trp Gly Ala Gly Glu Glu Asn Cys Gln
195 200 205

Lys Leu Thr Lys Ile Ile Cys Ala Gln Gln Cys Ser Gly Arg Cys Arg
210 215 220
Gly Lys Ser Pro Ser Asp Cys Cys His Asn Gln Cys Ala Ala Gly Cys
225 230 235 240
Thr Gly Pro Arg Glu Ser Asp Cys Leu Val Cys Arg Lys Phe Arg Asp
245 250 255
Glu Ala Thr Cys Lys Asp Thr Cys Pro Pro Leu Met Leu Tyr Asn Pro
260 265 270

Thr Thr Tyr Gln Met Asp Val Asn Pro Glu Gly Lys Tyr Ser Phe Gly

275 280 285

Ala Thr Cys Val Lys Lys Cys Pro Arg Asn Tyr Val Val Thr Asp His

290 295 300

Gly Ser Cys Val Arg Ala Cys Gly Ala Asp Ser Tyr Glu Met Glu Glu

305 310 315 320

Asp Gly Val Arg Lys Cys Lys Lys Cys Glu Gly Pro Cys Arg Lys Val

325 330 335

Cys Asn Gly Ile Gly Ile Gly Glu Phe Lys Asp Ser Leu Ser Ile Asn

340 345 350

Ala Thr Asn Ile Lys His Phe Lys Asn Cys Thr Ser Ile Ser Gly Asp

355 360 365

Leu His Ile Leu Pro Val Ala Phe Arg Gly Asp Ser Phe Thr His Thr

370 375 380

Pro Pro Leu Asp Pro Gln Glu Leu Asp Ile Leu Lys Thr Val Lys Glu

385 390 395 400

Ile Thr Gly Phe Leu Leu Ile Gln Ala Trp Pro Glu Asn Arg Thr Asp

405 410 415

Leu His Ala Phe Glu Asn Leu Glu Ile Ile Arg Gly Arg Thr Lys Gln

420 425 430

His Gly Gln Phe Ser Leu Ala Val Val Ser Leu Asn Ile Thr Ser Leu

435 440 445

Gly Leu Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Asp Gly Asp Val Ile Ile Ser

450 455 460

Gly Asn Lys Asn Leu Cys Tyr Ala Asn Thr Ile Asn Trp Lys Lys Leu

465 470 475 480

Phe Gly Thr Ser Gly Gln Lys Thr Lys Ile Ile Ser Asn Arg Gly Glu

485 490 495

Asn Ser Cys Lys Ala Thr Gly Gln Val Cys His Ala Leu Cys Ser Pro

500 505 510

Glu Gly Cys Trp Gly Pro Glu Pro Arg Asp Cys Val Ser Cys Arg Asn

515 520 525

Val Ser Arg Gly Arg Glu Cys Val Asp Lys Cys Asn Leu Leu Glu Gly
530 535 540
Glu Pro Arg Glu Phe Val Glu Asn Ser Glu Cys Ile Gln Cys His Pro
545 550 555 560
Glu Cys Leu Pro Gln Ala Met Asn Ile Thr Cys Thr Gly Arg Gly Pro
565 570 575
Asp Asn Cys Ile Gln Cys Ala His Tyr Ile Asp Gly Pro His Cys Val
580 585 590

Lys Thr Cys Pro Ala Gly Val Met Gly Glu Asn Asn Thr Leu Val Trp
595 600 605
Lys Tyr Ala Asp Ala Gly His Val Cys His Leu Cys His Pro Asn Cys
610 615 620
Thr Tyr Gly Cys Thr Gly Pro Gly Leu Glu Gly Cys Pro Thr Asn Gly
625 630 635 640
Pro Lys Ile Pro Ser Ile Ala Thr Gly Met Val Gly Ala Leu Leu Leu
645 650 655

Leu Leu Val Val Ala Leu Gly Ile Gly Leu Phe Met Arg Arg Arg His
660 665 670
Ile Val Arg Lys Arg Thr Leu Arg Arg Leu Leu Gln Glu Arg Glu Leu
675 680 685
Val Glu Pro Leu Thr Pro Ser Gly Glu Ala Pro Asn Gln Ala Leu Leu
690 695 700
Arg Ile Leu Lys Glu Thr Glu Phe Lys Lys Ile Lys Val Leu Gly Ser
705 710 715 720

Gly Ala Phe Gly Thr Val Tyr Lys Gly Leu Trp Ile Pro Glu Gly Glu
725 730 735
Lys Val Lys Ile Pro Val Ala Ile Lys Glu Leu Arg Glu Ala Thr Ser
740 745 750
Pro Lys Ala Asn Lys Glu Ile Leu Asp Glu Ala Tyr Val Met Ala Ser
755 760 765
Val Asp Asn Pro His Val Cys Arg Leu Leu Gly Ile Cys Leu Thr Ser

770 775 780

Thr Val Gln Leu Ile Thr Gln Leu Met Pro Phe Gly Cys Leu Leu Asp
785 790 795 800
Tyr Val Arg Glu His Lys Asp Asn Ile Gly Ser Gln Tyr Leu Leu Asn
805 810 815
Trp Cys Val Gln Ile Ala Lys Gly Met Asn Tyr Leu Glu Asp Arg Arg
820 825 830
Leu Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Val Lys Thr Pro
835 840 845

Gln His Val Lys Ile Thr Asp Phe Gly Leu Ala Lys Leu Leu Gly Ala
850 855 860
Glu Glu Lys Glu Tyr His Ala Glu Gly Gly Lys Val Pro Ile Lys Trp
865 870 875 880
Met Ala Leu Glu Ser Ile Leu His Arg Ile Tyr Thr His Gln Ser Asp
885 890 895
Val Trp Ser Tyr Gly Val Thr Val Trp Glu Leu Met Thr Phe Gly Ser
900 905 910

Lys Pro Tyr Asp Gly Ile Pro Ala Ser Glu Ile Ser Ser Ile Leu Glu
915 920 925
Lys Gly Glu Arg Leu Pro Gln Pro Pro Ile Cys Thr Ile Asp Val Tyr
930 935 940
Met Ile Met Val Lys Cys Trp Met Ile Asp Ala Asp Ser Arg Pro Lys
945 950 955 960
Phe Arg Glu Leu Ile Ile Glu Phe Ser Lys Met Ala Arg Asp Pro Gln
965 970 975

Arg Tyr Leu Val Ile Gln Gly Asp Glu Arg Met His Leu Pro Ser Pro
980 985 990
Thr Asp Ser Asn Phe Tyr Arg Ala Leu Met Asp Glu Glu Asp Met Asp
995 1000 1005
Asp Val Val Asp Ala Asp Glu Tyr Leu Ile Pro Gln Gln Gly Phe
1010 1015 1020

Phe Ser Ser Pro Ser Thr Ser Arg Thr Pro Leu Leu Ser Ser Leu
1025 1030 1035

Ser Ala Thr Ser Asn Asn Ser Thr Val Ala Cys Ile Asp Arg Asn
1040 1045 1050
Gly Leu Gln Ser Cys Pro Ile Lys Glu Asp Ser Phe Leu Gln Arg
1055 1060 1065
Tyr Ser Ser Asp Pro Thr Gly Ala Leu Thr Glu Asp Ser Ile Asp
1070 1075 1080
Asp Thr Phe Leu Pro Val Pro Glu Tyr Ile Asn Gln Ser Val Pro
1085 1090 1095

Lys Arg Pro Ala Gly Ser Val Gln Asn Pro Val Tyr His Asn Gln
1100 1105 1110
Pro Leu Asn Pro Ala Pro Ser Arg Asp Pro His Tyr Gln Asp Pro
1115 1120 1125
His Ser Thr Ala Val Gly Asn Pro Glu Tyr Leu Asn Thr Val Gln
1130 1135 1140
Pro Thr Cys Val Asn Ser Thr Phe Asp Ser Pro Ala His Trp Ala
1145 1150 1155

Gln Lys Gly Ser His Gln Ile Ser Leu Asp Asn Pro Asp Tyr Gln
1160 1165 1170
Gln Asp Phe Phe Pro Lys Glu Ala Lys Pro Asn Gly Ile Phe Lys
1175 1180 1185
Gly Ser Thr Ala Glu Asn Ala Glu Tyr Leu Arg Val Ala Pro Gln
1190 1195 1200
Ser Ser Glu Phe Ile Gly Ala
1205 1210
<210> 338
<211> 464
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> EGFR__Homo_sapiens__Q147T7

<400> 338

Met Ala Ala Glu Asp Val Ile Ile Cys Ala Gln Gln Cys Ser Gly Arg
1 5 10 15

Cys Arg Gly Lys Ser Pro Ser Asp Cys Cys His Asn Gln Cys Ala Ala
20 25 30

Gly Cys Thr Gly Pro Arg Glu Ser Asp Cys Leu Val Cys Arg Lys Phe
35 40 45

Arg Asp Glu Ala Thr Cys Lys Asp Thr Cys Pro Pro Leu Met Leu Tyr
50 55 60

Asn Pro Thr Thr Tyr Gln Met Asp Val Asn Pro Glu Gly Lys Tyr Ser
65 70 75 80

Phe Gly Ala Thr Cys Val Lys Lys Cys Pro Arg Asn Tyr Val Val Thr
85 90 95

Asp His Gly Ser Cys Val Arg Ala Cys Gly Ala Asp Ser Tyr Glu Met
100 105 110

Glu Glu Asp Gly Val Arg Lys Cys Lys Lys Cys Glu Gly Pro Cys Arg
115 120 125

Lys Val Cys Asn Gly Ile Gly Ile Gly Glu Phe Lys Asp Ser Leu Ser
130 135 140

Ile Asn Ala Thr Asn Ile Lys His Phe Lys Asn Cys Thr Ser Ile Ser
145 150 155 160

Gly Asp Leu His Ile Leu Pro Val Ala Phe Arg Gly Asp Ser Phe Thr
165 170 175

His Thr Pro Pro Leu Asp Pro Gln Glu Leu Asp Ile Leu Lys Thr Val
180 185 190

Lys Glu Ile Thr Gly Phe Leu Leu Ile Gln Ala Trp Pro Glu Asn Arg
195 200 205

Thr Asp Leu His Ala Phe Glu Asn Leu Glu Ile Ile Arg Gly Arg Thr
210 215 220

Lys Gln His Gly Gln Phe Ser Leu Ala Val Val Ser Leu Asn Ile Thr
225 230 235 240

Ser Leu Gly Leu Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Asp Gly Asp Val Ile

245 250 255

Ile Ser Gly Asn Lys Asn Leu Cys Tyr Ala Asn Thr Ile Asn Trp Lys

260 265 270

Lys Leu Phe Gly Thr Ser Gly Gln Lys Thr Lys Ile Ile Ser Asn Arg

275 280 285

Gly Glu Asn Ser Cys Lys Ala Thr Gly Gln Val Cys His Ala Leu Cys

290 295 300

Ser Pro Glu Gly Cys Trp Gly Pro Glu Pro Arg Asp Cys Val Ser Cys

305 310 315 320

Arg Asn Val Ser Arg Gly Arg Glu Cys Val Asp Lys Cys Asn Leu Leu

325 330 335

Glu Gly Glu Pro Arg Glu Phe Val Glu Asn Ser Glu Cys Ile Gln Cys

340 345 350

His Pro Glu Cys Leu Pro Gln Ala Met Asn Ile Thr Cys Thr Gly Arg

355 360 365

Gly Pro Asp Asn Cys Ile Gln Cys Ala His Tyr Ile Asp Gly Pro His

370 375 380

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

385 390 395 400

Val Trp Lys Tyr Ala Asp Ala Gly His Val Cys His Leu Cys His Pro

405 410 415

Asn Cys Thr Tyr Gly Cys Thr Gly Pro Gly Leu Glu Gly Cys Pro Thr

420 425 430

Asn Gly Pro Lys Ile Pro Ser Ile Ala Thr Gly Met Val Gly Ala Leu

435 440 445

Leu Leu Leu Leu Val Val Ala Leu Gly Ile Gly Pro Leu His Gly Arg

450 455 460

<210> 339

<211> 1091

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EGFR__Homo_sapiens__Q504U8

<400> 339

Met Arg Pro Ser Gly Thr Ala Gly Ala Ala Leu Leu Ala Leu Leu Ala
1 5 10 15
Ala Leu Cys Pro Ala Ser Arg Ala Leu Glu Glu Lys Lys Val Cys Gln
20 25 30

Gly Thr Ser Asn Lys Leu Thr Gln Leu Gly Thr Phe Glu Asp His Phe
35 40 45
Leu Ser Leu Gln Arg Met Phe Asn Asn Cys Glu Val Val Leu Gly Asn
50 55 60
Leu Glu Ile Thr Tyr Val Gln Arg Asn Tyr Asp Leu Ser Phe Leu Lys
65 70 75 80
Thr Ile Gln Glu Val Ala Gly Tyr Val Leu Ile Ala Leu Asn Thr Val
85 90 95

Glu Arg Ile Pro Leu Glu Asn Leu Gln Ile Ile Arg Gly Asn Met Tyr
100 105 110
Tyr Glu Asn Ser Tyr Ala Leu Ala Val Leu Ser Asn Tyr Asp Ala Asn
115 120 125
Lys Thr Gly Leu Lys Glu Leu Pro Met Arg Asn Leu Gln Gly Gln Lys
130 135 140
Cys Asp Pro Ser Cys Pro Asn Gly Ser Cys Trp Gly Ala Gly Glu Glu
145 150 155 160

Asn Cys Gln Lys Leu Thr Lys Ile Ile Cys Ala Gln Gln Cys Ser Gly
165 170 175
Arg Cys Arg Gly Lys Ser Pro Ser Asp Cys Cys His Asn Gln Cys Ala
180 185 190
Ala Gly Cys Thr Gly Pro Arg Glu Ser Asp Cys Leu Val Cys Arg Lys
195 200 205
Phe Arg Asp Glu Ala Thr Cys Lys Asp Thr Cys Pro Pro Leu Met Leu
210 215 220

Tyr Asn Pro Thr Thr Tyr Gln Met Asp Val Asn Pro Glu Gly Lys Tyr
225 230 235 240
Ser Phe Gly Ala Thr Cys Val Lys Lys Cys Pro Arg Asn Tyr Val Val
245 250 255
Thr Asp His Gly Ser Cys Val Arg Ala Cys Gly Ala Asp Ser Tyr Glu
260 265 270
Met Glu Glu Asp Gly Val Arg Lys Cys Lys Lys Cys Glu Gly Pro Cys
275 280 285

Arg Lys Val Cys Asn Gly Ile Gly Ile Gly Glu Phe Lys Asp Ser Leu
290 295 300
Ser Ile Asn Ala Thr Asn Ile Lys His Phe Lys Asn Cys Thr Ser Ile
305 310 315 320
Ser Gly Asp Leu His Ile Leu Pro Val Ala Phe Arg Gly Asp Ser Phe
325 330 335
Thr His Thr Pro Pro Leu Asp Pro Gln Glu Leu Asp Ile Leu Lys Thr
340 345 350

Val Lys Glu Ile Thr Gly Phe Leu Leu Ile Gln Ala Trp Pro Glu Asn
355 360 365
Arg Thr Asp Leu His Ala Phe Glu Asn Leu Glu Ile Ile Arg Gly Arg
370 375 380
Thr Lys Gln His Gly Gln Phe Ser Leu Ala Val Val Ser Leu Asn Ile
385 390 395 400
Thr Ser Leu Gly Leu Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Asp Gly Asp Val
405 410 415

Ile Ile Ser Gly Asn Lys Asn Leu Cys Tyr Ala Asn Thr Ile Asn Trp
420 425 430
Lys Lys Leu Phe Gly Thr Ser Gly Gln Lys Thr Lys Ile Ile Ser Asn
435 440 445
Arg Gly Glu Asn Ser Cys Lys Ala Thr Gly Gln Val Cys His Ala Leu
450 455 460
Cys Ser Pro Glu Gly Cys Trp Gly Pro Glu Pro Arg Asp Cys Val Ser

465 470 475 480

Cys Arg Asn Val Ser Arg Gly Arg Glu Cys Val Asp Lys Cys Asn Leu
485 490 495
Leu Glu Gly Glu Pro Arg Glu Phe Val Glu Asn Ser Glu Cys Ile Gln
500 505 510
Cys His Pro Glu Cys Leu Pro Gln Ala Met Asn Ile Thr Cys Thr Gly
515 520 525
Arg Gly Pro Asp Asn Cys Ile Gln Cys Ala His Tyr Ile Asp Gly Pro
530 535 540

His Cys Val Lys Thr Cys Pro Ala Gly Val Met Gly Glu Asn Asn Thr
545 550 555 560
Leu Val Trp Lys Tyr Ala Asp Ala Gly His Val Cys His Leu Cys His
565 570 575
Pro Asn Cys Thr Tyr Gly Cys Thr Gly Pro Gly Leu Glu Gly Cys Pro
580 585 590
Thr Asn Gly Pro Lys Ile Pro Ser Ile Ala Thr Gly Met Val Gly Ala
595 600 605

Leu Leu Leu Leu Leu Val Val Ala Leu Gly Ile Gly Leu Phe Met Arg
610 615 620
Arg Arg His Ile Val Arg Lys Arg Thr Leu Arg Arg Leu Leu Gln Glu
625 630 635 640
Arg Glu Leu Val Glu Pro Leu Thr Pro Ser Gly Glu Ala Pro Asn Gln
645 650 655
Ala Leu Leu Arg Ile Leu Lys Glu Thr Glu Phe Lys Lys Ile Lys Val
660 665 670

Leu Gly Ser Gly Ala Phe Gly Thr Val Tyr Lys Gly Leu Trp Ile Pro
675 680 685
Glu Gly Glu Lys Val Lys Ile Pro Val Ala Ile Lys Glu Leu Arg Glu
690 695 700
Ala Thr Ser Pro Lys Ala Asn Lys Glu Ile Leu Asp Glu Ala Tyr Val
705 710 715 720

Met Ala Ser Val Asp Asn Pro His Val Cys Arg Leu Leu Gly Ile Cys
725 730 735

Leu Thr Ser Thr Val Gln Leu Ile Thr Gln Leu Met Pro Phe Gly Cys
740 745 750
Leu Leu Asp Tyr Val Arg Glu His Lys Asp Asn Ile Gly Ser Gln Tyr
755 760 765
Leu Leu Asn Trp Cys Val Gln Ile Ala Lys Gly Met Asn Tyr Leu Glu
770 775 780
Asp Arg Arg Leu Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Val
785 790 795 800

Lys Thr Pro Gln His Val Lys Ile Thr Asp Phe Gly Leu Ala Lys Leu
805 810 815
Leu Gly Ala Glu Glu Lys Glu Tyr His Ala Glu Gly Gly Lys Val Pro
820 825 830
Ile Lys Trp Met Ala Leu Glu Ser Ile Leu His Arg Ile Tyr Thr His
835 840 845
Gln Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Val Thr Val Trp Glu Leu Met Thr
850 855 860

Phe Gly Ser Lys Pro Tyr Asp Gly Ile Pro Ala Ser Glu Ile Ser Ser
865 870 875 880
Ile Leu Glu Lys Gly Glu Arg Leu Pro Gln Pro Pro Ile Cys Thr Ile
885 890 895
Asp Val Tyr Met Ile Met Val Lys Cys Trp Met Ile Asp Ala Asp Ser
900 905 910
Arg Pro Lys Phe Arg Glu Leu Ile Ile Glu Phe Ser Lys Met Ala Arg
915 920 925

Asp Pro Gln Arg Tyr Leu Val Ile Gln Gly Asp Glu Arg Met His Leu
930 935 940
Pro Ser Pro Thr Asp Ser Asn Phe Tyr Arg Ala Leu Met Asp Glu Glu
945 950 955 960
Asp Met Asp Asp Val Val Asp Ala Asp Glu Tyr Leu Ile Pro Gln Gln

965 970 975

Gly Phe Phe Ser Ser Pro Ser Thr Ser Arg Thr Pro Leu Leu Ser Ser

980 985 990

Leu Ser Ala Thr Ser Asn Asn Ser Thr Val Ala Cys Ile Asp Arg Asn

995 1000 1005

Gly Leu Gln Ser Cys Pro Ile Lys Glu Asp Ser Phe Leu Gln Arg

1010 1015 1020

Tyr Ser Ser Asp Pro Thr Gly Ala Leu Thr Glu Asp Ser Ile Asp

1025 1030 1035

Asp Thr Phe Leu Pro Val Pro Gly Glu Trp Leu Val Trp Lys Gln

1040 1045 1050

Ser Cys Ser Ser Thr Ser Ser Thr His Ser Ala Ala Ala Ser Leu

1055 1060 1065

Gln Cys Pro Ser Gln Val Leu Pro Pro Ala Ser Pro Glu Gly Glu

1070 1075 1080

Thr Val Ala Asp Leu Gln Thr Gln

1085 1090

<210> 340

<211> 71

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EGFR__Homo_sapiens__Q8NDU8

<400> 340

Met Arg Pro Ser Gly Thr Ala Gly Ala Ala Leu Leu Ala Leu Leu Ala

1 5 10 15

Ala Leu Cys Pro Ala Ser Arg Ala Leu Glu Glu Lys Lys Gly Lys Gly

20 25 30

Val Ser Arg Arg Leu Pro Arg Arg Pro Arg Ile Ala Pro Arg Thr Pro

35 40 45

Gln Pro Ala Gln Pro Arg Thr Gly Ala Pro Ala Arg Ala Arg Ala Pro

50 55 60

Ala Arg Pro Phe Leu Phe Pro

65 70

<210> 341

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EGLN3__Homo_sapiens__Q9H6Z9

<400> 341

Met Pro Leu Gly His Ile Met Arg Leu Asp Leu Glu Lys Ile Ala Leu
1 5 10 15

Glu Tyr Ile Val Pro Cys Leu His Glu Val Gly Phe Cys Tyr Leu Asp
20 25 30

Asn Phe Leu Gly Glu Val Val Gly Asp Cys Val Leu Glu Arg Val Lys
35 40 45

Gln Leu His Cys Thr Gly Ala Leu Arg Asp Gly Gln Leu Ala Gly Pro
50 55 60

Arg Ala Gly Val Ser Lys Arg His Leu Arg Gly Asp Gln Ile Thr Trp
65 70 75 80

Ile Gly Gly Asn Glu Glu Gly Cys Glu Ala Ile Ser Phe Leu Leu Ser
85 90 95

Leu Ile Asp Arg Leu Val Leu Tyr Cys Gly Ser Arg Leu Gly Lys Tyr
100 105 110

Tyr Val Lys Glu Arg Ser Lys Ala Met Val Ala Cys Tyr Pro Gly Asn
115 120 125

Gly Thr Gly Tyr Val Arg His Val Asp Asn Pro Asn Gly Asp Gly Arg
130 135 140

Cys Ile Thr Cys Ile Tyr Tyr Leu Asn Lys Asn Trp Asp Ala Lys Leu
145 150 155 160

His Gly Gly Ile Leu Arg Ile Phe Pro Glu Gly Lys Ser Phe Ile Ala
165 170 175

Asp Val Glu Pro Ile Phe Asp Arg Leu Leu Phe Phe Trp Ser Asp Arg
180 185 190

Arg Asn Pro His Glu Val Gln Pro Ser Tyr Ala Thr Arg Tyr Ala Met

195 200 205

Thr Val Trp Tyr Phe Asp Ala Glu Glu Arg Ala Glu Ala Lys Lys Lys

210 215 220

Phe Arg Asn Leu Thr Arg Lys Thr Glu Ser Ala Leu Thr Glu Asp

225 230 235

<210> 342

<211> 521

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ELF2/m__Homo_sapiens__B7Z720

<400> 342

Met Ala Thr Ser Leu His Glu Gly Pro Thr Asn Gln Leu Asp Leu Leu

1 5 10 15

Ile Arg Ala Val Glu Ala Ser Val His Ser Ser Asn Ala His Cys Thr

20 25 30

Asp Lys Thr Ile Glu Ala Ala Glu Ala Leu Leu His Met Glu Ser Pro

35 40 45

Thr Cys Leu Arg Asp Ser Arg Ser Pro Glu Phe Ile His Ala Ala Met

50 55 60

Arg Pro Asp Val Ile Thr Glu Thr Val Val Glu Val Ser Thr Glu Glu

65 70 75 80

Ser Glu Pro Met Asp Thr Ser Pro Ile Pro Thr Ser Pro Asp Ser His

85 90 95

Glu Pro Met Lys Lys Lys Lys Val Gly Arg Lys Pro Lys Thr Gln Gln

100 105 110

Ser Pro Ile Ser Asn Gly Ser Pro Glu Leu Gly Ile Lys Lys Lys Pro

115 120 125

Arg Glu Gly Lys Gly Asn Thr Thr Tyr Leu Trp Glu Phe Leu Leu Asp

130 135 140

Leu Leu Gln Asp Lys Asn Thr Cys Pro Arg Tyr Ile Lys Trp Thr Gln

145 150 155 160

Arg Glu Lys Gly Ile Phe Lys Leu Val Asp Ser Lys Ala Val Ser Lys
165 170 175
Leu Trp Gly Lys His Lys Asn Lys Pro Asp Met Asn Tyr Glu Thr Met

180 185 190
Gly Arg Ala Leu Arg Tyr Tyr Tyr Gln Arg Gly Ile Leu Ala Lys Val
195 200 205
Glu Gly Gln Arg Leu Val Tyr Gln Phe Lys Asp Met Pro Lys Asn Ile
210 215 220
Val Val Ile Asp Asp Asp Lys Ser Glu Thr Cys Asn Glu Asp Leu Ala
225 230 235 240
Gly Thr Thr Asp Glu Lys Ser Leu Glu Arg Val Ser Leu Ser Ala Glu

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

305 310 315 320
Gln Val Pro Val Val Met Thr Ser Leu Gly Gln Lys Ile Ser Thr Val
325 330 335
Ala Val Gln Ser Val Asn Ala Gly Ala Pro Leu Ile Thr Ser Thr Ser
340 345 350
Pro Thr Thr Ala Thr Ser Pro Lys Val Val Ile Gln Thr Ile Pro Thr
355 360 365
Val Met Pro Ala Ser Thr Glu Asn Gly Asp Lys Ile Thr Met Gln Pro

370 375 380
Ala Lys Ile Ile Thr Ile Pro Ala Thr Gln Leu Ala Gln Cys Gln Leu
385 390 395 400
Gln Thr Lys Ser Asn Leu Thr Gly Ser Gly Ser Ile Asn Ile Val Gly

405 410 415

Thr Pro Leu Ala Val Arg Ala Leu Thr Pro Val Ser Ile Ala His Gly

420 425 430

Thr Pro Val Met Arg Leu Ser Met Pro Thr Gln Gln Ala Ser Gly Gln

435 440 445

Thr Pro Pro Arg Val Ile Ser Ala Val Ile Lys Gly Pro Glu Val Lys

450 455 460

Ser Glu Ala Val Ala Lys Lys Gln Glu His Asp Val Lys Thr Leu Gln

465 470 475 480

Leu Val Glu Glu Lys Pro Ala Asp Gly Asn Lys Thr Val Thr His Val

485 490 495

Val Val Val Ser Ala Pro Ser Ala Ile Ala Leu Pro Val Thr Met Lys

500 505 510

Thr Glu Gly Leu Val Thr Cys Glu Lys

515 520

<210> 343

<211> 269

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EMMPRIN__Homo_sapiens__Q54A51

<400> 343

Met Ala Ala Ala Leu Phe Val Leu Leu Gly Phe Ala Leu Leu Gly Thr

1 5 10 15

His Gly Ala Ser Gly Ala Ala Gly Thr Val Phe Thr Thr Val Glu Asp

20 25 30

Leu Gly Ser Lys Ile Leu Leu Thr Cys Ser Leu Asn Asp Ser Ala Thr

35 40 45

Glu Val Thr Gly His Arg Trp Leu Lys Gly Gly Val Val Leu Lys Glu

50 55 60

Asp Ala Leu Pro Gly Gln Lys Thr Glu Phe Lys Val Asp Ser Asp Asp

65 70 75 80

Gln Trp Gly Glu Tyr Ser Cys Val Phe Leu Pro Glu Pro Met Gly Thr

85 90 95

Ala Asn Ile Gln Leu His Gly Pro Pro Arg Val Lys Ala Val Lys Ser
100 105 110
Ser Glu His Ile Asn Glu Gly Glu Thr Ala Met Leu Val Cys Lys Ser
115 120 125
Glu Ser Val Pro Pro Val Thr Asp Trp Ala Trp Tyr Lys Ile Thr Asp
130 135 140
Ser Glu Asp Lys Ala Leu Met Asn Gly Ser Glu Ser Arg Phe Phe Val
145 150 155 160

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

Ile Ile Phe Ile Tyr Glu Lys Arg Arg Lys Pro Glu Asp Val Leu Asp
225 230 235 240
Asp Asp Asp Ala Gly Ser Ala Pro Leu Lys Ser Ser Gly Gln His Gln
245 250 255
Asn Asp Lys Gly Lys Asn Val Arg Gln Arg Asn Ser Ser
260 265

<210> 344
<211> 314
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> EpCam__Homo_sapiens__P16422
<400> 344
Met Ala Pro Pro Gln Val Leu Ala Phe Gly Leu Leu Leu Ala Ala Ala

1 5 10 15

Thr Ala Thr Phe Ala Ala Ala Gln Glu Glu Cys Val Cys Glu Asn Tyr
20 25 30
Lys Leu Ala Val Asn Cys Phe Val Asn Asn Asn Arg Gln Cys Gln Cys
35 40 45
Thr Ser Val Gly Ala Gln Asn Thr Val Ile Cys Ser Lys Leu Ala Ala
50 55 60
Lys Cys Leu Val Met Lys Ala Glu Met Asn Gly Ser Lys Leu Gly Arg

65 70 75 80
Arg Ala Lys Pro Glu Gly Ala Leu Gln Asn Asn Asp Gly Leu Tyr Asp
85 90 95
Pro Asp Cys Asp Glu Ser Gly Leu Phe Lys Ala Lys Gln Cys Asn Gly
100 105 110
Thr Ser Met Cys Trp Cys Val Asn Thr Ala Gly Val Arg Arg Thr Asp
115 120 125
Lys Asp Thr Glu Ile Thr Cys Ser Glu Arg Val Arg Thr Tyr Trp Ile

130 135 140
Ile Ile Glu Leu Lys His Lys Ala Arg Glu Lys Pro Tyr Asp Ser Lys
145 150 155 160
Ser Leu Arg Thr Ala Leu Gln Lys Glu Ile Thr Thr Arg Tyr Gln Leu
165 170 175
Asp Pro Lys Phe Ile Thr Ser Ile Leu Tyr Glu Asn Asn Val Ile Thr
180 185 190
Ile Asp Leu Val Gln Asn Ser Ser Gln Lys Thr Gln Asn Asp Val Asp

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

260 265 270

Val Val Val Val Ile Ala Val Val Ala Gly Ile Val Val Leu Val Ile

275 280 285

Ser Arg Lys Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu Ile Lys Glu

290 295 300

Met Gly Glu Met His Arg Glu Leu Asn Ala

305 310

<210> 345

<211> 976

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EphA2__Homo_sapiens__P29317

<400

> 345

Met Glu Leu Gln Ala Ala Arg Ala Cys Phe Ala Leu Leu Trp Gly Cys

1 5 10 15

Ala Leu Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gln Gly Lys Glu Val Val Leu Leu

20 25 30

Asp Phe Ala Ala Ala Gly Gly Glu Leu Gly Trp Leu Thr His Pro Tyr

35 40 45

Gly Lys Gly Trp Asp Leu Met Gln Asn Ile Met Asn Asp Met Pro Ile

50 55 60

Tyr Met Tyr Ser Val Cys Asn Val Met Ser Gly Asp Gln Asp Asn Trp

65 70 75 80

Leu Arg Thr Asn Trp Val Tyr Arg Gly Glu Ala Glu Arg Ile Phe Ile

85 90 95

Glu Leu Lys Phe Thr Val Arg Asp Cys Asn Ser Phe Pro Gly Gly Ala

100 105 110

Ser Ser Cys Lys Glu Thr Phe Asn Leu Tyr Tyr Ala Glu Ser Asp Leu

115 120 125

Asp Tyr Gly Thr Asn Phe Gln Lys Arg Leu Phe Thr Lys Ile Asp Thr

130 135 140

Ile Ala Pro Asp Glu Ile Thr Val Ser Ser Asp Phe Glu Ala Arg His

145 150 155 160

Val Lys Leu Asn Val Glu Glu Arg Ser Val Gly Pro Leu Thr Arg Lys

165 170 175

Gly Phe Tyr Leu Ala Phe Gln Asp Ile Gly Ala Cys Val Ala Leu Leu

180 185 190

Ser Val Arg Val Tyr Tyr Lys Lys Cys Pro Glu Leu Leu Gln Gly Leu

195 200 205

Ala His Phe Pro Glu Thr Ile Ala Gly Ser Asp Ala Pro Ser Leu Ala

210 215 220

Thr Val Ala Gly Thr Cys Val Asp His Ala Val Val Pro Pro Gly Gly

225 230 235 240

Glu Glu Pro Arg Met His Cys Ala Val Asp Gly Glu Trp Leu Val Pro

245 250 255

Ile Gly Gln Cys Leu Cys Gln Ala Gly Tyr Glu Lys Val Glu Asp Ala

260 265 270

Cys Gln Ala Cys Ser Pro Gly Phe Phe Lys Phe Glu Ala Ser Glu Ser

275 280 285

Pro Cys Leu Glu Cys Pro Glu His Thr Leu Pro Ser Pro Glu Gly Ala

290 295 300

Thr Ser Cys Glu Cys Glu Glu Gly Phe Phe Arg Ala Pro Gln Asp Pro

305 310 315 320

Ala Ser Met Pro Cys Thr Arg Pro Pro Ser Ala Pro His Tyr Leu Thr

325 330 335

Ala Val Gly Met Gly Ala Lys Val Glu Leu Arg Trp Thr Pro Pro Gln

340 345 350

Asp Ser Gly Gly Arg Glu Asp Ile Val Tyr Ser Val Thr Cys Glu Gln

355 360 365

Cys Trp Pro Glu Ser Gly Glu Cys Gly Pro Cys Glu Ala Ser Val Arg

370 375 380

Tyr Ser Glu Pro Pro His Gly Leu Thr Arg Thr Ser Val Thr Val Ser

385 390 395 400

Asp Leu Glu Pro His Met Asn Tyr Thr Phe Thr Val Glu Ala Arg Asn
405 410 415
Gly Val Ser Gly Leu Val Thr Ser Arg Ser Phe Arg Thr Ala Ser Val
420 425 430
Ser Ile Asn Gln Thr Glu Pro Pro Lys Val Arg Leu Glu Gly Arg Ser
435 440 445

Thr Thr Ser Leu Ser Val Ser Trp Ser Ile Pro Pro Pro Gln Gln Ser
450 455 460
Arg Val Trp Lys Tyr Glu Val Thr Tyr Arg Lys Lys Gly Asp Ser Asn
465 470 475 480
Ser Tyr Asn Val Arg Arg Thr Glu Gly Phe Ser Val Thr Leu Asp Asp
485 490 495
Leu Ala Pro Asp Thr Thr Tyr Leu Val Gln Val Gln Ala Leu Thr Gln
500 505 510

Glu Gly Gln Gly Ala Gly Ser Lys Val His Glu Phe Gln Thr Leu Ser
515 520 525
Pro Glu Gly Ser Gly Asn Leu Ala Val Ile Gly Gly Val Ala Val Gly
530 535 540
Val Val Leu Leu Leu Val Leu Ala Gly Val Gly Phe Phe Ile His Arg
545 550 555 560
Arg Arg Lys Asn Gln Arg Ala Arg Gln Ser Pro Glu Asp Val Tyr Phe
565 570 575

Ser Lys Ser Glu Gln Leu Lys Pro Leu Lys Thr Tyr Val Asp Pro His
580 585 590
Thr Tyr Glu Asp Pro Asn Gln Ala Val Leu Lys Phe Thr Thr Glu Ile
595 600 605
His Pro Ser Cys Val Thr Arg Gln Lys Val Ile Gly Ala Gly Glu Phe
610 615 620
Gly Glu Val Tyr Lys Gly Met Leu Lys Thr Ser Ser Gly Lys Lys Glu
625 630 635 640

Val Pro Val Ala Ile Lys Thr Leu Lys Ala Gly Tyr Thr Glu Lys Gln

645 650 655

Arg Val Asp Phe Leu Gly Glu Ala Gly Ile Met Gly Gln Phe Ser His

660 665 670

His Asn Ile Ile Arg Leu Glu Gly Val Ile Ser Lys Tyr Lys Pro Met

675 680 685

Met Ile Ile Thr Glu Tyr Met Glu Asn Gly Ala Leu Asp Lys Phe Leu

690 695 700

Arg Glu Lys Asp Gly Glu Phe Ser Val Leu Gln Leu Val Gly Met Leu

705 710 715 720

Arg Gly Ile Ala Ala Gly Met Lys Tyr Leu Ala Asn Met Asn Tyr Val

725 730 735

His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Ile Leu Val Asn Ser Asn Leu Val

740 745 750

Cys Lys Val Ser Asp Phe Gly Leu Ser Arg Val Leu Glu Asp Asp Pro

755 760 765

Glu Ala Thr Tyr Thr Thr Ser Gly Gly Lys Ile Pro Ile Arg Trp Thr

770 775 780

Ala Pro Glu Ala Ile Ser Tyr Arg Lys Phe Thr Ser Ala Ser Asp Val

785 790 795 800

Trp Ser Phe Gly Ile Val Met Trp Glu Val Met Thr Tyr Gly Glu Arg

805 810 815

Pro Tyr Trp Glu Leu Ser Asn His Glu Val Met Lys Ala Ile Asn Asp

820 825 830

Gly Phe Arg Leu Pro Thr Pro Met Asp Cys Pro Ser Ala Ile Tyr Gln

835 840 845

Leu Met Met Gln Cys Trp Gln Gln Glu Arg Ala Arg Arg Pro Lys Phe

850 855 860

Ala Asp Ile Val Ser Ile Leu Asp Lys Leu Ile Arg Ala Pro Asp Ser

865 870 875 880

Leu Lys Thr Leu Ala Asp Phe Asp Pro Arg Val Ser Ile Arg Leu Pro

885 890 895

Ser Thr Ser Gly Ser Glu Gly Val Pro Phe Arg Thr Val Ser Glu Trp
900 905 910

Leu Glu Ser Ile Lys Met Gln Gln Tyr Thr Glu His Phe Met Ala Ala
915 920 925

Gly Tyr Thr Ala Ile Glu Lys Val Val Gln Met Thr Asn Asp Asp Ile
930 935 940

Lys Arg Ile Gly Val Arg Leu Pro Gly His Gln Lys Arg Ile Ala Tyr
945 950 955 960

Ser Leu Leu Gly Leu Lys Asp Gln Val Asn Thr Val Gly Ile Pro Ile
965 970 975

<210> 346

<211> 983

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EphA3__Homo_sapiens__P29320

<400> 346

Met Asp Cys Gln Leu Ser Ile Leu Leu Leu Leu Ser Cys Ser Val Leu
1 5 10 15

Asp Ser Phe Gly Glu Leu Ile Pro Gln Pro Ser Asn Glu Val Asn Leu
20 25 30

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

Ser His Gly Trp Glu Glu Ile Ser Gly Val Asp Glu His Tyr Thr Pro
50 55 60

Ile Arg Thr Tyr Gln Val Cys Asn Val Met Asp His Ser Gln Asn Asn
65 70 75 80

Trp Leu Arg Thr Asn Trp Val Pro Arg Asn Ser Ala Gln Lys Ile Tyr
85 90 95

Val Glu Leu Lys Phe Thr Leu Arg Asp Cys Asn Ser Ile Pro Leu Val
100 105 110

Leu Gly Thr Cys Lys Glu Thr Phe Asn Leu Tyr Tyr Met Glu Ser Asp
115 120 125

Asp Asp His Gly Val Lys Phe Arg Glu His Gln Phe Thr Lys Ile Asp
130 135 140
Thr Ile Ala Ala Asp Glu Ser Phe Thr Gln Met Asp Leu Gly Asp Arg
145 150 155 160

Ile Leu Lys Leu Asn Thr Glu Ile Arg Glu Val Gly Pro Val Asn Lys
165 170 175
Lys Gly Phe Tyr Leu Ala Phe Gln Asp Val Gly Ala Cys Val Ala Leu
180 185 190
Val Ser Val Arg Val Tyr Phe Lys Lys Cys Pro Phe Thr Val Lys Asn
195 200 205
Leu Ala Met Phe Pro Asp Thr Val Pro Met Asp Ser Gln Ser Leu Val
210 215 220

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

Lys Cys Pro Pro His Ser Ser Thr Gln Glu Asp Gly Ser Met Asn Cys
290 295 300
Arg Cys Glu Asn Asn Tyr Phe Arg Ala Asp Lys Asp Pro Pro Ser Met
305 310 315 320
Ala Cys Thr Arg Pro Pro Ser Ser Pro Arg Asn Val Ile Ser Asn Ile
325 330 335
Asn Glu Thr Ser Val Ile Leu Asp Trp Ser Trp Pro Leu Asp Thr Gly
340 345 350

Gly Arg Lys Asp Val Thr Phe Asn Ile Ile Cys Lys Lys Cys Gly Trp
355 360 365
Asn Ile Lys Gln Cys Glu Pro Cys Ser Pro Asn Val Arg Phe Leu Pro

370 375 380

Arg Gln Phe Gly Leu Thr Asn Thr Thr Val Thr Val Thr Asp Leu Leu

385 390 395 400

Ala His Thr Asn Tyr Thr Phe Glu Ile Asp Ala Val Asn Gly Val Ser

405 410 415

Glu Leu Ser Ser Pro Pro Arg Gln Phe Ala Ala Val Ser Ile Thr Thr

420 425 430

Asn Gln Ala Ala Pro Ser Pro Val Leu Thr Ile Lys Lys Asp Arg Thr

435 440 445

Ser Arg Asn Ser Ile Ser Leu Ser Trp Gln Glu Pro Glu His Pro Asn

450 455 460

Gly Ile Ile Leu Asp Tyr Glu Val Lys Tyr Tyr Glu Lys Gln Glu Gln

465 470 475 480

Glu Thr Ser Tyr Thr Ile Leu Arg Ala Arg Gly Thr Asn Val Thr Ile

485 490 495

Ser Ser Leu Lys Pro Asp Thr Ile Tyr Val Phe Gln Ile Arg Ala Arg

500 505 510

Thr Ala Ala Gly Tyr Gly Thr Asn Ser Arg Lys Phe Glu Phe Glu Thr

515 520 525

Ser Pro Asp Ser Phe Ser Ile Ser Gly Glu Ser Ser Gln Val Val Met

530 535 540

Ile Ala Ile Ser Ala Ala Val Ala Ile Ile Leu Leu Thr Val Val Ile

545 550 555 560

Tyr Val Leu Ile Gly Arg Phe Cys Gly Tyr Lys Ser Lys His Gly Ala

565 570 575

Asp Glu Lys Arg Leu His Phe Gly Asn Gly His Leu Lys Leu Pro Gly

580 585 590

Leu Arg Thr Tyr Val Asp Pro His Thr Tyr Glu Asp Pro Thr Gln Ala

595 600 605

Val His Glu Phe Ala Lys Glu Leu Asp Ala Thr Asn Ile Ser Ile Asp

610 615 620

Lys Val Val Gly Ala Gly Glu Phe Gly Glu Val Cys Ser Gly Arg Leu
625 630 635 640
Lys Leu Pro Ser Lys Lys Glu Ile Ser Val Ala Ile Lys Thr Leu Lys
645 650 655
Val Gly Tyr Thr Glu Lys Gln Arg Arg Asp Phe Leu Gly Glu Ala Ser
660 665 670

Ile Met Gly Gln Phe Asp His Pro Asn Ile Ile Arg Leu Glu Gly Val
675 680 685
Val Thr Lys Ser Lys Pro Val Met Ile Val Thr Glu Tyr Met Glu Asn
690 695 700
Gly Ser Leu Asp Ser Phe Leu Arg Lys His Asp Ala Gln Phe Thr Val
705 710 715 720
Ile Gln Leu Val Gly Met Leu Arg Gly Ile Ala Ser Gly Met Lys Tyr
725 730 735

Leu Ser Asp Met Gly Tyr Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Ile
740 745 750
Leu Ile Asn Ser Asn Leu Val Cys Lys Val Ser Asp Phe Gly Leu Ser
755 760 765
Arg Val Leu Glu Asp Asp Pro Glu Ala Ala Tyr Thr Thr Arg Gly Gly
770 775 780
Lys Ile Pro Ile Arg Trp Thr Ser Pro Glu Ala Ile Ala Tyr Arg Lys
785 790 795 800

Phe Thr Ser Ala Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Ile Val Leu Trp Glu
805 810 815
Val Met Ser Tyr Gly Glu Arg Pro Tyr Trp Glu Met Ser Asn Gln Asp
820 825 830
Val Ile Lys Ala Val Asp Glu Gly Tyr Arg Leu Pro Pro Pro Met Asp
835 840 845
Cys Pro Ala Ala Leu Tyr Gln Leu Met Leu Asp Cys Trp Gln Lys Asp
850 855 860

Arg Asn Asn Arg Pro Lys Phe Glu Gln Ile Val Ser Ile Leu Asp Lys

865 870 875 880

Leu Ile Arg Asn Pro Gly Ser Leu Lys Ile Ile Thr Ser Ala Ala Ala

885 890 895

Arg Pro Ser Asn Leu Leu Leu Asp Gln Ser Asn Val Asp Ile Thr Thr

900 905 910

Phe Arg Thr Thr Gly Asp Trp Leu Asn Gly Val Trp Thr Ala His Cys

915 920 925

Lys Glu Ile Phe Thr Gly Val Glu Tyr Ser Ser Cys Asp Thr Ile Ala

930 935 940

Lys Ile Ser Thr Asp Asp Met Lys Lys Val Gly Val Thr Val Val Gly

945 950 955 960

Pro Gln Lys Lys Ile Ile Ser Ser Ile Lys Ala Leu Glu Thr Gln Ser

965 970 975

Lys Asn Gly Pro Val Pro Val

980

<210> 347

<211> 983

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EphA3__Homo_sapiens__Q6P4R6

<400> 347

Met Asp Cys Gln Leu Ser Ile Leu Leu Leu Leu Ser Cys Ser Val Leu

1 5 10 15

Asp Ser Phe Gly Glu Leu Ile Pro Gln Pro Ser Asn Glu Val Asn Leu

20 25 30

Leu Asp Ser Lys Thr Ile Gln Gly Glu Leu Gly Trp Ile Ser Tyr Pro

35 40 45

Ser His Gly Trp Glu Glu Ile Ser Gly Val Asp Glu His Tyr Thr Pro

50 55 60

Ile Arg Thr Tyr Gln Val Cys Asn Val Met Asp His Ser Gln Asn Asn

65 70 75 80

Trp Leu Arg Thr Asn Trp Val Pro Arg Asn Ser Ala Gln Lys Ile Tyr

85 90 95

Val Glu Leu Lys Phe Thr Leu Arg Asp Cys Asn Ser Ile Pro Leu Val

100 105 110

Leu Gly Thr Cys Lys Glu Thr Phe Asn Leu Tyr Tyr Met Glu Ser Asp

115 120 125

Asp Asp His Gly Val Lys Phe Arg Glu His Gln Phe Thr Lys Ile Asp

130 135 140

Thr Ile Ala Ala Asp Glu Ser Phe Thr Gln Met Asp Leu Gly Asp Arg

145 150 155 160

Ile Leu Lys Leu Asn Thr Glu Ile Arg Glu Val Gly Pro Val Asn Lys

165 170 175

Lys Gly Phe Tyr Leu Ala Phe Gln Asp Val Gly Ala Cys Val Ala Leu

180 185 190

Val Ser Val Arg Val Tyr Phe Lys Lys Cys Pro Phe Thr Val Lys Asn

195 200 205

Leu Ala Met Phe Pro Asp Thr Val Pro Met Asp Ser Gln Ser Leu Val

210 215 220

Glu Val Arg Gly Ser Cys Val Asn Asn Ser Lys Glu Glu Asp Pro Pro

225 230 235 240

Arg Met Tyr Cys Ser Thr Glu Gly Glu Trp Leu Val Pro Ile Gly Lys

245 250 255

Cys Ser Cys Asn Ala Gly Tyr Glu Glu Arg Gly Phe Met Cys Gln Ala

260 265 270

Cys Arg Pro Gly Phe Tyr Lys Ala Leu Asp Gly Asn Met Lys Cys Ala

275 280 285

Lys Cys Pro Pro His Ser Ser Thr Gln Glu Asp Gly Ser Met Asn Cys

290 295 300

Arg Cys Glu Asn Asn Tyr Phe Arg Ala Asp Lys Asp Pro Pro Ser Met

305 310 315 320

Ala Cys Thr Arg Pro Pro Ser Ser Pro Arg Asn Val Ile Ser Asn Ile

325 330 335

Asn Glu Thr Ser Val Ile Leu Asp Trp Ser Trp Pro Leu Asp Thr Gly
340 345 350
Gly Arg Lys Asp Val Thr Phe Asn Ile Ile Cys Lys Lys Cys Gly Trp
355 360 365
Asn Ile Lys Gln Cys Glu Pro Cys Ser Pro Asn Val Arg Phe Leu Pro

370 375 380
Arg Gln Phe Gly Leu Thr Asn Thr Thr Val Thr Val Thr Asp Leu Leu
385 390 395 400
Ala His Thr Asn Tyr Thr Phe Glu Ile Asp Ala Val Asn Gly Val Ser
405 410 415
Glu Leu Ser Ser Pro Pro Arg Gln Phe Ala Ala Val Ser Ile Thr Thr
420 425 430
Asn Gln Ala Ala Pro Ser Pro Val Leu Thr Ile Lys Lys Asp Arg Thr

435 440 445
Ser Arg Asn Ser Ile Ser Leu Ser Trp Gln Glu Pro Glu His Pro Asn
450 455 460
Gly Ile Ile Leu Asp Tyr Glu Val Lys Tyr Tyr Glu Lys Gln Glu Gln
465 470 475 480
Glu Thr Ser Tyr Thr Ile Leu Arg Ala Arg Gly Thr Asn Val Thr Ile
485 490 495
Ser Ser Leu Lys Pro Asp Thr Ile Tyr Val Phe Gln Ile Arg Ala Arg

500 505 510
Thr Ala Ala Gly Tyr Gly Thr Asn Ser Arg Lys Phe Glu Phe Glu Thr
515 520 525
Ser Pro Asp Ser Phe Ser Ile Ser Gly Glu Ser Ser Gln Val Val Met
530 535 540
Ile Ala Ile Ser Ala Ala Val Ala Ile Ile Leu Leu Thr Val Val Ile
545 550 555 560
Tyr Val Leu Ile Gly Arg Phe Cys Gly Tyr Lys Ser Lys His Gly Ala

565 570 575
Asp Glu Lys Arg Leu His Phe Gly Asn Gly His Leu Lys Leu Pro Gly

580 585 590

Leu Arg Thr Tyr Val Asp Pro His Thr Tyr Glu Asp Pro Thr Gln Thr

595 600 605

Val His Glu Phe Ala Lys Glu Leu Asp Ala Thr Asn Ile Ser Ile Asp

610 615 620

Lys Val Val Gly Ala Gly Glu Phe Gly Glu Val Cys Ser Gly Arg Leu

625 630 635 640

Lys Leu Pro Ser Lys Lys Glu Ile Ser Val Ala Ile Lys Thr Leu Lys

645 650 655

Val Gly Tyr Thr Glu Lys Gln Arg Arg Asp Phe Leu Gly Glu Ala Ser

660 665 670

Ile Met Gly Gln Phe Asp His Pro Asn Ile Ile Arg Leu Glu Gly Val

675 680 685

Val Thr Lys Ser Lys Pro Val Met Ile Val Thr Glu Tyr Met Glu Asn

690 695 700

Gly Ser Leu Asp Ser Phe Leu Arg Lys His Asp Ala Gln Phe Thr Val

705 710 715 720

Ile Gln Leu Val Gly Met Leu Arg Gly Ile Ala Ser Gly Met Lys Tyr

725 730 735

Leu Ser Asp Met Gly Tyr Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Ile

740 745 750

Leu Ile Asn Ser Asn Leu Val Cys Lys Val Ser Asp Phe Gly Leu Ser

755 760 765

Arg Val Leu Glu Asp Asp Pro Glu Ala Ala Tyr Thr Thr Arg Gly Gly

770 775 780

Lys Ile Pro Ile Arg Trp Thr Ser Pro Glu Ala Ile Ala Tyr Arg Lys

785 790 795 800

Phe Thr Ser Ala Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Ile Val Leu Trp Glu

805 810 815

Val Met Ser Tyr Gly Glu Arg Pro Tyr Trp Glu Met Ser Asn Gln Asp

820 825 830

Val Ile Lys Ala Val Asp Glu Gly Tyr Arg Leu Pro Pro Pro Met Asp
835 840 845
Cys Pro Ala Ala Leu Tyr Gln Leu Met Leu Asp Cys Trp Gln Lys Asp
850 855 860
Arg Asn Asn Arg Pro Lys Phe Glu Gln Ile Val Ser Ile Leu Asp Lys
865 870 875 880
Leu Ile Arg Asn Pro Gly Ser Leu Lys Ile Ile Thr Ser Ala Ala Ala

885 890 895
Arg Pro Ser Asn Leu Leu Leu Asp Gln Ser Asn Val Asp Ile Thr Thr
900 905 910
Phe Arg Thr Thr Gly Asp Trp Leu Asn Gly Val Trp Thr Ala His Cys
915 920 925
Lys Glu Ile Phe Thr Gly Val Glu Tyr Ser Ser Cys Asp Thr Ile Ala
930 935 940
Lys Ile Ser Thr Asp Asp Met Lys Lys Val Gly Val Thr Val Val Gly

945 950 955 960
Pro Gln Lys Lys Ile Ile Ser Ser Ile Lys Ala Leu Glu Thr Gln Ser
965 970 975
Lys Asn Gly Pro Val Pro Val
980

<210> 348
<211> 462
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ErbB3__Homo_sapiens__B3KWG5
<400> 348
Met Pro Met Ser Thr Ile Leu Pro Val Thr Ser Pro Cys Leu Pro Ala
1 5 10 15
Thr Gly Val Thr Val Trp Glu Leu Met Thr Phe Gly Ala Glu Pro Tyr

20 25 30
Ala Gly Leu Arg Leu Ala Glu Val Pro Asp Leu Leu Glu Lys Gly Glu
35 40 45

Arg Leu Ala Gln Pro Gln Ile Cys Thr Ile Asp Val Tyr Met Val Met

50 55 60

Val Lys Cys Trp Met Ile Asp Glu Asn Ile Arg Pro Thr Phe Lys Glu

65 70 75 80

Leu Ala Asn Glu Phe Thr Arg Met Ala Arg Asp Pro Pro Arg Tyr Leu

85 90 95

Val Ile Lys Arg Glu Ser Gly Pro Gly Ile Ala Pro Gly Pro Glu Pro

100 105 110

His Gly Leu Thr Asn Lys Lys Leu Glu Glu Val Glu Leu Glu Pro Glu

115 120 125

Leu Asp Leu Asp Leu Asp Leu Glu Ala Glu Glu Asp Asn Leu Ala Thr

130 135 140

Thr Thr Leu Gly Ser Ala Leu Ser Leu Pro Val Gly Thr Leu Asn Arg

145 150 155 160

Pro Arg Gly Ser Gln Ser Leu Leu Ser Pro Ser Ser Gly Tyr Met Pro

165 170 175

Met Asn Gln Gly Asn Leu Gly Glu Ser Cys Gln Glu Ser Ala Val Ser

180 185 190

Gly Ser Ser Glu Arg Cys Pro Arg Pro Val Ser Leu His Pro Met Pro

195 200 205

Arg Gly Cys Leu Ala Ser Glu Ser Ser Glu Gly His Val Thr Gly Ser

210 215 220

Glu Ala Glu Leu Gln Glu Lys Val Ser Met Cys Arg Ser Arg Ser Arg

225 230 235 240

Ser Arg Ser Pro Arg Pro Arg Gly Asp Ser Ala Tyr His Ser Gln Arg

245 250 255

His Ser Leu Leu Thr Pro Val Thr Pro Leu Ser Pro Pro Gly Leu Glu

260 265 270

Glu Glu Asp Val Asn Gly Tyr Val Met Pro Asp Thr His Leu Lys Gly

275 280 285

Thr Pro Ser Ser Arg Glu Gly Thr Leu Ser Ser Val Gly Leu Ser Ser

290 295 300

Val Leu Gly Thr Glu Glu Glu Asp Glu Asp Glu Glu Tyr Glu Tyr Met

305 310 315 320

Asn Arg Arg Arg Arg His Ser Pro Pro His Pro Pro Arg Pro Ser Ser

325 330 335

Leu Glu Glu Leu Gly Tyr Glu Tyr Met Asp Val Gly Ser Asp Leu Ser

340 345 350

Ala Ser Leu Gly Ser Thr Gln Ser Cys Pro Leu His Pro Val Pro Ile

355 360 365

Met Pro Thr Ala Gly Thr Thr Pro Asp Glu Asp Tyr Glu Tyr Met Asn

370 375 380

Arg Gln Arg Asp Gly Gly Gly Pro Gly Gly Asp Tyr Ala Ala Met Gly

385 390 395 400

Ala Cys Pro Ala Ser Glu Gln Gly Tyr Glu Glu Met Arg Ala Phe Gln

405 410 415

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

420 425 430

Leu Arg Ser Leu Glu Ala Thr Asp Ser Ala Phe Asp Asn Pro Asp Tyr

435 440 445

Trp His Ser Arg Leu Phe Pro Lys Ala Asn Ala Gln Arg Thr

450 455 460

<210> 349

<211> 921

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> ErbB3__Homo_sapiens__B4DGQ7

<400> 349

Met Arg Ala Asn Asp Ala Leu Gln Val Leu Gly Leu Leu Phe Ser Leu

1 5 10 15

Ala Arg Gly Ser Glu Val Gly Asn Ser Gln Ala Val Cys Pro Gly Thr

20 25 30

Leu Asn Gly Leu Ser Val Thr Gly Asp Ala Glu Asn Gln Tyr Gln Thr

35 40 45

Leu Tyr Lys Leu Tyr Glu Arg Cys Glu Val Val Met Gly Asn Leu Glu

50 55 60

Ile Val Leu Thr Gly His Asn Ala Asp Leu Ser Phe Leu Gln Trp Ile

65 70 75 80

Arg Glu Val Thr Gly Tyr Val Leu Val Ala Met Asn Glu Phe Ser Thr

85 90 95

Leu Pro Leu Pro Asn Leu Arg Val Val Arg Gly Thr Gln Val Tyr Asp

100 105 110

Gly Lys Phe Ala Ile Phe Val Met Leu Asn Tyr Asn Thr Asn Ser Ser

115 120 125

His Ala Leu Arg Gln Leu Arg Leu Thr Gln Leu Thr Glu Ile Leu Ser

130 135 140

Gly Gly Val Tyr Ile Glu Lys Asn Asp Lys Leu Cys His Met Asp Thr

145 150 155 160

Ile Asp Trp Arg Asp Ile Val Arg Asp Arg Asp Ala Glu Ile Val Val

165 170 175

Lys Asp Asn Gly Arg Ser Cys Pro Pro Cys His Glu Val Cys Lys Gly

180 185 190

Arg Cys Trp Gly Pro Gly Ser Glu Asp Cys Gln Thr Leu Thr Lys Thr

195 200 205

Ile Cys Ala Pro Gln Cys Asn Gly His Cys Phe Gly Pro Asn Pro Asn

210 215 220

Gln Cys Cys His Asp Glu Cys Ala Gly Gly Cys Ser Gly Pro Gln Asp

225 230 235 240

Thr Asp Cys Phe Ala Cys Arg His Phe Asn Asp Ser Gly Ala Cys Val

245 250 255

Pro Arg Cys Pro Gln Pro Leu Val Tyr Asn Lys Leu Thr Phe Gln Leu

260 265 270

Glu Pro Asn Pro His Thr Lys Tyr Gln Tyr Gly Gly Val Cys Val Ala

275 280 285

Ser Cys Pro His Asn Phe Val Val Asp Gln Thr Ser Cys Val Arg Ala

290 295 300

Cys Pro Pro Asp Lys Met Glu Val Asp Lys Asn Gly Leu Lys Met Cys

305 310 315 320

Glu Pro Cys Gly Gly Leu Cys Pro Lys Ala Cys Glu Gly Thr Gly Ser

325 330 335

Gly Ser Arg Phe Gln Thr Val Asp Ser Ser Asn Ile Asp Gly Phe Val

340 345 350

Asn Cys Thr Lys Ile Leu Gly Asn Leu Asp Phe Leu Ile Thr Gly Leu

355 360 365

Asn Gly Asp Pro Trp His Lys Ile Pro Ala Leu Asp Pro Glu Lys Leu

370 375 380

Asn Val Phe Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr Gly Tyr Leu Asn Ile Gln

385 390 395 400

Ser Trp Pro Pro His Met His Asn Phe Ser Val Phe Ser Asn Leu Thr

405 410 415

Thr Ile Gly Gly Arg Ser Leu Tyr Asn Arg Gly Phe Ser Leu Leu Ile

420 425 430

Met Lys Asn Leu Asn Val Thr Ser Leu Gly Phe Arg Ser Leu Lys Glu

435 440 445

Ile Ser Ala Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Ala Asn Arg Gln Leu Cys Tyr

450 455 460

His His Ser Leu Asn Trp Thr Lys Val Leu Arg Gly Pro Thr Glu Glu

465 470 475 480

Arg Leu Asp Ile Lys His Asn Arg Pro Arg Arg Asp Cys Val Ala Glu

485 490 495

Gly Lys Val Cys Asp Pro Leu Cys Ser Ser Gly Gly Cys Trp Gly Pro

500 505 510

Gly Pro Gly Gln Cys Leu Ser Cys Arg Asn Tyr Ser Arg Gly Gly Val

515 520 525

Cys Val Thr His Cys Asn Phe Leu Asn Gly Glu Pro Arg Glu Phe Ala

530 535 540

His Glu Ala Glu Cys Phe Ser Cys His Pro Glu Cys Gln Pro Met Glu

545 550 555 560

Gly Thr Ala Thr Cys Asn Gly Ser Gly Ser Asp Thr Cys Ala Gln Cys

565 570 575

Ala His Phe Arg Asp Gly Pro His Cys Val Ser Ser Cys Pro His Gly

580 585 590

Val Leu Gly Ala Lys Gly Pro Ile Tyr Lys Tyr Pro Asp Val Gln Asn

595 600 605

Glu Cys Arg Pro Cys His Glu Asn Cys Thr Gln Gly Cys Lys Gly Pro

610 615 620

Glu Leu Gln Asp Cys Leu Gly Gln Thr Leu Val Leu Ile Gly Lys Thr

625 630 635 640

His Leu Thr Met Ala Leu Thr Val Ile Ala Gly Leu Val Val Ile Phe

645 650 655

Met Met Leu Gly Gly Thr Phe Leu Tyr Trp Arg Gly Arg Arg Ile Gln

660 665 670

Asn Lys Arg Ala Met Arg Arg Tyr Leu Glu Arg Gly Glu Ser Ile Glu

675 680 685

Pro Leu Asp Pro Ser Glu Lys Ala Asn Lys Val Leu Ala Arg Ile Phe

690 695 700

Lys Glu Thr Glu Leu Arg Lys Leu Lys Val Leu Gly Ser Gly Val Phe

705 710 715 720

Gly Thr Val His Lys Gly Val Trp Ile Pro Glu Gly Glu Ser Ile Lys

725 730 735

Ile Pro Val Cys Ile Lys Val Ile Glu Asp Lys Ser Gly Arg Gln Ser

740 745 750

Phe Gln Ala Val Thr Asp His Met Leu Ala Ile Gly Ser Leu Asp His

755 760 765

Ala His Ile Val Arg Leu Leu Gly Leu Cys Pro Gly Ser Ser Leu Gln

770 775 780

Leu Val Thr Gln Tyr Leu Pro Leu Gly Ser Leu Leu Asp His Val Arg
785 790 795 800
Gln His Arg Gly Ala Leu Gly Pro Gln Leu Leu Leu Asn Trp Gly Val
805 810 815
Gln Ile Ala Lys Gly Met Tyr Tyr Leu Glu Glu His Gly Met Val His

820 825 830
Arg Asn Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Leu Lys Ser Pro Ser Gln Val
835 840 845
Gln Val Ala Asp Phe Gly Val Ala Asp Leu Leu Pro Pro Asp Asp Lys
850 855 860
Gln Leu Leu Tyr Ser Glu Ala Lys Thr Pro Ile Lys Trp Met Ala Leu
865 870 875 880
Glu Ser Ile His Phe Gly Lys Tyr Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser

885 890 895
Tyr Gly Gln Cys Ile Trp Met Pro Ser Leu Pro Ser Leu Ala Pro Val
900 905 910
Ser Asn Leu Pro Phe Glu Thr Pro Ser
915 920

<210> 350
<211> 1308
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ERBB4__Homo_sapiens__Q15303
<400> 350
Met Lys Pro Ala Thr Gly Leu Trp Val Trp Val Ser Leu Leu Val Ala
1 5 10 15

Ala Gly Thr Val Gln Pro Ser Asp Ser Gln Ser Val Cys Ala Gly Thr
20 25 30
Glu Asn Lys Leu Ser Ser Leu Ser Asp Leu Glu Gln Gln Tyr Arg Ala
35 40 45
Leu Arg Lys Tyr Tyr Glu Asn Cys Glu Val Val Met Gly Asn Leu Glu
50 55 60

Ile Thr Ser Ile Glu His Asn Arg Asp Leu Ser Phe Leu Arg Ser Val
65 70 75 80

Arg Glu Val Thr Gly Tyr Val Leu Val Ala Leu Asn Gln Phe Arg Tyr
85 90 95

Leu Pro Leu Glu Asn Leu Arg Ile Ile Arg Gly Thr Lys Leu Tyr Glu
100 105 110

Asp Arg Tyr Ala Leu Ala Ile Phe Leu Asn Tyr Arg Lys Asp Gly Asn
115 120 125

Phe Gly Leu Gln Glu Leu Gly Leu Lys Asn Leu Thr Glu Ile Leu Asn
130 135 140

Gly Gly Val Tyr Val Asp Gln Asn Lys Phe Leu Cys Tyr Ala Asp Thr
145 150 155 160

Ile His Trp Gln Asp Ile Val Arg Asn Pro Trp Pro Ser Asn Leu Thr
165 170 175

Leu Val Ser Thr Asn Gly Ser Ser Gly Cys Gly Arg Cys His Lys Ser
180 185 190

Cys Thr Gly Arg Cys Trp Gly Pro Thr Glu Asn His Cys Gln Thr Leu
195 200 205

Thr Arg Thr Val Cys Ala Glu Gln Cys Asp Gly Arg Cys Tyr Gly Pro
210 215 220

Tyr Val Ser Asp Cys Cys His Arg Glu Cys Ala Gly Gly Cys Ser Gly
225 230 235 240

Pro Lys Asp Thr Asp Cys Phe Ala Cys Met Asn Phe Asn Asp Ser Gly
245 250 255

Ala Cys Val Thr Gln Cys Pro Gln Thr Phe Val Tyr Asn Pro Thr Thr
260 265 270

Phe Gln Leu Glu His Asn Phe Asn Ala Lys Tyr Thr Tyr Gly Ala Phe
275 280 285

Cys Val Lys Lys Cys Pro His Asn Phe Val Val Asp Ser Ser Ser Cys
290 295 300

Val Arg Ala Cys Pro Ser Ser Lys Met Glu Val Glu Glu Asn Gly Ile

305 310 315 320

Lys Met Cys Lys Pro Cys Thr Asp Ile Cys Pro Lys Ala Cys Asp Gly

325 330 335

Ile Gly Thr Gly Ser Leu Met Ser Ala Gln Thr Val Asp Ser Ser Asn

340 345 350

Ile Asp Lys Phe Ile Asn Cys Thr Lys Ile Asn Gly Asn Leu Ile Phe

355 360 365

Leu Val Thr Gly Ile His Gly Asp Pro Tyr Asn Ala Ile Glu Ala Ile

370 375 380

Asp Pro Glu Lys Leu Asn Val Phe Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr Gly

385 390 395 400

Phe Leu Asn Ile Gln Ser Trp Pro Pro Asn Met Thr Asp Phe Ser Val

405 410 415

Phe Ser Asn Leu Val Thr Ile Gly Gly Arg Val Leu Tyr Ser Gly Leu

420 425 430

Ser Leu Leu Ile Leu Lys Gln Gln Gly Ile Thr Ser Leu Gln Phe Gln

435 440 445

Ser Leu Lys Glu Ile Ser Ala Gly Asn Ile Tyr Ile Thr Asp Asn Ser

450 455 460

Asn Leu Cys Tyr Tyr His Thr Ile Asn Trp Thr Thr Leu Phe Ser Thr

465 470 475 480

Ile Asn Gln Arg Ile Val Ile Arg Asp Asn Arg Lys Ala Glu Asn Cys

485 490 495

Thr Ala Glu Gly Met Val Cys Asn His Leu Cys Ser Ser Asp Gly Cys

500 505 510

Trp Gly Pro Gly Pro Asp Gln Cys Leu Ser Cys Arg Arg Phe Ser Arg

515 520 525

Gly Arg Ile Cys Ile Glu Ser Cys Asn Leu Tyr Asp Gly Glu Phe Arg

530 535 540

Glu Phe Glu Asn Gly Ser Ile Cys Val Glu Cys Asp Pro Gln Cys Glu

545 550 555 560

Lys Met Glu Asp Gly Leu Leu Thr Cys His Gly Pro Gly Pro Asp Asn
565 570 575
Cys Thr Lys Cys Ser His Phe Lys Asp Gly Pro Asn Cys Val Glu Lys
580 585 590

Cys Pro Asp Gly Leu Gln Gly Ala Asn Ser Phe Ile Phe Lys Tyr Ala
595 600 605
Asp Pro Asp Arg Glu Cys His Pro Cys His Pro Asn Cys Thr Gln Gly
610 615 620
Cys Asn Gly Pro Thr Ser His Asp Cys Ile Tyr Tyr Pro Trp Thr Gly
625 630 635 640
His Ser Thr Leu Pro Gln His Ala Arg Thr Pro Leu Ile Ala Ala Gly
645 650 655

Val Ile Gly Gly Leu Phe Ile Leu Val Ile Val Gly Leu Thr Phe Ala
660 665 670
Val Tyr Val Arg Arg Lys Ser Ile Lys Lys Lys Arg Ala Leu Arg Arg
675 680 685
Phe Leu Glu Thr Glu Leu Val Glu Pro Leu Thr Pro Ser Gly Thr Ala
690 695 700
Pro Asn Gln Ala Gln Leu Arg Ile Leu Lys Glu Thr Glu Leu Lys Arg
705 710 715 720

Val Lys Val Leu Gly Ser Gly Ala Phe Gly Thr Val Tyr Lys Gly Ile
725 730 735
Trp Val Pro Glu Gly Glu Thr Val Lys Ile Pro Val Ala Ile Lys Ile
740 745 750
Leu Asn Glu Thr Thr Gly Pro Lys Ala Asn Val Glu Phe Met Asp Glu
755 760 765
Ala Leu Ile Met Ala Ser Met Asp His Pro His Leu Val Arg Leu Leu
770 775 780

Gly Val Cys Leu Ser Pro Thr Ile Gln Leu Val Thr Gln Leu Met Pro
785 790 795 800
His Gly Cys Leu Leu Glu Tyr Val His Glu His Lys Asp Asn Ile Gly

805 810 815

Ser Gln Leu Leu Leu Asn Trp Cys Val Gln Ile Ala Lys Gly Met Met

820 825 830

Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn

835 840 845

Val Leu Val Lys Ser Pro Asn His Val Lys Ile Thr Asp Phe Gly Leu

850 855 860

Ala Arg Leu Leu Glu Gly Asp Glu Lys Glu Tyr Asn Ala Asp Gly Gly

865 870 875 880

Lys Met Pro Ile Lys Trp Met Ala Leu Glu Cys Ile His Tyr Arg Lys

885 890 895

Phe Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Val Thr Ile Trp Glu

900 905 910

Leu Met Thr Phe Gly Gly Lys Pro Tyr Asp Gly Ile Pro Thr Arg Glu

915 920 925

Ile Pro Asp Leu Leu Glu Lys Gly Glu Arg Leu Pro Gln Pro Pro Ile

930 935 940

Cys Thr Ile Asp Val Tyr Met Val Met Val Lys Cys Trp Met Ile Asp

945 950 955 960

Ala Asp Ser Arg Pro Lys Phe Lys Glu Leu Ala Ala Glu Phe Ser Arg

965 970 975

Met Ala Arg Asp Pro Gln Arg Tyr Leu Val Ile Gln Gly Asp Asp Arg

980 985 990

Met Lys Leu Pro Ser Pro Asn Asp Ser Lys Phe Phe Gln Asn Leu Leu

995 1000 1005

Asp Glu Glu Asp Leu Glu Asp Met Met Asp Ala Glu Glu Tyr Leu

1010 1015 1020

Val Pro Gln Ala Phe Asn Ile Pro Pro Pro Ile Tyr Thr Ser Arg

1025 1030 1035

Ala Arg Ile Asp Ser Asn Arg Ser Glu Ile Gly His Ser Pro Pro

1040 1045 1050

Pro Ala Tyr Thr Pro Met Ser Gly Asn Gln Phe Val Tyr Arg Asp
1055 1060 1065

Gly Gly Phe Ala Ala Glu Gln Gly Val Ser Val Pro Tyr Arg Ala
1070 1075 1080

Pro Thr Ser Thr Ile Pro Glu Ala Pro Val Ala Gln Gly Ala Thr
1085 1090 1095

Ala Glu Ile Phe Asp Asp Ser Cys Cys Asn Gly Thr Leu Arg Lys
1100 1105 1110

Pro Val Ala Pro His Val Gln Glu Asp Ser Ser Thr Gln Arg Tyr
1115 1120 1125

Ser Ala Asp Pro Thr Val Phe Ala Pro Glu Arg Ser Pro Arg Gly
1130 1135 1140

Glu Leu Asp Glu Glu Gly Tyr Met Thr Pro Met Arg Asp Lys Pro
1145 1150 1155

Lys Gln Glu Tyr Leu Asn Pro Val Glu Glu Asn Pro Phe Val Ser
1160 1165 1170

Arg Arg Lys Asn Gly Asp Leu Gln Ala Leu Asp Asn Pro Glu Tyr
1175 1180 1185

His Asn Ala Ser Asn Gly Pro Pro Lys Ala Glu Asp Glu Tyr Val
1190 1195 1200

Asn Glu Pro Leu Tyr Leu Asn Thr Phe Ala Asn Thr Leu Gly Lys
1205 1210 1215

Ala Glu Tyr Leu Lys Asn Asn Ile Leu Ser Met Pro Glu Lys Ala
1220 1225 1230

Lys Lys Ala Phe Asp Asn Pro Asp Tyr Trp Asn His Ser Leu Pro
1235 1240 1245

Pro Arg Ser Thr Leu Gln His Pro Asp Tyr Leu Gln Glu Tyr Ser
1250 1255 1260

Thr Lys Tyr Phe Tyr Lys Gln Asn Gly Arg Ile Arg Pro Ile Val
1265 1270 1275

Ala Glu Asn Pro Glu Tyr Leu Ser Glu Phe Ser Leu Lys Pro Gly

1280 1285 1290

Thr Val Leu Pro Pro Pro Pro Tyr Arg His Arg Asn Thr Val Val

1295 1300 1305

<210> 351

<211> 486

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ERG__Homo_sapiens__P11308

<400> 351

Met Ile Gln Thr Val Pro Asp Pro Ala Ala His Ile Lys Glu Ala Leu

1 5 10 15

Ser Val Val Ser Glu Asp Gln Ser Leu Phe Glu Cys Ala Tyr Gly Thr

20 25 30

Pro His Leu Ala Lys Thr Glu Met Thr Ala Ser Ser Ser Ser Asp Tyr

35 40 45

Gly Gln Thr Ser Lys Met Ser Pro Arg Val Pro Gln Gln Asp Trp Leu

50 55 60

Ser Gln Pro Pro Ala Arg Val Thr Ile Lys Met Glu Cys Asn Pro Ser

65 70 75 80

Gln Val Asn Gly Ser Arg Asn Ser Pro Asp Glu Cys Ser Val Ala Lys

85 90 95

Gly Gly Lys Met Val Gly Ser Pro Asp Thr Val Gly Met Asn Tyr Gly

100 105 110

Ser Tyr Met Glu Glu Lys His Met Pro Pro Pro Asn Met Thr Thr Asn

115 120 125

Glu Arg Arg Val Ile Val Pro Ala Asp Pro Thr Leu Trp Ser Thr Asp

130 135 140

His Val Arg Gln Trp Leu Glu Trp Ala Val Lys Glu Tyr Gly Leu Pro

145 150 155 160

Asp Val Asn Ile Leu Leu Phe Gln Asn Ile Asp Gly Lys Glu Leu Cys

165 170 175

Lys Met Thr Lys Asp Asp Phe Gln Arg Leu Thr Pro Ser Tyr Asn Ala

180 185 190

Asp Ile Leu Leu Ser His Leu His Tyr Leu Arg Glu Thr Pro Leu Pro

195 200 205

His Leu Thr Ser Asp Asp Val Asp Lys Ala Leu Gln Asn Ser Pro Arg

210 215 220

Leu Met His Ala Arg Asn Thr Gly Gly Ala Ala Phe Ile Phe Pro Asn

225 230 235 240

Thr Ser Val Tyr Pro Glu Ala Thr Gln Arg Ile Thr Thr Arg Pro Asp

245 250 255

Leu Pro Tyr Glu Pro Pro Arg Arg Ser Ala Trp Thr Gly His Gly His

260 265 270

Pro Thr Pro Gln Ser Lys Ala Ala Gln Pro Ser Pro Ser Thr Val Pro

275 280 285

Lys Thr Glu Asp Gln Arg Pro Gln Leu Asp Pro Tyr Gln Ile Leu Gly

290 295 300

Pro Thr Ser Ser Arg Leu Ala Asn Pro Gly Ser Gly Gln Ile Gln Leu

305 310 315 320

Trp Gln Phe Leu Leu Glu Leu Leu Ser Asp Ser Ser Asn Ser Ser Cys

325 330 335

Ile Thr Trp Glu Gly Thr Asn Gly Glu Phe Lys Met Thr Asp Pro Asp

340 345 350

Glu Val Ala Arg Arg Trp Gly Glu Arg Lys Ser Lys Pro Asn Met Asn

355 360 365

Tyr Asp Lys Leu Ser Arg Ala Leu Arg Tyr Tyr Tyr Asp Lys Asn Ile

370 375 380

Met Thr Lys Val His Gly Lys Arg Tyr Ala Tyr Lys Phe Asp Phe His

385 390 395 400

Gly Ile Ala Gln Ala Leu Gln Pro His Pro Pro Glu Ser Ser Leu Tyr

405 410 415

Lys Tyr Pro Ser Asp Leu Pro Tyr Met Gly Ser Tyr His Ala His Pro

420 425 430

Gln Lys Met Asn Phe Val Ala Pro His Pro Pro Ala Leu Pro Val Thr
435 440 445
Ser Ser Ser Phe Phe Ala Ala Pro Asn Pro Tyr Trp Asn Ser Pro Thr
450 455 460
Gly Gly Ile Tyr Pro Asn Thr Arg Leu Pro Thr Ser His Met Pro Ser

465 470 475 480
His Leu Gly Thr Tyr Tyr
485

<210> 352
<211> 452
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ETV6__Homo_sapiens__P41212
<400> 352
Met Ser Glu Thr Pro Ala Gln Cys Ser Ile Lys Gln Glu Arg Ile Ser
1 5 10 15
Tyr Thr Pro Pro Glu Ser Pro Val Pro Ser Tyr Ala Ser Ser Thr Pro
20 25 30
Leu His Val Pro Val Pro Arg Ala Leu Arg Met Glu Glu Asp Ser Ile

35 40 45
Arg Leu Pro Ala His Leu Arg Leu Gln Pro Ile Tyr Trp Ser Arg Asp
50 55 60
Asp Val Ala Gln Trp Leu Lys Trp Ala Glu Asn Glu Phe Ser Leu Arg
65 70 75 80
Pro Ile Asp Ser Asn Thr Phe Glu Met Asn Gly Lys Ala Leu Leu Leu
85 90 95
Leu Thr Lys Glu Asp Phe Arg Tyr Arg Ser Pro His Ser Gly Asp Val

100 105 110
Leu Tyr Glu Leu Leu Gln His Ile Leu Lys Gln Arg Lys Pro Arg Ile
115 120 125
Leu Phe Ser Pro Phe Phe His Pro Gly Asn Ser Ile His Thr Gln Pro
130 135 140

Glu Val Ile Leu His Gln Asn His Glu Glu Asp Asn Cys Val Gln Arg
145 150 155 160
Thr Pro Arg Pro Ser Val Asp Asn Val His His Asn Pro Pro Thr Ile

165 170 175
Glu Leu Leu His Arg Ser Arg Ser Pro Ile Thr Thr Asn His Arg Pro
180 185 190
Ser Pro Asp Pro Glu Gln Arg Pro Leu Arg Ser Pro Leu Asp Asn Met
195 200 205
Ile Arg Arg Leu Ser Pro Ala Glu Arg Ala Gln Gly Pro Arg Pro His
210 215 220
Gln Glu Asn Asn His Gln Glu Ser Tyr Pro Leu Ser Val Ser Pro Met

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

290 295 300
Asn Leu Ser His Arg Glu Asp Leu Ala Tyr Met Asn His Ile Met Val
305 310 315 320
Ser Val Ser Pro Pro Glu Glu His Ala Met Pro Ile Gly Arg Ile Ala
325 330 335
Asp Cys Arg Leu Leu Trp Asp Tyr Val Tyr Gln Leu Leu Ser Asp Ser
340 345 350
Arg Tyr Glu Asn Phe Ile Arg Trp Glu Asp Lys Glu Ser Lys Ile Phe

355 360 365
Arg Ile Val Asp Pro Asn Gly Leu Ala Arg Leu Trp Gly Asn His Lys
370 375 380
Asn Arg Thr Asn Met Thr Tyr Glu Lys Met Ser Arg Ala Leu Arg His

385 390 395 400

Tyr Tyr Lys Leu Asn Ile Ile Arg Lys Glu Pro Gly Gln Arg Leu Leu

405 410 415

Phe Arg Phe Met Lys Thr Pro Asp Glu Ile Met Ser Gly Arg Thr Asp

420 425 430

Arg Leu Glu His Leu Glu Ser Gln Glu Leu Asp Glu Gln Ile Tyr Gln

435 440 445

Glu Asp Glu Cys

450

<210> 353

<211> 656

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EWS__Homo_sapiens__Q01844

<400> 353

Met Ala Ser Thr Asp Tyr Ser Thr Tyr Ser Gln Ala Ala Ala Gln Gln

1 5 10 15

Gly Tyr Ser Ala Tyr Thr Ala Gln Pro Thr Gln Gly Tyr Ala Gln Thr

20 25 30

Thr Gln Ala Tyr Gly Gln Gln Ser Tyr Gly Thr Tyr Gly Gln Pro Thr

35 40 45

Asp Val Ser Tyr Thr Gln Ala Gln Thr Thr Ala Thr Tyr Gly Gln Thr

50 55 60

Ala Tyr Ala Thr Ser Tyr Gly Gln Pro Pro Thr Gly Tyr Thr Thr Pro

65 70 75 80

Thr Ala Pro Gln Ala Tyr Ser Gln Pro Val Gln Gly Tyr Gly Thr Gly

85 90 95

Ala Tyr Asp Thr Thr Thr Ala Thr Val Thr Thr Thr Gln Ala Ser Tyr

100 105 110

Ala Ala Gln Ser Ala Tyr Gly Thr Gln Pro Ala Tyr Pro Ala Tyr Gly

115 120 125

Gln Gln Pro Ala Ala Thr Ala Pro Thr Arg Pro Gln Asp Gly Asn Lys

130 135 140

Pro Thr Glu Thr Ser Gln Pro Gln Ser Ser Thr Gly Gly Tyr Asn Gln

145 150 155 160

Pro Ser Leu Gly Tyr Gly Gln Ser Asn Tyr Ser Tyr Pro Gln Val Pro

165 170 175

Gly Ser Tyr Pro Met Gln Pro Val Thr Ala Pro Pro Ser Tyr Pro Pro

180 185 190

Thr Ser Tyr Ser Ser Thr Gln Pro Thr Ser Tyr Asp Gln Ser Ser Tyr

195 200 205

Ser Gln Gln Asn Thr Tyr Gly Gln Pro Ser Ser Tyr Gly Gln Gln Ser

210 215 220

Ser Tyr Gly Gln Gln Ser Ser Tyr Gly Gln Gln Pro Pro Thr Ser Tyr

225 230 235 240

Pro Pro Gln Thr Gly Ser Tyr Ser Gln Ala Pro Ser Gln Tyr Ser Gln

245 250 255

Gln Ser Ser Ser Tyr Gly Gln Gln Ser Ser Phe Arg Gln Asp His Pro

260 265 270

Ser Ser Met Gly Val Tyr Gly Gln Glu Ser Gly Gly Phe Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Glu Asn Arg Ser Met Ser Gly Pro Asp Asn Arg Gly Arg Gly Arg

290 295 300

Gly Gly Phe Asp Arg Gly Gly Met Ser Arg Gly Gly Arg Gly Gly Gly

305 310 315 320

Arg Gly Gly Met Gly Ser Ala Gly Glu Arg Gly Gly Phe Asn Lys Pro

325 330 335

Gly Gly Pro Met Asp Glu Gly Pro Asp Leu Asp Leu Gly Pro Pro Val

340 345 350

Asp Pro Asp Glu Asp Ser Asp Asn Ser Ala Ile Tyr Val Gln Gly Leu

355 360 365

Asn Asp Ser Val Thr Leu Asp Asp Leu Ala Asp Phe Phe Lys Gln Cys

370 375 380

Gly Val Val Lys Met Asn Lys Arg Thr Gly Gln Pro Met Ile His Ile
385 390 395 400
Tyr Leu Asp Lys Glu Thr Gly Lys Pro Lys Gly Asp Ala Thr Val Ser

405 410 415
Tyr Glu Asp Pro Pro Thr Ala Lys Ala Ala Val Glu Trp Phe Asp Gly
420 425 430
Lys Asp Phe Gln Gly Ser Lys Leu Lys Val Ser Leu Ala Arg Lys Lys
435 440 445
Pro Pro Met Asn Ser Met Arg Gly Gly Leu Pro Pro Arg Glu Gly Arg
450 455 460
Gly Met Pro Pro Pro Leu Arg Gly Gly Pro Gly Gly Pro Gly Gly Pro

465 470 475 480
Gly Gly Pro Met Gly Arg Met Gly Gly Arg Gly Gly Asp Arg Gly Gly
485 490 495
Phe Pro Pro Arg Gly Pro Arg Gly Ser Arg Gly Asn Pro Ser Gly Gly
500 505 510
Gly Asn Val Gln His Arg Ala Gly Asp Trp Gln Cys Pro Asn Pro Gly
515 520 525
Cys Gly Asn Gln Asn Phe Ala Trp Arg Thr Glu Cys Asn Gln Cys Lys

530 535 540
Ala Pro Lys Pro Glu Gly Phe Leu Pro Pro Pro Phe Pro Pro Pro Gly
545 550 555 560
Gly Asp Arg Gly Arg Gly Gly Pro Gly Gly Met Arg Gly Gly Arg Gly
565 570 575
Gly Leu Met Asp Arg Gly Gly Pro Gly Gly Met Phe Arg Gly Gly Arg
580 585 590
Gly Gly Asp Arg Gly Gly Phe Arg Gly Gly Arg Gly Met Asp Arg Gly

595 600 605
Gly Phe Gly Gly Gly Arg Arg Gly Gly Pro Gly Gly Pro Pro Gly Pro
610 615 620
Leu Met Glu Gln Met Gly Gly Arg Arg Gly Gly Arg Gly Gly Pro Gly

625 630 635 640

Lys Met Asp Lys Gly Glu His Arg Gln Glu Arg Arg Asp Arg Pro Tyr

645 650 655

<210> 354

<211> 665

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EZH2__Homo_sapiens__F2YMM1

<400> 354

Met Gly Gln Thr Gly Lys Lys Ser Glu Lys Gly Pro Val Cys Trp Arg

1 5 10 15

Lys Arg Val Lys Ser Glu Tyr Met Arg Leu Arg Gln Leu Lys Arg Phe

20 25 30

Arg Arg Ala Asp Glu Val Lys Ser Met Phe Ser Ser Asn Arg Gln Lys

35 40 45

Ile Leu Glu Arg Thr Glu Ile Leu Asn Gln Glu Trp Lys Gln Arg Arg

50 55 60

Ile Gln Pro Val His Ile Leu Thr Ser Val Ser Ser Leu Arg Gly Thr

65 70 75 80

Arg Glu Val Glu Asp Glu Thr Val Leu His Asn Ile Pro Tyr Met Gly

85 90 95

Asp Glu Val Leu Asp Gln Asp Gly Thr Phe Ile Glu Glu Leu Ile Lys

100 105 110

Asn Tyr Asp Gly Lys Val His Gly Asp Arg Glu Cys Gly Phe Ile Asn

115 120 125

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

130 135 140

Asp Asp Asp Asp Asp Asp Gly Asp Asp Pro Glu Glu Arg Glu Glu Lys

145 150 155 160

Gln Lys Asp Leu Glu Asp His Arg Asp Asp Lys Glu Ser Arg Pro Pro

165 170 175

Arg Lys Phe Pro Ser Asp Lys Ile Phe Glu Ala Ile Ser Ser Met Phe

180 185 190

Pro Asp Lys Gly Thr Ala Glu Glu Leu Lys Glu Lys Tyr Lys Glu Leu

195 200 205

Thr Glu Gln Gln Leu Pro Gly Ala Leu Pro Pro Glu Cys Thr Pro Asn

210 215 220

Ile Asp Gly Pro Asn Ala Lys Ser Val Gln Arg Glu Gln Ser Leu His

225 230 235 240

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

245 250 255

Leu His Pro Phe His Ala Thr Pro Asn Thr Tyr Lys Arg Lys Asn Thr

260 265 270

Glu Thr Ala Leu Asp Asn Lys Pro Cys Gly Pro Gln Cys Tyr Gln His

275 280 285

Leu Glu Gly Ala Lys Glu Phe Ala Ala Ala Leu Thr Ala Glu Arg Ile

290 295 300

Lys Thr Pro Pro Lys Arg Pro Gly Gly Arg Arg Arg Gly Arg Leu Pro

305 310 315 320

Asn Asn Ser Ser Arg Pro Ser Thr Pro Thr Ile Asn Val Leu Glu Ser

325 330 335

Lys Asp Thr Asp Ser Asp Arg Glu Ala Gly Thr Glu Thr Gly Gly Glu

340 345 350

Asn Asn Asp Lys Glu Glu Glu Glu Lys Lys Asp Glu Thr Ser Ser Ser

355 360 365

Ser Glu Ala Asn Ser Arg Cys Gln Thr Pro Ile Lys Met Lys Pro Asn

370 375 380

Ile Glu Pro Pro Glu Asn Val Glu Trp Ser Gly Ala Glu Ala Ser Met

385 390 395 400

Phe Arg Val Leu Ile Gly Thr Tyr Tyr Asp Asn Phe Cys Ala Ile Ala

405 410 415

Arg Leu Ile Gly Thr Lys Thr Cys Arg Gln Val Tyr Glu Phe Arg Val

420 425 430

Lys Glu Ser Ser Ile Ile Ala Pro Ala Pro Ala Glu Asp Val Asp Thr

435 440 445

Pro Pro Arg Lys Lys Lys Arg Lys His Arg Leu Trp Ala Ala His Cys

450 455 460

Arg Lys Ile Gln Leu Lys Lys Gly Gln Asn Arg Phe Pro Gly Cys Arg

465 470 475 480

Cys Lys Ala Gln Cys Asn Thr Lys Gln Cys Pro Cys Tyr Leu Ala Val

485 490 495

Arg Glu Cys Asp Pro Asp Leu Cys Leu Thr Cys Gly Ala Ala Asp His

500 505 510

Trp Asp Ser Lys Asn Val Ser Cys Lys Asn Cys Ser Ile Gln Arg Gly

515 520 525

Ser Lys Lys His Leu Leu Leu Ala Pro Ser Asp Val Ala Gly Trp Gly

530 535 540

Ile Phe Ile Lys Asp Pro Val Gln Lys Asn Glu Phe Ile Ser Glu Tyr

545 550 555 560

Cys Gly Glu Ile Ile Ser Gln Asp Glu Ala Asp Arg Arg Gly Lys Val

565 570 575

Tyr Asp Lys Tyr Met Cys Ser Phe Leu Phe Asn Leu Asn Asn Asp Phe

580 585 590

Val Val Asp Ala Thr Arg Lys Gly Asn Lys Ile Arg Phe Ala Asn His

595 600 605

Ser Val Asn Pro Asn Cys Tyr Ala Lys Val Met Met Val Asn Gly Asp

610 615 620

His Arg Ile Gly Ile Phe Ala Lys Arg Ala Ile Gln Thr Gly Glu Glu

625 630 635 640

Leu Phe Phe Asp Tyr Arg Tyr Ser Gln Ala Asp Ala Leu Lys Tyr Val

645 650 655

Gly Ile Glu Arg Glu Met Glu Ile Pro

660 665

<210> 355

<211> 334

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EZH2__Homo_sapiens__G3XAL2

<400> 355

Met Gly Gln Thr Gly Lys Lys Ser Glu Lys Gly Pro Val Cys Trp Arg
1 5 10 15

Lys Arg Val Lys Ser Glu Tyr Met Arg Leu Arg Gln Leu Lys Arg Phe
20 25 30

Arg Arg Ala Asp Glu Val Lys Ser Met Phe Ser Ser Asn Arg Gln Lys
35 40 45

Ile Leu Glu Arg Thr Glu Ile Leu Asn Gln Glu Trp Lys Gln Arg Arg
50 55 60

Ile Gln Pro Val His Ile Leu Thr Ser Val Ser Ser Leu Arg Gly Thr
65 70 75 80

Arg Glu Cys Ser Val Thr Ser Asp Leu Asp Phe Pro Thr Gln Val Ile
85 90 95

Pro Leu Lys Thr Leu Asn Ala Val Ala Ser Val Pro Ile Met Tyr Ser
100 105 110

Trp Ser Pro Leu Gln Gln Asn Phe Met Val Glu Asp Glu Thr Val Leu
115 120 125

His Asn Ile Pro Tyr Met Gly Asp Glu Val Leu Asp Gln Asp Gly Thr
130 135 140

Phe Ile Glu Glu Leu Ile Lys Asn Tyr Asp Gly Lys Val His Gly Asp
145 150 155 160

Arg Glu Cys Gly Phe Ile Asn Asp Glu Ile Phe Val Glu Leu Val Asn
165 170 175

Ala Leu Gly Gln Tyr Asn Asp Asp Asp Asp Asp Asp Asp Gly Asp Asp
180 185 190

Pro Glu Glu Arg Glu Glu Lys Gln Lys Asp Leu Glu Asp His Arg Asp

195 200 205

Asp Lys Glu Ser Arg Pro Pro Arg Lys Phe Pro Ser Asp Lys Ile Phe
210 215 220
Glu Ala Ile Ser Ser Met Phe Pro Asp Lys Gly Thr Ala Glu Glu Leu
225 230 235 240
Lys Glu Lys Tyr Lys Glu Leu Thr Glu Gln Gln Leu Pro Gly Ala Leu
245 250 255
Pro Pro Glu Cys Thr Pro Asn Ile Asp Gly Pro Asn Ala Lys Ser Val
260 265 270

Gln Arg Glu Gln Ser Leu His Ser Phe His Thr Leu Phe Cys Arg Arg
275 280 285
Cys Phe Lys Tyr Asp Cys Phe Leu His Pro Phe His Ala Thr Pro Asn
290 295 300
Thr Tyr Lys Arg Lys Asn Thr Glu Thr Ala Leu Asp Asn Lys Pro Cys
305 310 315 320
Gly Pro Gln Cys Tyr Gln His Leu Pro Leu Leu Pro Arg Asn
325 330

<210> 356

<211

> 64

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EZH2__Homo_sapiens__LOR855

<400> 356

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

50 55 60

<210> 357

<211> 746

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EZH2__Homo_sapiens__Q15910

<400> 357

Met Gly Gln Thr Gly Lys Lys Ser Glu Lys Gly Pro Val Cys Trp Arg
1 5 10 15

Lys Arg Val Lys Ser Glu Tyr Met Arg Leu Arg Gln Leu Lys Arg Phe
20 25 30

Arg Arg Ala Asp Glu Val Lys Ser Met Phe Ser Ser Asn Arg Gln Lys
35 40 45

Ile Leu Glu Arg Thr Glu Ile Leu Asn Gln Glu Trp Lys Gln Arg Arg
50 55 60

Ile Gln Pro Val His Ile Leu Thr Ser Val Ser Ser Leu Arg Gly Thr
65 70 75 80

Arg Glu Cys Ser Val Thr Ser Asp Leu Asp Phe Pro Thr Gln Val Ile
85 90 95

Pro Leu Lys Thr Leu Asn Ala Val Ala Ser Val Pro Ile Met Tyr Ser
100 105 110

Trp Ser Pro Leu Gln Gln Asn Phe Met Val Glu Asp Glu Thr Val Leu
115 120 125

His Asn Ile Pro Tyr Met Gly Asp Glu Val Leu Asp Gln Asp Gly Thr
130 135 140

Phe Ile Glu Glu Leu Ile Lys Asn Tyr Asp Gly Lys Val His Gly Asp
145 150 155 160

Arg Glu Cys Gly Phe Ile Asn Asp Glu Ile Phe Val Glu Leu Val Asn
165 170 175

Ala Leu Gly Gln Tyr Asn Asp Asp Asp Asp Asp Asp Asp Gly Asp Asp
180 185 190

Pro Glu Glu Arg Glu Glu Lys Gln Lys Asp Leu Glu Asp His Arg Asp
195 200 205

Asp Lys Glu Ser Arg Pro Pro Arg Lys Phe Pro Ser Asp Lys Ile Phe
210 215 220
Glu Ala Ile Ser Ser Met Phe Pro Asp Lys Gly Thr Ala Glu Glu Leu
225 230 235 240

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

Thr Tyr Lys Arg Lys Asn Thr Glu Thr Ala Leu Asp Asn Lys Pro Cys
305 310 315 320
Gly Pro Gln Cys Tyr Gln His Leu Glu Gly Ala Lys Glu Phe Ala Ala
325 330 335
Ala Leu Thr Ala Glu Arg Ile Lys Thr Pro Pro Lys Arg Pro Gly Gly
340 345 350
Arg Arg Arg Gly Arg Leu Pro Asn Asn Ser Ser Arg Pro Ser Thr Pro
355 360 365

Thr Ile Asn Val Leu Glu Ser Lys Asp Thr Asp Ser Asp Arg Glu Ala
370 375 380
Gly Thr Glu Thr Gly Gly Glu Asn Asn Asp Lys Glu Glu Glu Glu Lys
385 390 395 400
Lys Asp Glu Thr Ser Ser Ser Ser Glu Ala Asn Ser Arg Cys Gln Thr
405 410 415
Pro Ile Lys Met Lys Pro Asn Ile Glu Pro Pro Glu Asn Val Glu Trp
420 425 430

Ser Gly Ala Glu Ala Ser Met Phe Arg Val Leu Ile Gly Thr Tyr Tyr
435 440 445
Asp Asn Phe Cys Ala Ile Ala Arg Leu Ile Gly Thr Lys Thr Cys Arg

```
    450                 455                 460
Gln Val Tyr Glu Phe Arg Val Lys Glu Ser Ser Ile Ile Ala Pro Ala
465                 470                 475                 480
Pro Ala Glu Asp Val Asp Thr Pro Pro Arg Lys Lys Lys Arg Lys His
                485                 490                 495

Arg Leu Trp Ala Ala His Cys Arg Lys Ile Gln Leu Lys Lys Asp Gly
            500                 505                 510
Ser Ser Asn His Val Tyr Asn Tyr Gln Pro Cys Asp His Pro Arg Gln
        515                 520                 525
Pro Cys Asp Ser Ser Cys Pro Cys Val Ile Ala Gln Asn Phe Cys Glu
    530                 535                 540
Lys Phe Cys Gln Cys Ser Ser Glu Cys Gln Asn Arg Phe Pro Gly Cys
545                 550                 555                 560

Arg Cys Lys Ala Gln Cys Asn Thr Lys Gln Cys Pro Cys Tyr Leu Ala
                565                 570                 575
Val Arg Glu Cys Asp Pro Asp Leu Cys Leu Thr Cys Gly Ala Ala Asp
            580                 585                 590
His Trp Asp Ser Lys Asn Val Ser Cys Lys Asn Cys Ser Ile Gln Arg
        595                 600                 605
Gly Ser Lys Lys His Leu Leu Leu Ala Pro Ser Asp Val Ala Gly Trp
    610                 615                 620

Gly Ile Phe Ile Lys Asp Pro Val Gln Lys Asn Glu Phe Ile Ser Glu
625                 630                 635                 640
Tyr Cys Gly Glu Ile Ile Ser Gln Asp Glu Ala Asp Arg Arg Gly Lys
                645                 650                 655
Val Tyr Asp Lys Tyr Met Cys Ser Phe Leu Phe Asn Leu Asn Asn Asp
            660                 665                 670
Phe Val Val Asp Ala Thr Arg Lys Gly Asn Lys Ile Arg Phe Ala Asn
        675                 680                 685

His Ser Val Asn Pro Asn Cys Tyr Ala Lys Val Met Met Val Asn Gly
    690                 695                 700
```

Asp His Arg Ile Gly Ile Phe Ala Lys Arg Ala Ile Gln Thr Gly Glu
705 710 715 720
Glu Leu Phe Phe Asp Tyr Arg Tyr Ser Gln Ala Asp Ala Leu Lys Tyr
725 730 735
Val Gly Ile Glu Arg Glu Met Glu Ile Pro
740 745

<210> 358
<211> 707
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> EZH2__Homo_sapiens__S4S3R8
<400> 358
Met Gly Gln Thr Gly Lys Lys Ser Glu Lys Gly Pro Val Cys Trp Arg
1 5 10 15
Lys Arg Val Lys Ser Glu Tyr Met Arg Leu Arg Gln Leu Lys Arg Phe
20 25 30
Arg Arg Ala Asp Glu Val Lys Ser Met Phe Ser Ser Asn Arg Gln Lys
35 40 45
Ile Leu Glu Arg Thr Glu Ile Leu Asn Gln Glu Trp Lys Gln Arg Arg

50 55 60
Ile Gln Pro Val His Ile Leu Thr Ser Val Ser Ser Leu Arg Gly Thr
65 70 75 80
Arg Glu Val Glu Asp Glu Thr Val Leu His Asn Ile Pro Tyr Met Gly
85 90 95
Asp Glu Val Leu Asp Gln Asp Gly Thr Phe Ile Glu Glu Leu Ile Lys
100 105 110
Asn Tyr Asp Gly Lys Val His Gly Asp Arg Glu Cys Gly Phe Ile Asn

115 120 125
Asp Glu Ile Phe Val Glu Leu Val Asn Ala Leu Gly Gln Tyr Asn Asp
130 135 140
Asp Asp Asp Asp Asp Asp Gly Asp Asp Pro Glu Glu Arg Glu Glu Lys
145 150 155 160

Gln Lys Asp Leu Glu Asp His Arg Asp Asp Lys Glu Ser Arg Pro Pro
165 170 175
Arg Lys Phe Pro Ser Asp Lys Ile Phe Glu Ala Ile Ser Ser Met Phe

180 185 190
Pro Asp Lys Gly Thr Ala Glu Glu Leu Lys Glu Lys Tyr Lys Glu Leu
195 200 205
Thr Glu Gln Gln Leu Pro Gly Ala Leu Pro Pro Glu Cys Thr Pro Asn
210 215 220
Ile Asp Gly Pro Asn Ala Lys Ser Val Gln Arg Glu Gln Ser Leu His
225 230 235 240
Ser Phe His Thr Leu Phe Cys Arg Arg Cys Phe Lys Tyr Asp Cys Phe

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

305 310 315 320
Asn Asn Ser Ser Arg Pro Ser Thr Pro Thr Ile Asn Val Leu Glu Ser
325 330 335
Lys Asp Thr Asp Ser Asp Arg Glu Ala Gly Thr Glu Thr Gly Gly Glu
340 345 350
Asn Asn Asp Lys Glu Glu Glu Glu Lys Lys Asp Glu Thr Ser Ser Ser
355 360 365
Ser Glu Ala Asn Ser Arg Cys Gln Thr Pro Ile Lys Met Lys Pro Asn

370 375 380
Ile Glu Pro Pro Glu Asn Val Glu Trp Ser Gly Ala Glu Ala Ser Met
385 390 395 400
Phe Arg Val Leu Ile Gly Thr Tyr Tyr Asp Asn Phe Cys Ala Ile Ala

405 410 415

Arg Leu Ile Gly Thr Lys Thr Cys Arg Gln Val Tyr Glu Phe Arg Val

420 425 430

Lys Glu Ser Ser Ile Ile Ala Pro Ala Pro Ala Glu Asp Val Asp Thr

435 440 445

Pro Pro Arg Lys Lys Lys Arg Lys His Arg Leu Trp Ala Ala His Cys

450 455 460

Arg Lys Ile Gln Leu Lys Lys Asp Gly Ser Ser Asn His Val Tyr Asn

465 470 475 480

Tyr Gln Pro Cys Asp His Pro Arg Gln Pro Cys Asp Ser Ser Cys Pro

485 490 495

Cys Val Ile Ala Gln Asn Phe Cys Glu Lys Phe Cys Gln Cys Ser Ser

500 505 510

Glu Cys Gln Asn Arg Phe Pro Gly Cys Arg Cys Lys Ala Gln Cys Asn

515 520 525

Thr Lys Gln Cys Pro Cys Tyr Leu Ala Val Arg Glu Cys Asp Pro Asp

530 535 540

Leu Cys Leu Thr Cys Gly Ala Ala Asp His Trp Asp Ser Lys Asn Val

545 550 555 560

Ser Cys Lys Asn Cys Ser Ile Gln Arg Gly Ser Lys Lys His Leu Leu

565 570 575

Leu Ala Pro Ser Asp Val Ala Gly Trp Gly Ile Phe Ile Lys Asp Pro

580 585 590

Val Gln Lys Asn Glu Phe Ile Ser Glu Tyr Cys Gly Glu Ile Ile Ser

595 600 605

Gln Asp Glu Ala Asp Arg Arg Gly Lys Val Tyr Asp Lys Tyr Met Cys

610 615 620

Ser Phe Leu Phe Asn Leu Asn Asn Asp Phe Val Val Asp Ala Thr Arg

625 630 635 640

Lys Gly Asn Lys Ile Arg Phe Ala Asn His Ser Val Asn Pro Asn Cys

645 650 655

Tyr Ala Lys Val Met Met Val Asn Gly Asp His Arg Ile Gly Ile Phe
660 665 670
Ala Lys Arg Ala Ile Gln Thr Gly Glu Glu Leu Phe Phe Asp Tyr Arg
675 680 685
Tyr Ser Gln Ala Asp Ala Leu Lys Tyr Val Gly Ile Glu Arg Glu Met

690 695 700
Glu Ile Pro
705

<210> 359
<211> 132
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FABP7__Homo_sapiens__O15540
<400> 359
Met Val Glu Ala Phe Cys Ala Thr Trp Lys Leu Thr Asn Ser Gln Asn
1 5 10 15
Phe Asp Glu Tyr Met Lys Ala Leu Gly Val Gly Phe Ala Thr Arg Gln
20 25 30
Val Gly Asn Val Thr Lys Pro Thr Val Ile Ile Ser Gln Glu Gly Asp

35 40 45
Lys Val Val Ile Arg Thr Leu Ser Thr Phe Lys Asn Thr Glu Ile Ser
50 55 60
Phe Gln Leu Gly Glu Glu Phe Asp Glu Thr Thr Ala Asp Asp Arg Asn
65 70 75 80
Cys Lys Ser Val Val Ser Leu Asp Gly Asp Lys Leu Val His Ile Gln
85 90 95
Lys Trp Asp Gly Lys Glu Thr Asn Phe Val Arg Glu Ile Lys Asp Gly

100 105 110
Lys Met Val Met Thr Leu Thr Phe Gly Asp Val Val Ala Val Arg His
115 120 125
Tyr Glu Lys Ala
130

<210> 360

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FCGR3A_Version_1__Homo_sapiens__P08637

<400> 360

Met Trp Gln Leu Leu Leu Pro Thr Ala Leu Leu Leu Leu Val Ser Ala
1 5 10 15

Gly Met Arg Thr Glu Asp Leu Pro Lys Ala Val Val Phe Leu Glu Pro

20 25 30

Gln Trp Tyr Arg Val Leu Glu Lys Asp Ser Val Thr Leu Lys Cys Gln
35 40 45

Gly Ala Tyr Ser Pro Glu Asp Asn Ser Thr Gln Trp Phe His Asn Glu
50 55 60

Ser Leu Ile Ser Ser Gln Ala Ser Ser Tyr Phe Ile Asp Ala Ala Thr
65 70 75 80

Val Asp Asp Ser Gly Glu Tyr Arg Cys Gln Thr Asn Leu Ser Thr Leu

85 90 95

Ser Asp Pro Val Gln Leu Glu Val His Ile Gly Trp Leu Leu Leu Gln
100 105 110

Ala Pro Arg Trp Val Phe Lys Glu Glu Asp Pro Ile His Leu Arg Cys
115 120 125

His Ser Trp Lys Asn Thr Ala Leu His Lys Val Thr Tyr Leu Gln Asn
130 135 140

Gly Lys Gly Arg Lys Tyr Phe His His Asn Ser Asp Phe Tyr Ile Pro

145 150 155 160

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

Gly Ser Lys Asn Val Ser Ser Glu Thr Val Asn Ile Thr Ile Thr Gln
180 185 190

Gly Leu Ala Val Ser Thr Ile Ser Ser Phe Phe Pro Pro Gly Tyr Gln
195 200 205

Val Ser Phe Cys Leu Val Met Val Leu Leu Phe Ala Val Asp Thr Gly

210 215 220

Leu Tyr Phe Ser Val Lys Thr Asn Ile Arg Ser Ser Thr Arg Asp Trp
225 230 235 240

Lys Asp His Lys Phe Lys Trp Arg Lys Asp Pro Gln Asp Lys
245 250

<210> 361

<211> 290

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FCGR3A_Version_2__Homo_sapiens__CCDS1232.1

<400> 361

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

Gly Leu Val Pro Leu Gly Leu Arg Ile Ser Leu Val Thr Cys Pro Leu
20 25 30

Gln Cys Gly Ile Met Trp Gln Leu Leu Leu Pro Thr Ala Leu Leu Leu
35 40 45

Leu Val Ser Ala Gly Met Arg Thr Glu Asp Leu Pro Lys Ala Val Val
50 55 60

Phe Leu Glu Pro Gln Trp Tyr Arg Val Leu Glu Lys Asp Ser Val Thr
65 70 75 80

Leu Lys Cys Gln Gly Ala Tyr Ser Pro Glu Asp Asn Ser Thr Gln Trp
85 90 95

Phe His Asn Glu Ser Leu Ile Ser Ser Gln Ala Ser Ser Tyr Phe Ile
100 105 110

Asp Ala Ala Thr Val Asp Asp Ser Gly Glu Tyr Arg Cys Gln Thr Asn
115 120 125

Leu Ser Thr Leu Ser Asp Pro Val Gln Leu Glu Val His Ile Gly Trp
130 135 140

Leu Leu Leu Gln Ala Pro Arg Trp Val Phe Lys Glu Glu Asp Pro Ile

145 150 155 160

His Leu Arg Cys His Ser Trp Lys Asn Thr Ala Leu His Lys Val Thr

165 170 175

Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Gly Arg Lys Tyr Phe His His Asn Ser Asp

180 185 190

Phe Tyr Ile Pro Lys Ala Thr Leu Lys Asp Ser Gly Ser Tyr Phe Cys

195 200 205

Arg Gly Leu Phe Gly Ser Lys Asn Val Ser Ser Glu Thr Val Asn Ile

210 215 220

Thr Ile Thr Gln Gly Leu Ala Val Ser Thr Ile Ser Ser Phe Phe Pro

225 230 235 240

Pro Gly Tyr Gln Val Ser Phe Cys Leu Val Met Val Leu Leu Phe Ala

245 250 255

Val Asp Thr Gly Leu Tyr Phe Ser Val Lys Thr Asn Ile Arg Ser Ser

260 265 270

Thr Arg Asp Trp Lys Asp His Lys Phe Lys Trp Arg Lys Asp Pro Gln

275 280 285

Asp Lys

290

<210> 362

<211> 268

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FGF5__Homo_sapiens__P12034

<400> 362

Met Ser Leu Ser Phe Leu Leu Leu Leu Phe Phe Ser His Leu Ile Leu

1 5 10 15

Ser Ala Trp Ala His Gly Glu Lys Arg Leu Ala Pro Lys Gly Gln Pro

20 25 30

Gly Pro Ala Ala Thr Asp Arg Asn Pro Arg Gly Ser Ser Ser Arg Gln

35 40 45

Ser Ser Ser Ser Ala Met Ser Ser Ser Ser Ala Ser Ser Ser Pro Ala

50 55 60

Ala Ser Leu Gly Ser Gln Gly Ser Gly Leu Glu Gln Ser Ser Phe Gln
65 70 75 80

Trp Ser Pro Ser Gly Arg Arg Thr Gly Ser Leu Tyr Cys Arg Val Gly
85 90 95

Ile Gly Phe His Leu Gln Ile Tyr Pro Asp Gly Lys Val Asn Gly Ser
100 105 110

His Glu Ala Asn Met Leu Ser Val Leu Glu Ile Phe Ala Val Ser Gln
115 120 125

Gly Ile Val Gly Ile Arg Gly Val Phe Ser Asn Lys Phe Leu Ala Met
130 135 140

Ser Lys Lys Gly Lys Leu His Ala Ser Ala Lys Phe Thr Asp Asp Cys
145 150 155 160

Lys Phe Arg Glu Arg Phe Gln Glu Asn Ser Tyr Asn Thr Tyr Ala Ser
165 170 175

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

Asn Lys Arg Gly Lys Ala Lys Arg Gly Cys Ser Pro Arg Val Lys Pro
195 200 205

Gln His Ile Ser Thr His Phe Leu Pro Arg Phe Lys Gln Ser Glu Gln
210 215 220

Pro Glu Leu Ser Phe Thr Val Thr Val Pro Glu Lys Lys Lys Pro Pro
225 230 235 240

Ser Pro Ile Lys Pro Lys Ile Pro Leu Ser Ala Pro Arg Lys Asn Thr
245 250 255

Asn Ser Val Lys Tyr Arg Leu Lys Phe Arg Phe Gly
260 265

<210> 363

<211> 38

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FGF5__Homo_sapiens__Q60518

<400> 363

Met Ser Thr Arg Cys Gly Glu Ala Gly Arg Ala Arg Gly Thr Gln Pro

1 5 10 15

His Arg Gly Tyr Arg Ala Gln Asn Gln Pro Tyr Lys Met His Leu Gly

20 25 30

Pro Pro Arg Leu Glu Glu

35

<210> 364

<211> 821

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FGFR2__Homo_sapiens__P21802

<400> 364

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr

20 25 30

Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu

35 40 45

Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu

50 55 60

Lys Asp Ala Ala Val Ile Ser Trp Thr Lys Asp Gly Val His Leu Gly

65 70 75 80

Pro Asn Asn Arg Thr Val Leu Ile Gly Glu Tyr Leu Gln Ile Lys Gly

85 90 95

Ala Thr Pro Arg Asp Ser Gly Leu Tyr Ala Cys Thr Ala Ser Arg Thr

100 105 110

Val Asp Ser Glu Thr Trp Tyr Phe Met Val Asn Val Thr Asp Ala Ile

115 120 125

Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Asp Thr Asp Gly Ala Glu Asp Phe Val

130 135 140

Ser Glu Asn Ser Asn Asn Lys Arg Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu

145 150 155 160

Lys Met Glu Lys Arg Leu His Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Lys

165 170 175

Phe Arg Cys Pro Ala Gly Gly Asn Pro Met Pro Thr Met Arg Trp Leu

180 185 190

Lys Asn Gly Lys Glu Phe Lys Gln Glu His Arg Ile Gly Gly Tyr Lys

195 200 205

Val Arg Asn Gln His Trp Ser Leu Ile Met Glu Ser Val Val Pro Ser

210 215 220

Asp Lys Gly Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Ile

225 230 235 240

Asn His Thr Tyr His Leu Asp Val Val Glu Arg Ser Pro His Arg Pro

245 250 255

Ile Leu Gln Ala Gly Leu Pro Ala Asn Ala Ser Thr Val Val Gly Gly

260 265 270

Asp Val Glu Phe Val Cys Lys Val Tyr Ser Asp Ala Gln Pro His Ile

275 280 285

Gln Trp Ile Lys His Val Glu Lys Asn Gly Ser Lys Tyr Gly Pro Asp

290 295 300

Gly Leu Pro Tyr Leu Lys Val Leu Lys Ala Ala Gly Val Asn Thr Thr

305 310 315 320

Asp Lys Glu Ile Glu Val Leu Tyr Ile Arg Asn Val Thr Phe Glu Asp

325 330 335

Ala Gly Glu Tyr Thr Cys Leu Ala Gly Asn Ser Ile Gly Ile Ser Phe

340 345 350

His Ser Ala Trp Leu Thr Val Leu Pro Ala Pro Gly Arg Glu Lys Glu

355 360 365

Ile Thr Ala Ser Pro Asp Tyr Leu Glu Ile Ala Ile Tyr Cys Ile Gly

370 375 380

Val Phe Leu Ile Ala Cys Met Val Val Thr Val Ile Leu Cys Arg Met

385 390 395 400

Lys Asn Thr Thr Lys Lys Pro Asp Phe Ser Ser Gln Pro Ala Val His

405 410 415

Lys Leu Thr Lys Arg Ile Pro Leu Arg Arg Gln Val Thr Val Ser Ala

420 425 430

Glu Ser Ser Ser Ser Met Asn Ser Asn Thr Pro Leu Val Arg Ile Thr

435 440 445

Thr Arg Leu Ser Ser Thr Ala Asp Thr Pro Met Leu Ala Gly Val Ser

450 455 460

Glu Tyr Glu Leu Pro Glu Asp Pro Lys Trp Glu Phe Pro Arg Asp Lys

465 470 475 480

Leu Thr Leu Gly Lys Pro Leu Gly Glu Gly Cys Phe Gly Gln Val Val

485 490 495

Met Ala Glu Ala Val Gly Ile Asp Lys Asp Lys Pro Lys Glu Ala Val

500 505 510

Thr Val Ala Val Lys Met Leu Lys Asp Asp Ala Thr Glu Lys Asp Leu

515 520 525

Ser Asp Leu Val Ser Glu Met Glu Met Met Lys Met Ile Gly Lys His

530 535 540

Lys Asn Ile Ile Asn Leu Leu Gly Ala Cys Thr Gln Asp Gly Pro Leu

545 550 555 560

Tyr Val Ile Val Glu Tyr Ala Ser Lys Gly Asn Leu Arg Glu Tyr Leu

565 570 575

Arg Ala Arg Arg Pro Pro Gly Met Glu Tyr Ser Tyr Asp Ile Asn Arg

580 585 590

Val Pro Glu Glu Gln Met Thr Phe Lys Asp Leu Val Ser Cys Thr Tyr

595 600 605

Gln Leu Ala Arg Gly Met Glu Tyr Leu Ala Ser Gln Lys Cys Ile His

610 615 620

Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Val Thr Glu Asn Asn Val Met

625 630 635 640

Lys Ile Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg Asp Ile Asn Asn Ile Asp Tyr
645 650 655
Tyr Lys Lys Thr Thr Asn Gly Arg Leu Pro Val Lys Trp Met Ala Pro

660 665 670
Glu Ala Leu Phe Asp Arg Val Tyr Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser
675 680 685
Phe Gly Val Leu Met Trp Glu Ile Phe Thr Leu Gly Gly Ser Pro Tyr
690 695 700
Pro Gly Ile Pro Val Glu Glu Leu Phe Lys Leu Leu Lys Glu Gly His
705 710 715 720
Arg Met Asp Lys Pro Ala Asn Cys Thr Asn Glu Leu Tyr Met Met Met

725 730 735
Arg Asp Cys Trp His Ala Val Pro Ser Gln Arg Pro Thr Phe Lys Gln
740 745 750
Leu Val Glu Asp Leu Asp Arg Ile Leu Thr Leu Thr Thr Asn Glu Glu
755 760 765
Tyr Leu Asp Leu Ser Gln Pro Leu Glu Gln Tyr Ser Pro Ser Tyr Pro
770 775 780
Asp Thr Arg Ser Ser Cys Ser Ser Gly Asp Asp Ser Val Phe Ser Pro

785 790 795 800
Asp Pro Met Pro Tyr Glu Pro Cys Leu Pro Gln Tyr Pro His Ile Asn
805 810 815
Gly Ser Val Lys Thr
820

<210> 365
<211> 635
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__A0A024R5I6
<400> 365
Met Ala Pro Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ala Ser Gly Ala Ala Ala
1 5 10 15

Cys Pro Leu Pro Cys Val Cys Gln Asn Leu Ser Glu Ser Leu Ser Thr

20 25 30

Leu Cys Ala His Arg Gly Leu Leu Phe Val Pro Pro Asn Val Asp Arg

35 40 45

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

50 55 60

Pro Pro Asp Phe Arg Asn Met Thr Gly Leu Val Asp Leu Thr Leu Ser

65 70 75 80

Arg Asn Ala Ile Thr Arg Ile Gly Ala Arg Ala Phe Gly Asp Leu Glu

85 90 95

Ser Leu Arg Ser Leu His Leu Asp Gly Asn Arg Leu Val Glu Leu Gly

100 105 110

Thr Gly Ser Leu Arg Gly Pro Val Asn Leu Gln His Leu Ile Leu Ser

115 120 125

Gly Asn Gln Leu Gly Arg Ile Ala Pro Gly Ala Phe Asp Asp Phe Leu

130 135 140

Glu Ser Leu Glu Asp Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Asn Leu Arg Gln Val

145 150 155 160

Pro Trp Ala Gly Ile Gly Ala Met Pro Ala Leu His Thr Leu Asn Leu

165 170 175

Asp His Asn Leu Ile Asp Ala Leu Pro Pro Gly Ala Phe Ala Gln Leu

180 185 190

Gly Gln Leu Ser Arg Leu Asp Leu Thr Ser Asn Arg Leu Ala Thr Leu

195 200 205

Ala Pro Asp Pro Leu Phe Ser Arg Gly Arg Asp Ala Glu Ala Ser Pro

210 215 220

Ala Pro Leu Val Leu Ser Phe Ser Gly Asn Pro Leu His Cys Asn Cys

225 230 235 240

Glu Leu Leu Trp Leu Arg Arg Leu Ala Arg Pro Asp Asp Leu Glu Thr

245 250 255

Cys Ala Ser Pro Pro Gly Leu Ala Gly Arg Tyr Phe Trp Ala Val Pro

260 265 270

Glu Gly Glu Phe Ser Cys Glu Pro Pro Leu Ile Ala Arg His Thr Gln

275 280 285

Arg Leu Trp Val Leu Glu Gly Gln Arg Ala Thr Leu Arg Cys Arg Ala

290 295 300

Leu Gly Asp Pro Ala Pro Thr Met His Trp Val Gly Pro Asp Asp Arg

305 310 315 320

Leu Val Gly Asn Ser Ser Arg Ala Arg Ala Phe Pro Asn Gly Thr Leu

325 330 335

Glu Ile Gly Val Thr Gly Ala Gly Asp Ala Gly Gly Tyr Thr Cys Ile

340 345 350

Ala Thr Asn Pro Ala Gly Glu Ala Thr Ala Arg Val Glu Leu Arg Val

355 360 365

Leu Ala Leu Pro His Gly Gly Asn Ser Ser Ala Glu Gly Gly Arg Pro

370 375 380

Gly Pro Ser Asp Ile Ala Ala Ser Ala Arg Thr Ala Ala Glu Gly Glu

385 390 395 400

Gly Thr Leu Glu Ser Glu Pro Ala Val Gln Val Thr Glu Val Thr Ala

405 410 415

Thr Ser Gly Leu Val Ser Trp Gly Pro Gly Arg Pro Ala Asp Pro Val

420 425 430

Trp Met Phe Gln Ile Gln Tyr Asn Ser Ser Glu Asp Glu Thr Leu Ile

435 440 445

Tyr Arg Ile Val Pro Ala Ser Ser His His Phe Leu Leu Lys His Leu

450 455 460

Val Pro Gly Ala Asp Tyr Asp Leu Cys Leu Leu Ala Leu Ser Pro Ala

465 470 475 480

Ala Gly Pro Ser Asp Leu Thr Ala Thr Arg Leu Leu Gly Cys Ala His

485 490 495

Phe Ser Thr Leu Pro Ala Ser Pro Leu Cys His Ala Leu Gln Ala His

500 505 510

Val Leu Gly Gly Thr Leu Thr Val Ala Val Gly Gly Val Leu Val Ala
515 520 525
Ala Leu Leu Val Phe Thr Val Ala Leu Leu Val Arg Gly Arg Gly Ala

530 535 540
Gly Asn Gly Arg Leu Pro Leu Lys Leu Ser His Val Gln Ser Gln Thr
545 550 555 560
Asn Gly Gly Pro Ser Pro Thr Pro Lys Ala His Pro Pro Arg Ser Pro
565 570 575
Pro Pro Arg Pro Gln Arg Ser Cys Ser Leu Asp Leu Gly Asp Ala Gly
580 585 590
Cys Tyr Gly Tyr Ala Arg Arg Leu Gly Gly Ala Trp Ala Arg Arg Ser

595 600 605
His Ser Val His Gly Gly Leu Leu Gly Ala Gly Cys Arg Gly Val Gly
610 615 620
Gly Ser Ala Glu Arg Leu Glu Glu Ser Val Val
625 630 635

<210> 366
<211> 1098
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__A0A024RB01
<400> 366
Met Pro Pro Arg Gln Pro Pro Arg Gln Ala Gly Gly Gly Leu Ser Arg
1 5 10 15

Glu Phe Gly Lys Leu Leu Pro Ala Leu Ser His Ser Pro Leu Gly Gly
20 25 30
Leu Gly Ser Gly Ser Gly Ser Val Ala Pro Gly Gln Gly Arg Ala Gly
35 40 45
Ala Met Gly Ser Arg Thr Pro Glu Ser Pro Leu His Ala Val Gln Leu
50 55 60
Arg Trp Gly Pro Arg Arg Arg Pro Pro Leu Leu Pro Leu Leu Leu Leu

65 70 75 80

Leu Leu Pro Pro Pro Pro Arg Val Gly Gly Phe Asn Leu Asp Ala Glu
85 90 95
Ala Pro Ala Val Leu Ser Gly Pro Pro Gly Ser Phe Phe Gly Phe Ser
100 105 110
Val Glu Phe Tyr Arg Pro Gly Thr Asp Gly Val Ser Val Leu Val Gly
115 120 125
Ala Pro Lys Ala Asn Thr Ser Gln Pro Gly Val Leu Gln Gly Gly Ala
130 135 140

Val Tyr Leu Cys Pro Trp Gly Ala Ser Pro Thr Gln Cys Thr Pro Ile
145 150 155 160
Glu Phe Asp Ser Lys Gly Ser Arg Leu Leu Glu Ser Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Ser Glu Gly Glu Glu Pro Val Glu Tyr Lys Ser Leu Gln Trp Phe Gly
180 185 190
Ala Thr Val Arg Ala His Gly Ser Ser Ile Leu Ala Cys Ala Pro Leu
195 200 205

Tyr Ser Trp Arg Thr Glu Lys Glu Pro Leu Ser Asp Pro Val Gly Thr
210 215 220
Cys Tyr Leu Ser Thr Asp Asn Phe Thr Arg Ile Leu Glu Tyr Ala Pro
225 230 235 240
Cys Arg Ser Asp Phe Ser Trp Ala Ala Gly Gln Gly Tyr Cys Gln Gly
245 250 255
Gly Phe Ser Ala Glu Phe Thr Lys Thr Gly Arg Val Val Leu Gly Gly
260 265 270

Pro Gly Ser Tyr Phe Trp Gln Gly Gln Ile Leu Ser Ala Thr Gln Glu
275 280 285
Gln Ile Ala Glu Ser Tyr Tyr Pro Glu Tyr Leu Ile Asn Leu Val Gln
290 295 300
Gly Gln Leu Gln Thr Arg Gln Ala Ser Ser Ile Tyr Asp Asp Ser Tyr
305 310 315 320

Leu Gly Tyr Ser Val Ala Val Gly Glu Phe Ser Gly Asp Asp Thr Glu
325 330 335

Asp Phe Val Ala Gly Val Pro Lys Gly Asn Leu Thr Tyr Gly Tyr Val
340 345 350

Thr Ile Leu Asn Gly Ser Asp Ile Arg Ser Leu Tyr Asn Phe Ser Gly
355 360 365

Glu Gln Met Ala Ser Tyr Phe Gly Tyr Ala Val Ala Ala Thr Asp Val
370 375 380

Asn Gly Asp Gly Leu Asp Asp Leu Leu Val Gly Ala Pro Leu Leu Met
385 390 395 400

Asp Arg Thr Pro Asp Gly Arg Pro Gln Glu Val Gly Arg Val Tyr Val
405 410 415

Tyr Leu Gln His Pro Ala Gly Ile Glu Pro Thr Pro Thr Leu Thr Leu
420 425 430

Thr Gly His Asp Glu Phe Gly Arg Phe Gly Ser Ser Leu Thr Pro Leu
435 440 445

Gly Asp Leu Asp Gln Asp Gly Tyr Asn Asp Val Ala Ile Gly Ala Pro
450 455 460

Phe Gly Gly Glu Thr Gln Gln Gly Val Val Phe Val Phe Pro Gly Gly
465 470 475 480

Pro Gly Gly Leu Gly Ser Lys Pro Ser Gln Val Leu Gln Pro Leu Trp
485 490 495

Ala Ala Ser His Thr Pro Asp Phe Phe Gly Ser Ala Leu Arg Gly Gly
500 505 510

Arg Asp Leu Asp Gly Asn Gly Tyr Pro Asp Leu Ile Val Gly Ser Phe
515 520 525

Gly Val Asp Lys Ala Val Val Tyr Arg Gly Arg Pro Ile Val Ser Ala
530 535 540

Ser Ala Ser Leu Thr Ile Phe Pro Ala Met Phe Asn Pro Glu Glu Arg
545 550 555 560

Ser Cys Ser Leu Glu Gly Asn Pro Val Ala Cys Ile Asn Leu Ser Phe

565 570 575

Cys Leu Asn Ala Ser Gly Lys His Val Ala Asp Ser Ile Gly Phe Thr

580 585 590

Val Glu Leu Gln Leu Asp Trp Gln Lys Gln Lys Gly Gly Val Arg Arg

595 600 605

Ala Leu Phe Leu Ala Ser Arg Gln Ala Thr Leu Thr Gln Thr Leu Leu

610 615 620

Ile Gln Asn Gly Ala Arg Glu Asp Cys Arg Glu Met Lys Ile Tyr Leu

625 630 635 640

Arg Asn Glu Ser Glu Phe Arg Asp Lys Leu Ser Pro Ile His Ile Ala

645 650 655

Leu Asn Phe Ser Leu Asp Pro Gln Ala Pro Val Asp Ser His Gly Leu

660 665 670

Arg Pro Ala Leu His Tyr Gln Ser Lys Ser Arg Ile Glu Asp Lys Ala

675 680 685

Gln Ile Leu Leu Asp Cys Gly Glu Asp Asn Ile Cys Val Pro Asp Leu

690 695 700

Gln Leu Glu Val Phe Gly Glu Gln Asn His Val Tyr Leu Gly Asp Lys

705 710 715 720

Asn Ala Leu Asn Leu Thr Phe His Ala Gln Asn Val Gly Glu Gly Gly

725 730 735

Ala Tyr Glu Ala Glu Leu Arg Val Thr Ala Pro Pro Glu Ala Glu Tyr

740 745 750

Ser Gly Leu Val Arg His Pro Gly Asn Phe Ser Ser Leu Ser Cys Asp

755 760 765

Tyr Phe Ala Val Asn Gln Ser Arg Leu Leu Val Cys Asp Leu Gly Asn

770 775 780

Pro Met Lys Ala Gly Ala Ser Leu Trp Gly Gly Leu Arg Phe Thr Val

785 790 795 800

Pro His Leu Arg Asp Thr Lys Lys Thr Ile Gln Phe Asp Phe Gln Ile

805 810 815

Leu Ser Lys Asn Leu Asn Asn Ser Gln Ser Asp Val Val Ser Phe Arg
820 825 830
Leu Ser Val Glu Ala Gln Ala Gln Val Thr Leu Asn Gly Val Ser Lys
835 840 845

Pro Glu Ala Val Leu Phe Pro Val Ser Asp Trp His Pro Arg Asp Gln
850 855 860
Pro Gln Lys Glu Glu Asp Leu Gly Pro Ala Val His His Val Tyr Glu
865 870 875 880
Leu Ile Asn Gln Gly Pro Ser Ser Ile Ser Gln Gly Val Leu Glu Leu
885 890 895
Ser Cys Pro Gln Ala Leu Glu Gly Gln Gln Leu Leu Tyr Val Thr Arg
900 905 910

Val Thr Gly Leu Asn Cys Thr Thr Asn His Pro Ile Asn Pro Lys Gly
915 920 925
Leu Glu Leu Asp Pro Glu Gly Ser Leu His His Gln Gln Lys Arg Glu
930 935 940
Ala Pro Ser Arg Ser Ser Ala Ser Ser Gly Pro Gln Ile Leu Lys Cys
945 950 955 960
Pro Glu Ala Glu Cys Phe Arg Leu Arg Cys Glu Leu Gly Pro Leu His
965 970 975

Gln Gln Glu Ser Gln Ser Leu Gln Leu His Phe Arg Val Trp Ala Lys
980 985 990
Thr Phe Leu Gln Arg Glu His Gln Pro Phe Ser Leu Gln Cys Glu Ala
995 1000 1005
Val Tyr Lys Ala Leu Lys Met Pro Tyr Arg Ile Leu Pro Arg Gln
1010 1015 1020
Leu Pro Gln Lys Glu Arg Gln Val Ala Thr Ala Val Gln Trp Thr
1025 1030 1035

Lys Ala Glu Gly Ser Tyr Gly Val Pro Leu Trp Ile Ile Ile Leu
1040 1045 1050
Ala Ile Leu Phe Gly Leu Leu Leu Leu Gly Leu Leu Ile Tyr Ile

1055 1060 1065

Leu Tyr Lys Leu Gly Phe Phe Lys Arg Ser Leu Pro Tyr Gly Thr

1070 1075 1080

Ala Met Glu Lys Ala Gln Leu Lys Pro Pro Ala Thr Ser Asp Ala

1085 1090 1095

<210

> 367

<211> 1198

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__A0A024RDT9

<400> 367

Met Ala Glu His Pro Pro Leu Leu Asp Thr Thr Gln Ile Leu Ser Ser

1 5 10 15

Asp Ile Ser Leu Leu Ser Ala Pro Ile Val Ser Ala Asp Gly Thr Gln

20 25 30

Gln Val Ile Leu Val Gln Val Asn Pro Gly Glu Ala Phe Thr Ile Arg

35 40 45

Arg Glu Asp Gly Gln Phe Gln Cys Ile Thr Gly Pro Ala Gln Val Pro

50 55 60

Met Met Ser Pro Asn Gly Ser Val Pro Pro Ile Tyr Val Pro Pro Gly

65 70 75 80

Tyr Ala Pro Gln Val Ile Glu Asp Asn Gly Val Arg Arg Val Val Val

85 90 95

Val Pro Gln Ala Pro Glu Phe His Pro Gly Ser His Thr Val Leu His

100 105 110

Arg Ser Pro His Pro Pro Leu Pro Gly Phe Ile Pro Val Pro Thr Met

115 120 125

Met Pro Pro Pro Pro Arg His Met Tyr Ser Pro Val Thr Gly Ala Gly

130 135 140

Asp Met Thr Thr Gln Tyr Met Pro Gln Tyr Gln Ser Ser Gln Val Tyr

145 150 155 160

Gly Asp Val Asp Ala His Ser Thr His Gly Arg Ser Asn Phe Arg Asp

165 170 175

Glu Arg Ser Ser Lys Thr Tyr Glu Arg Leu Gln Lys Lys Leu Lys Asp
180 185 190
Arg Gln Gly Thr Gln Lys Asp Lys Met Ser Ser Pro Pro Ser Ser Pro
195 200 205
Gln Lys Cys Pro Ser Pro Ile Asn Glu His Asn Gly Leu Ile Lys Gly
210 215 220
Gln Ile Ala Gly Gly Ile Asn Thr Gly Ser Ala Lys Ile Lys Ser Gly
225 230 235 240

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

Leu Tyr Gly Tyr Glu Val Leu Ile Ser Ser Thr Gly Lys Asp Gly Lys
305 310 315 320
Tyr Lys Ser Val Tyr Val Gly Glu Glu Thr Asn Ile Thr Leu Asn Asp
325 330 335
Leu Lys Pro Ala Met Asp Tyr His Ala Lys Val Gln Ala Glu Tyr Asn
340 345 350
Ser Ile Lys Gly Thr Pro Ser Glu Ala Glu Ile Phe Thr Thr Leu Ser
355 360 365

Cys Glu Pro Asp Ile Pro Asn Pro Pro Arg Ile Ala Asn Arg Thr Lys
370 375 380
Asn Ser Leu Thr Leu Gln Trp Lys Ala Pro Ser Asp Asn Gly Ser Lys
385 390 395 400
Ile Gln Asn Phe Val Leu Glu Trp Asp Glu Gly Lys Gly Asn Gly Glu
405 410 415

Phe Cys Gln Cys Tyr Met Gly Ser Gln Lys Gln Phe Lys Ile Thr Lys
420 425 430

Leu Ser Pro Ala Met Gly Cys Lys Phe Arg Leu Ser Ala Arg Asn Asp
435 440 445
Tyr Gly Thr Ser Gly Phe Ser Glu Glu Val Leu Tyr Tyr Thr Ser Gly
450 455 460
Cys Ala Pro Ser Met Pro Ala Ser Pro Val Leu Thr Lys Ala Gly Ile
465 470 475 480
Thr Trp Leu Ser Leu Gln Trp Ser Lys Pro Ser Gly Thr Pro Ser Asp
485 490 495

Glu Gly Ile Ser Tyr Ile Leu Glu Met Glu Glu Glu Thr Ser Gly Tyr
500 505 510
Gly Phe Lys Pro Lys Tyr Asp Gly Glu Asp Leu Ala Tyr Thr Val Lys
515 520 525
Asn Leu Arg Arg Ser Thr Lys Tyr Lys Phe Lys Val Ile Ala Tyr Asn
530 535 540
Ser Glu Gly Lys Ser Asn Pro Ser Glu Val Val Glu Phe Thr Thr Cys
545 550 555 560

Pro Asp Lys Pro Gly Ile Pro Val Lys Pro Ser Val Lys Gly Lys Ile
565 570 575
His Ser His Ser Phe Lys Ile Thr Trp Asp Pro Pro Lys Asp Asn Gly
580 585 590
Gly Ala Thr Ile Asn Lys Tyr Val Val Glu Met Ala Glu Gly Ser Asn
595 600 605
Gly Asn Lys Trp Glu Met Ile Tyr Ser Gly Ala Thr Arg Glu His Leu
610 615 620

Cys Asp Arg Leu Asn Pro Gly Cys Phe Tyr Arg Leu Arg Val Tyr Cys
625 630 635 640
Ile Ser Asp Gly Gly Gln Ser Ala Val Ser Glu Ser Leu Leu Val Gln
645 650 655
Thr Pro Ala Val Pro Pro Gly Pro Cys Leu Pro Pro Arg Leu Gln Gly

660 665 670

Arg Pro Lys Ala Lys Glu Ile Gln Leu Arg Trp Gly Pro Pro Leu Val

675 680 685

Asp Gly Gly Ser Pro Ile Ser Cys Tyr Ser Val Glu Met Ser Pro Ile

690 695 700

Glu Lys Asp Glu Pro Arg Glu Val Tyr Gln Gly Ser Glu Val Glu Cys

705 710 715 720

Thr Val Ser Ser Leu Leu Pro Gly Lys Thr Tyr Ser Phe Arg Leu Arg

725 730 735

Ala Ala Asn Lys Met Gly Phe Gly Pro Phe Ser Glu Lys Cys Asp Ile

740 745 750

Thr Thr Ala Pro Gly Pro Pro Asp Gln Cys Lys Pro Pro Gln Val Thr

755 760 765

Cys Arg Ser Ala Thr Cys Ala Gln Val Asn Trp Glu Val Pro Leu Ser

770 775 780

Asn Gly Thr Asp Val Thr Glu Tyr Arg Leu Glu Trp Gly Gly Val Glu

785 790 795 800

Gly Ser Met Gln Ile Cys Tyr Cys Gly Pro Gly Leu Ser Tyr Glu Ile

805 810 815

Lys Gly Leu Ser Pro Ala Thr Thr Tyr Tyr Cys Arg Val Gln Ala Leu

820 825 830

Ser Val Val Gly Ala Gly Pro Phe Ser Glu Val Val Ala Cys Val Thr

835 840 845

Pro Pro Ser Val Pro Gly Ile Val Thr Cys Leu Gln Glu Ile Ser Asp

850 855 860

Asp Glu Ile Glu Asn Pro His Tyr Ser Pro Ser Thr Cys Leu Ala Ile

865 870 875 880

Ser Trp Glu Lys Pro Cys Asp His Gly Ser Glu Ile Leu Ala Tyr Ser

885 890 895

Ile Asp Phe Gly Asp Lys Gln Ser Leu Thr Val Gly Lys Val Thr Ser

900 905 910

Tyr Ile Ile Asn Asn Leu Gln Pro Asp Thr Thr Tyr Arg Ile Arg Ile
915 920 925
Gln Ala Leu Asn Ser Leu Gly Ala Gly Pro Phe Ser His Met Ile Lys
930 935 940

Leu Lys Thr Lys Pro Leu Pro Pro Asp Pro Pro Arg Leu Glu Cys Val
945 950 955 960
Ala Phe Ser His Gln Asn Leu Lys Leu Lys Trp Gly Glu Gly Thr Pro
965 970 975
Lys Thr Leu Ser Thr Asp Ser Ile Gln Tyr His Leu Gln Met Glu Asp
980 985 990
Lys Asn Gly Arg Phe Val Ser Leu Tyr Arg Gly Pro Cys His Thr Tyr
995 1000 1005

Lys Val Gln Arg Leu Asn Glu Ser Thr Ser Tyr Lys Phe Cys Ile
1010 1015 1020
Gln Ala Cys Asn Glu Ala Gly Glu Gly Pro Leu Ser Gln Glu Tyr
1025 1030 1035
Ile Phe Thr Thr Pro Lys Ser Val Pro Ala Ala Leu Lys Ala Pro
1040 1045 1050
Lys Ile Glu Lys Val Asn Asp His Ile Cys Glu Ile Thr Trp Glu
1055 1060 1065

Cys Leu Gln Pro Met Lys Gly Asp Pro Val Ile Tyr Ser Leu Gln
1070 1075 1080
Val Met Leu Gly Lys Asp Ser Glu Phe Lys Gln Ile Tyr Lys Gly
1085 1090 1095
Pro Asp Ser Ser Phe Arg Tyr Ser Ser Leu Gln Leu Asn Cys Glu
1100 1105 1110
Tyr Arg Phe Arg Val Cys Ala Ile Arg Gln Cys Gln Asp Ser Leu
1115 1120 1125

Gly His Gln Asp Leu Val Gly Pro Tyr Ser Thr Thr Val Leu Phe
1130 1135 1140
Ile Ser Gln Arg Thr Glu Pro Pro Ala Ser Thr Asn Arg Asp Thr

1145 1150 1155

Val Glu Ser Thr Arg Thr Arg Arg Ala Leu Ser Asp Glu Gln Cys

1160 1165 1170

Ala Ala Val Ile Leu Val Leu Phe Ala Phe Phe Ser Ile Leu Ile

1175 1180 1185

Ala Phe Ile Ile Gln Tyr Phe Val Ile Lys

1190 1195

<210> 368

<211> 1142

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__A0A024RDV5

<400> 368

Met Ser Gly Pro Ala Gln Val Pro Met Met Ser Pro Asn Gly Ser Val

1 5 10 15

Pro Pro Ile Tyr Val Pro Pro Gly Tyr Ala Pro Gln Val Ile Glu Asp

20 25 30

Asn Gly Val Arg Arg Val Val Val Val Pro Gln Ala Pro Glu Phe His

35 40 45

Pro Gly Ser His Thr Val Leu His Arg Ser Pro His Pro Pro Leu Pro

50 55 60

Gly Phe Ile Pro Val Pro Thr Met Met Pro Pro Pro Pro Arg His Met

65 70 75 80

Tyr Ser Pro Val Thr Gly Ala Gly Asp Met Thr Thr Gln Tyr Met Pro

85 90 95

Gln Tyr Gln Ser Ser Gln Val Tyr Gly Asp Val Asp Ala His Ser Thr

100 105 110

His Gly Arg Ser Asn Phe Arg Asp Glu Arg Ser Ser Lys Thr Tyr Glu

115 120 125

Arg Leu Gln Lys Lys Leu Lys Asp Arg Gln Gly Thr Gln Lys Asp Lys

130 135 140

Met Ser Ser Pro Pro Ser Ser Pro Gln Lys Cys Pro Ser Pro Ile Asn

145 150 155 160

Glu His Asn Gly Leu Ile Lys Gly Gln Ile Ala Gly Gly Ile Asn Thr

165 170 175

Gly Ser Ala Lys Ile Lys Ser Gly Lys Gly Lys Gly Gly Thr Gln Val

180 185 190

Asp Thr Glu Ile Glu Glu Lys Asp Glu Glu Thr Lys Ala Phe Glu Ala

195 200 205

Leu Leu Ser Asn Ile Val Lys Pro Val Ala Ser Asp Ile Gln Ala Arg

210 215 220

Thr Val Val Leu Thr Trp Ser Pro Pro Ser Ser Leu Ile Asn Gly Glu

225 230 235 240

Thr Asp Glu Ser Ser Val Pro Glu Leu Tyr Gly Tyr Glu Val Leu Ile

245 250 255

Ser Ser Thr Gly Lys Asp Gly Lys Tyr Lys Ser Val Tyr Val Gly Glu

260 265 270

Glu Thr Asn Ile Thr Leu Asn Asp Leu Lys Pro Ala Met Asp Tyr His

275 280 285

Ala Lys Val Gln Ala Glu Tyr Asn Ser Ile Lys Gly Thr Pro Ser Glu

290 295 300

Ala Glu Ile Phe Thr Thr Leu Ser Cys Glu Pro Asp Ile Pro Asn Pro

305 310 315 320

Pro Arg Ile Ala Asn Arg Thr Lys Asn Ser Leu Thr Leu Gln Trp Lys

325 330 335

Ala Pro Ser Asp Asn Gly Ser Lys Ile Gln Asn Phe Val Leu Glu Trp

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Gly Asn Gly Glu Phe Cys Gln Cys Tyr Met Gly Ser

355 360 365

Gln Lys Gln Phe Lys Ile Thr Lys Leu Ser Pro Ala Met Gly Cys Lys

370 375 380

Phe Arg Leu Ser Ala Arg Asn Asp Tyr Gly Thr Ser Gly Phe Ser Glu

385 390 395 400

Glu Val Leu Tyr Tyr Thr Ser Gly Cys Ala Pro Ser Met Pro Ala Ser
405 410 415
Pro Val Leu Thr Lys Ala Gly Ile Thr Trp Leu Ser Leu Gln Trp Ser

420 425 430
Lys Pro Ser Gly Thr Pro Ser Asp Glu Gly Ile Ser Tyr Ile Leu Glu
435 440 445
Met Glu Glu Glu Thr Ser Gly Tyr Gly Phe Lys Pro Lys Tyr Asp Gly
450 455 460
Glu Asp Leu Ala Tyr Thr Val Lys Asn Leu Arg Arg Ser Thr Lys Tyr
465 470 475 480
Lys Phe Lys Val Ile Ala Tyr Asn Ser Glu Gly Lys Ser Asn Pro Ser

485 490 495
Glu Val Val Glu Phe Thr Thr Cys Pro Asp Lys Pro Gly Ile Pro Val
500 505 510
Lys Pro Ser Val Lys Gly Lys Ile His Ser His Ser Phe Lys Ile Thr
515 520 525
Trp Asp Pro Pro Lys Asp Asn Gly Gly Ala Thr Ile Asn Lys Tyr Val
530 535 540
Val Glu Met Ala Glu Gly Ser Asn Gly Asn Lys Trp Glu Met Ile Tyr

545 550 555 560
Ser Gly Ala Thr Arg Glu His Leu Cys Asp Arg Leu Asn Pro Gly Cys
565 570 575
Phe Tyr Arg Leu Arg Val Tyr Cys Ile Ser Asp Gly Gly Gln Ser Ala
580 585 590
Val Ser Glu Ser Leu Leu Val Gln Thr Pro Ala Val Pro Pro Gly Pro
595 600 605
Cys Leu Pro Pro Arg Leu Gln Gly Arg Pro Lys Ala Lys Glu Ile Gln

610 615 620
Leu Arg Trp Gly Pro Pro Leu Val Asp Gly Gly Ser Pro Ile Ser Cys
625 630 635 640
Tyr Ser Val Glu Met Ser Pro Ile Glu Lys Asp Glu Pro Arg Glu Val

645 650 655

Tyr Gln Gly Ser Glu Val Glu Cys Thr Val Ser Ser Leu Leu Pro Gly

660 665 670

Lys Thr Tyr Ser Phe Arg Leu Arg Ala Ala Asn Lys Met Gly Phe Gly

675 680 685

Pro Phe Ser Glu Lys Cys Asp Ile Thr Thr Ala Pro Gly Pro Pro Asp

690 695 700

Gln Cys Lys Pro Pro Gln Val Thr Cys Arg Ser Ala Thr Cys Ala Gln

705 710 715 720

Val Asn Trp Glu Val Pro Leu Ser Asn Gly Thr Asp Val Thr Glu Tyr

725 730 735

Arg Leu Glu Trp Gly Gly Val Glu Gly Ser Met Gln Ile Cys Tyr Cys

740 745 750

Gly Pro Gly Leu Ser Tyr Glu Ile Lys Gly Leu Ser Pro Ala Thr Thr

755 760 765

Tyr Tyr Cys Arg Val Gln Ala Leu Ser Val Val Gly Ala Gly Pro Phe

770 775 780

Ser Glu Val Val Ala Cys Val Thr Pro Pro Ser Val Pro Gly Ile Val

785 790 795 800

Thr Cys Leu Gln Glu Ile Ser Asp Asp Glu Ile Glu Asn Pro His Tyr

805 810 815

Ser Pro Ser Thr Cys Leu Ala Ile Ser Trp Glu Lys Pro Cys Asp His

820 825 830

Gly Ser Glu Ile Leu Ala Tyr Ser Ile Asp Phe Gly Asp Lys Gln Ser

835 840 845

Leu Thr Val Gly Lys Val Thr Ser Tyr Ile Ile Asn Asn Leu Gln Pro

850 855 860

Asp Thr Thr Tyr Arg Ile Arg Ile Gln Ala Leu Asn Ser Leu Gly Ala

865 870 875 880

Gly Pro Phe Ser His Met Ile Lys Leu Lys Thr Lys Pro Leu Pro Pro

885 890 895

Asp Pro Pro Arg Leu Glu Cys Val Ala Phe Ser His Gln Asn Leu Lys

900 905 910

Leu Lys Trp Gly Glu Gly Thr Pro Lys Thr Leu Ser Thr Asp Ser Ile

915 920 925

Gln Tyr His Leu Gln Met Glu Asp Lys Asn Gly Arg Phe Val Ser Leu

930 935 940

Tyr Arg Gly Pro Cys His Thr Tyr Lys Val Gln Arg Leu Asn Glu Ser

945 950 955 960

Thr Ser Tyr Lys Phe Cys Ile Gln Ala Cys Asn Glu Ala Gly Glu Gly

965 970 975

Pro Leu Ser Gln Glu Tyr Ile Phe Thr Thr Pro Lys Ser Val Pro Ala

980 985 990

Ala Leu Lys Ala Pro Lys Ile Glu Lys Val Asn Asp His Ile Cys Glu

995 1000 1005

Ile Thr Trp Glu Cys Leu Gln Pro Met Lys Gly Asp Pro Val Ile

1010 1015 1020

Tyr Ser Leu Gln Val Met Leu Gly Lys Asp Ser Glu Phe Lys Gln

1025 1030 1035

Ile Tyr Lys Gly Pro Asp Ser Ser Phe Arg Tyr Ser Ser Leu Gln

1040 1045 1050

Leu Asn Cys Glu Tyr Arg Phe Arg Val Cys Ala Ile Arg Gln Cys

1055 1060 1065

Gln Asp Ser Leu Gly His Gln Asp Leu Val Gly Pro Tyr Ser Thr

1070 1075 1080

Thr Val Leu Phe Ile Ser Gln Arg Thr Glu Pro Pro Ala Ser Thr

1085 1090 1095

Asn Arg Asp Thr Val Glu Ser Thr Arg Thr Arg Arg Ala Leu Ser

1100 1105 1110

Asp Glu Gln Cys Ala Ala Val Ile Leu Val Leu Phe Ala Phe Phe

1115 1120 1125

Ser Ile Leu Ile Ala Phe Ile Ile Gln Tyr Phe Val Ile Lys

1130 1135 1140

<210> 369

<211> 339

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__A6NH44

<400> 369

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

Gly Pro Gln Glu Gln Trp Phe Arg Phe Ser Ile Glu Glu Glu Asp Pro
35 40 45
Lys Met His Thr Tyr Gly Ile Ile Tyr Thr Gly Tyr Ala Thr Lys His
50 55 60
Val Val Glu Gly Leu Glu Pro Arg Thr Leu Tyr Arg Phe Arg Leu Lys
65 70 75 80
Val Thr Ser Pro Ser Gly Glu Cys Glu Tyr Ser Pro Leu Val Ser Val
85 90 95

Ser Thr Thr Arg Glu Pro Ile Ser Ser Glu His Leu His Arg Ala Val
100 105 110
Ser Val Asn Asp Glu Asp Leu Leu Val Arg Ile Leu Gln Gly Gly Arg
115 120 125
Val Lys Val Asp Val Pro Asn Lys Phe Gly Phe Thr Ala Leu Met Val
130 135 140
Ala Ala Gln Lys Gly Tyr Thr Arg Leu Val Lys Ile Leu Val Ser Asn
145 150 155 160

Gly Thr Asp Val Asn Leu Lys Asn Gly Ser Gly Lys Asp Ser Leu Met
165 170 175
Leu Ala Cys Tyr Ala Gly His Leu Asp Val Val Lys Tyr Leu Arg Arg
180 185 190
His Gly Ala Ser Trp Gln Ala Arg Asp Leu Gly Gly Cys Thr Ala Leu

195 200 205

His Trp Ala Ala Asp Gly Gly His Cys Ser Val Ile Glu Trp Met Ile

210 215 220

Lys Asp Gly Cys Glu Val Asp Val Val Asp Thr Gly Ser Gly Trp Thr

225 230 235 240

Pro Leu Met Arg Val Ser Ala Val Ser Gly Asn Gln Arg Val Ala Ser

245 250 255

Leu Leu Ile Asp Ala Gly Ala Asn Val Asn Val Lys Asp Arg Asn Gly

260 265 270

Lys Thr Pro Leu Met Val Ala Val Leu Asn Asn His Glu Glu Leu Val

275 280 285

Gln Leu Leu Leu Asp Lys Gly Ala Asp Ala Ser Val Lys Asn Glu Phe

290 295 300

Gly Lys Gly Val Leu Glu Met Ala Arg Val Phe Asp Arg Gln Ser Val

305 310 315 320

Val Ser Leu Leu Glu Glu Arg Lys Lys Lys Gln Arg Pro Lys Lys Ser

325 330 335

Cys Val Cys

<210> 370

<211> 1049

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__A8K6A5

<400> 370

Met Gly Ser Arg Thr Pro Glu Ser Pro Leu His Ala Val Gln Leu Arg

1 5 10 15

Trp Gly Pro Arg Arg Arg Pro Pro Leu Leu Pro Leu Leu Leu Leu Leu

20 25 30

Leu Pro Pro Pro Pro Arg Val Gly Gly Phe Asn Leu Asp Ala Glu Ala

35 40 45

Pro Ala Val Leu Ser Gly Pro Pro Gly Ser Phe Phe Gly Phe Ser Val

50 55 60

Glu Phe Tyr Arg Pro Gly Thr Asp Gly Val Ser Val Leu Val Gly Ala
65 70 75 80
Pro Lys Ala Asn Thr Ser Gln Pro Gly Val Leu Gln Gly Gly Ala Val
85 90 95
Tyr Leu Cys Pro Trp Gly Ala Ser Pro Thr Gln Cys Thr Pro Ile Glu
100 105 110
Phe Asp Ser Lys Gly Ser Arg Leu Leu Glu Ser Ser Leu Ser Ser Ser
115 120 125

Glu Gly Glu Glu Pro Val Glu Tyr Lys Ser Leu Gln Trp Phe Gly Ala
130 135 140
Thr Val Arg Ala His Gly Ser Ser Ile Leu Ala Cys Ala Pro Leu Tyr
145 150 155 160
Ser Trp Arg Thr Glu Lys Glu Pro Leu Ser Asp Pro Val Gly Thr Cys
165 170 175
Tyr Leu Ser Thr Asp Asn Phe Thr Arg Ile Leu Glu Tyr Ala Pro Cys
180 185 190

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

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

Ile Leu Asn Gly Ser Asp Ile Arg Ser Leu Tyr Asn Phe Ser Gly Glu
305 310 315 320

Gln Met Ala Ser Tyr Phe Ala Tyr Ala Val Ala Ala Thr Asp Val Asn
325 330 335
Gly Asp Gly Leu Asp Asp Leu Leu Val Gly Ala Pro Leu Leu Met Asp
340 345 350
Arg Thr Pro Asp Gly Arg Pro Gln Glu Val Gly Arg Val Tyr Val Tyr
355 360 365
Leu Gln His Pro Ala Gly Ile Glu Ser Thr Pro Thr Leu Thr Leu Thr
370 375 380

Gly His Asp Glu Phe Gly Arg Phe Gly Ser Ser Leu Thr Pro Leu Gly
385 390 395 400
Asp Leu Asp Gln Asp Gly Tyr Asn Asp Val Ala Ile Gly Ala Pro Phe
405 410 415
Gly Gly Glu Thr Gln Gln Gly Val Val Phe Val Phe Pro Gly Gly Pro
420 425 430
Gly Gly Leu Gly Ser Lys Pro Ser Gln Val Leu Gln Pro Leu Trp Ala
435 440 445

Ala Ser His Thr Pro Asp Phe Phe Gly Ser Ala Leu Arg Gly Gly Arg
450 455 460
Asp Leu Asp Gly Asn Gly Tyr Pro Asp Leu Ile Val Gly Ser Phe Gly
465 470 475 480
Val Asp Lys Ala Val Val Tyr Arg Gly Arg Pro Ile Val Ser Ala Ser
485 490 495
Ala Ser Leu Thr Ile Phe Pro Ala Met Phe Asn Pro Glu Glu Arg Ser
500 505 510

Cys Ser Leu Glu Gly Asn Pro Val Ala Cys Ile Asn Leu Ser Phe Cys
515 520 525
Leu Asn Ala Ser Gly Lys His Val Ala Asp Ser Ile Gly Phe Thr Val
530 535 540
Glu Leu Gln Leu Asp Trp Gln Lys Gln Lys Gly Gly Val Arg Arg Ala

545 550 555 560

Leu Phe Leu Ala Ser Arg Gln Ala Thr Leu Thr Gln Thr Leu Leu Ile

565 570 575

Gln Asn Gly Ala Arg Glu Asp Cys Arg Glu Met Lys Ile Tyr Leu Arg

580 585 590

Asn Glu Ser Glu Phe Arg Asp Lys Leu Ser Pro Ile His Ile Ala Leu

595 600 605

Asn Phe Ser Leu Asp Pro Gln Ala Pro Val Asp Ser His Gly Leu Arg

610 615 620

Pro Ala Leu His Tyr Gln Ser Lys Ser Arg Ile Glu Asp Lys Ala Gln

625 630 635 640

Ile Leu Leu Gly Cys Gly Glu Asp Asn Ile Cys Val Pro Asp Leu Gln

645 650 655

Leu Glu Val Phe Gly Glu Gln Asn His Val Tyr Leu Gly Asp Lys Asn

660 665 670

Ala Leu Asn Leu Thr Phe His Ala Gln Asn Val Gly Glu Gly Gly Ala

675 680 685

Tyr Glu Ala Glu Leu Arg Val Thr Ala Pro Pro Glu Ala Glu Tyr Ser

690 695 700

Gly Leu Val Arg His Pro Gly Asn Phe Ser Ser Leu Ser Cys Asp Tyr

705 710 715 720

Phe Ala Val Asn Gln Ser Arg Leu Leu Val Cys Asp Leu Gly Asn Pro

725 730 735

Met Lys Ala Gly Ala Ser Leu Trp Gly Gly Leu Arg Phe Thr Val Pro

740 745 750

His Leu Arg Asp Thr Lys Lys Thr Ile Gln Phe Asp Phe Gln Ile Leu

755 760 765

Ser Lys Asn Leu Asn Asn Ser Gln Ser Asp Val Val Ser Phe Arg Leu

770 775 780

Ser Val Glu Ala Gln Ala Gln Val Thr Leu Asn Gly Val Ser Lys Pro

785 790 795 800

Glu Ala Val Leu Phe Pro Val Ser Asp Trp His Pro Arg Asp Gln Pro
805 810 815
Gln Glu Glu Glu Asp Leu Gly Pro Ala Val His His Val Tyr Glu Leu
820 825 830

Ile Asn Gln Gly Pro Ser Ser Ile Ser Gln Gly Val Leu Glu Leu Ser
835 840 845
Cys Pro Gln Ala Leu Glu Gly Gln Gln Leu Leu Tyr Val Thr Arg Val
850 855 860
Thr Gly Leu Asn Cys Thr Thr Asn His Pro Ile Asn Pro Lys Gly Leu
865 870 875 880
Glu Leu Asp Pro Glu Gly Ser Leu His His Gln Gln Lys Arg Glu Ala
885 890 895

Pro Ser Arg Ser Ser Ala Ser Ser Gly Pro Gln Ile Leu Lys Cys Pro
900 905 910
Glu Ala Glu Cys Phe Arg Leu Arg Cys Glu Leu Gly Pro Leu His Gln
915 920 925
Gln Glu Ser Gln Ser Leu Gln Leu His Phe Arg Val Trp Ala Lys Thr
930 935 940
Phe Leu Gln Arg Glu His Gln Pro Phe Ser Leu Gln Cys Glu Ala Val
945 950 955 960

Tyr Lys Ala Leu Lys Met Pro Tyr Arg Ile Leu Pro Arg Gln Leu Pro
965 970 975
Gln Lys Glu Arg Gln Val Ala Thr Ala Val Gln Trp Thr Lys Ala Glu
980 985 990
Gly Ser Tyr Gly Val Pro Leu Trp Ile Ile Ile Leu Ala Ile Leu Phe
995 1000 1005
Gly Leu Leu Leu Leu Gly Leu Leu Ile Tyr Ile Leu Tyr Lys Leu
1010 1015 1020

Gly Phe Phe Lys Arg Ser Leu Pro Tyr Gly Thr Ala Met Glu Lys
1025 1030 1035
Ala Gln Leu Lys Pro Pro Ala Thr Ser Asp Ala

1040 1045

<210> 371

<211> 1049

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B2R627

<400> 371

Met Gly Ser Arg Thr Pro Glu Ser Pro Leu His Ala Val Gln Leu Arg
1 5 10 15

Trp Gly Pro Arg Arg Arg Pro Pro Leu Leu Pro Leu Leu Leu Leu Leu

20 25 30

Leu Pro Pro Pro Pro Arg Val Gly Gly Phe Asn Leu Asp Ala Glu Ala
35 40 45

Pro Ala Val Leu Ser Gly Pro Pro Gly Ser Phe Phe Gly Phe Ser Val
50 55 60

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

Pro Lys Ala Asn Thr Ser Gln Pro Gly Val Leu Gln Gly Gly Ala Val

85 90 95

Tyr Leu Cys Pro Trp Gly Ala Ser Pro Thr Gln Cys Thr Pro Ile Glu
100 105 110

Phe Asp Ser Lys Gly Ser Arg Leu Leu Glu Ser Ser Leu Ser Ser Ser
115 120 125

Glu Gly Glu Glu Pro Val Glu Tyr Lys Ser Leu Gln Trp Phe Gly Ala
130 135 140

Thr Val Arg Ala His Gly Ser Ser Ile Leu Ala Cys Ala Pro Leu Tyr

145 150 155 160

Ser Trp Arg Thr Glu Lys Glu Pro Leu Ser Asp Pro Val Gly Thr Cys

165 170 175

Tyr Leu Ser Thr Asp Asn Phe Thr Arg Ile Leu Glu Tyr Ala Pro Cys
180 185 190

Arg Ser Asp Phe Ser Trp Ala Ala Gly Gln Gly Tyr Cys Gln Gly Gly

195 200 205

Phe Ser Ala Glu Phe Thr Lys Thr Gly Arg Val Val Leu Gly Gly Pro

210 215 220

Gly Ser Tyr Phe Trp Gln Gly Gln Ile Leu Ser Ala Thr Gln Glu Gln

225 230 235 240

Ile Ala Glu Ser Tyr Tyr Pro Glu Tyr Leu Ile Asn Leu Val Gln Gly

245 250 255

Gln Leu Gln Thr Arg Gln Ala Ser Ser Ile Tyr Asp Asp Ser Tyr Leu

260 265 270

Gly Tyr Ser Val Ala Val Gly Glu Phe Ser Gly Asp Asp Thr Glu Asp

275 280 285

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

290 295 300

Ile Leu Asn Gly Ser Asp Ile Arg Ser Leu Tyr Asn Phe Ser Gly Glu

305 310 315 320

Gln Met Ala Ser Tyr Phe Gly Tyr Ala Val Ala Ala Thr Asp Val Asn

325 330 335

Gly Asp Gly Leu Asp Asp Leu Leu Val Gly Ala Pro Leu Leu Met Asp

340 345 350

Arg Thr Pro Asp Gly Arg Pro Gln Gly Val Gly Arg Val Tyr Val Tyr

355 360 365

Leu Gln His Pro Ala Gly Ile Glu Pro Thr Pro Thr Leu Thr Leu Thr

370 375 380

Gly His Asp Glu Phe Gly Arg Phe Gly Ser Ser Leu Thr Pro Leu Gly

385 390 395 400

Asp Leu Asp Gln Asp Gly Tyr Asn Asp Val Ala Ile Gly Ala Pro Phe

405 410 415

Gly Gly Glu Thr Gln Gln Gly Val Val Phe Val Phe Pro Gly Gly Pro

420 425 430

Gly Gly Leu Gly Ser Lys Leu Ser Gln Val Leu Gln Pro Leu Trp Ala

435 440 445

Ala Ser His Thr Pro Asp Phe Phe Gly Ser Ala Leu Arg Gly Gly Arg

450 455 460

Asp Leu Asp Gly Asn Gly Tyr Pro Asp Leu Ile Val Gly Ser Phe Gly

465 470 475 480

Val Asp Lys Ala Val Val Tyr Arg Gly Arg Pro Ile Val Ser Ala Ser

485 490 495

Ala Ser Leu Thr Ile Phe Pro Ala Met Phe Asn Pro Glu Glu Arg Ser

500 505 510

Cys Ser Leu Glu Gly Asn Pro Val Ala Cys Ile Asn Leu Ser Phe Cys

515 520 525

Leu Asn Ala Ser Gly Lys His Val Ala Asp Ser Ile Gly Phe Thr Val

530 535 540

Glu Leu Gln Leu Asp Trp Gln Lys Gln Lys Gly Gly Val Arg Arg Ala

545 550 555 560

Leu Phe Leu Ala Ser Arg Gln Ala Thr Leu Thr Gln Thr Leu Leu Ile

565 570 575

Gln Asn Gly Ala Arg Glu Asp Cys Arg Glu Met Lys Ile Tyr Leu Arg

580 585 590

Asn Glu Ser Glu Phe Arg Asp Lys Leu Ser Pro Ile His Ile Ala Leu

595 600 605

Asn Phe Ser Leu Asp Pro Gln Ala Pro Val Asp Ser His Gly Leu Arg

610 615 620

Pro Ala Leu His Tyr Gln Ser Lys Ser Arg Ile Glu Asp Lys Ala Gln

625 630 635 640

Ile Leu Leu Asp Cys Gly Glu Asp Asn Ile Cys Val Pro Asp Leu Gln

645 650 655

Leu Glu Val Phe Gly Glu Gln Asn His Val Tyr Leu Gly Asp Lys Asn

660 665 670

Ala Leu Asn Leu Thr Phe His Ala Gln Asn Val Gly Glu Gly Gly Ala

675 680 685

Tyr Glu Ala Glu Leu Arg Val Thr Ala Pro Pro Glu Ala Glu Tyr Ser

690 695 700

Gly Leu Val Arg His Pro Gly Asn Phe Ser Ser Leu Ser Cys Asp Tyr

705 710 715 720

Phe Ala Val Asn Gln Ser Arg Leu Leu Val Cys Asp Leu Gly Asn Pro

725 730 735

Met Lys Ala Gly Ala Ser Leu Trp Gly Gly Leu Arg Phe Thr Val Pro

740 745 750

His Leu Arg Asp Thr Lys Lys Thr Ile Gln Phe Asp Phe Gln Ile Leu

755 760 765

Ser Lys Asn Leu Asn Asn Ser Gln Ser Asp Val Val Ser Phe Arg Leu

770 775 780

Ser Val Glu Ala Gln Ala Gln Val Thr Leu Asn Gly Val Ser Lys Pro

785 790 795 800

Glu Ala Val Leu Phe Pro Val Ser Asp Trp His Pro Arg Asp Gln Pro

805 810 815

Gln Lys Glu Glu Asp Leu Gly Pro Ala Val His His Val Tyr Glu Leu

820 825 830

Ile Asn Gln Gly Pro Ser Ser Ile Ser Gln Gly Val Leu Glu Leu Ser

835 840 845

Cys Pro Gln Ala Leu Glu Gly Gln Gln Leu Leu Tyr Val Thr Arg Val

850 855 860

Thr Gly Leu Asn Cys Thr Thr Asn His Pro Ile Asn Pro Lys Gly Leu

865 870 875 880

Glu Leu Asp Pro Glu Gly Ser Leu His His Gln Gln Lys Arg Glu Ala

885 890 895

Pro Ser Arg Ser Ser Ala Ser Ser Gly Pro Gln Ile Leu Lys Cys Pro

900 905 910

Glu Ala Glu Cys Phe Arg Leu Arg Cys Glu Leu Gly Pro Leu His Gln

915 920 925

Gln Glu Ser Gln Ser Leu Gln Leu His Phe Arg Val Trp Ala Lys Thr

930 935 940

Phe Leu Gln Arg Glu His Gln Pro Phe Ser Leu Gln Cys Glu Ala Val
945 950 955 960
Tyr Lys Ala Leu Lys Met Pro Tyr Arg Ile Leu Pro Arg Gln Leu Pro
965 970 975
Gln Lys Glu Arg Gln Val Ala Thr Ala Val Gln Trp Thr Lys Ala Glu

980 985 990
Gly Ser Tyr Gly Val Pro Leu Trp Ile Ile Ile Leu Ala Ile Leu Phe
995 1000 1005
Gly Leu Leu Leu Leu Gly Leu Leu Ile Tyr Ile Leu Tyr Lys Leu
1010 1015 1020
Gly Phe Phe Lys Arg Ser Leu Pro Tyr Gly Thr Ala Met Glu Lys
1025 1030 1035
Ala Gln Leu Lys Pro Pro Ala Thr Ser Asp Ala

1040 1045
<210> 372
<211> 466
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B3KXM5
<400> 372
Met Leu Ser Leu Arg Gln Arg Met Met His Ala Arg Phe Arg Asn Pro
1 5 10 15
Leu Ser Arg Gln Pro Ala Arg Pro Ser Tyr Arg Gln Gly Tyr Asn Gly
20 25 30
Arg Pro Asn Val Glu Gly Lys Val Leu Pro Gly Ser Asn Gly Lys Pro
35 40 45

Asn Gly Gln Arg Ile Ile Asn Gly Pro Gln Gly Thr Lys Trp Val Val
50 55 60
Asp Leu Asp Arg Gly Leu Val Leu Asn Ala Glu Gly Arg Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Asp Ser His Gly Asn Pro Leu Arg Ile Lys Leu Gly Gly Asp Gly Arg
85 90 95

Thr Ile Val Asp Leu Glu Gly Thr Pro Val Val Ser Pro Asp Gly Leu
100 105 110

Pro Leu Phe Gly Gln Gly Arg His Gly Thr Pro Leu Ala Asn Ala Gln
115 120 125
Asp Lys Pro Ile Leu Ser Leu Gly Gly Lys Pro Leu Val Gly Leu Glu
130 135 140
Val Ile Lys Lys Thr Thr His Pro Pro Thr Thr Thr Met Gln Pro Thr
145 150 155 160
Thr Thr Thr Thr Pro Leu Pro Thr Thr Thr Thr Pro Arg Pro Thr Thr
165 170 175

Ala Thr Thr Arg Arg Thr Thr Thr Arg Arg Pro Thr Thr Thr Val Arg
180 185 190
Thr Thr Thr Arg Thr Thr Thr Thr Thr Thr Pro Lys Pro Thr Thr Pro
195 200 205
Ile Pro Thr Cys Pro Pro Gly Thr Leu Glu Arg His Asp Asp Asp Gly
210 215 220
Asn Leu Ile Met Ser Ser Asn Gly Ile Pro Glu Cys Tyr Ala Glu Glu
225 230 235 240

Asp Glu Phe Ser Gly Leu Glu Thr Asp Thr Ala Val Pro Thr Glu Glu
245 250 255
Ala Tyr Val Ile Tyr Asp Glu Asp Tyr Glu Phe Glu Thr Ser Arg Pro
260 265 270
Pro Thr Thr Thr Glu Pro Ser Thr Thr Ala Thr Thr Pro Arg Val Ile
275 280 285
Pro Glu Glu Gly Ala Ile Ser Ser Phe Pro Glu Glu Glu Phe Asp Leu
290 295 300

Ala Gly Arg Lys Arg Phe Val Ala Pro Tyr Val Thr Tyr Leu Asn Lys
305 310 315 320
Asp Pro Ser Ala Pro Cys Ser Leu Thr Asp Ala Leu Asp His Phe Gln
325 330 335
Val Asp Ser Leu Asp Glu Ile Ile Pro Asn Asp Leu Lys Lys Ser Asp

340 345 350

Leu Pro Pro Gln His Ala Pro Arg Asn Ile Thr Val Val Ala Val Glu

355 360 365

Gly Cys His Ser Phe Val Ile Val Asp Trp Asp Lys Ala Thr Pro Gly

370 375 380

Asp Val Val Thr Gly Tyr Leu Val Tyr Ser Ala Ser Tyr Glu Asp Phe

385 390 395 400

Ile Arg Asn Lys Trp Ser Thr Gln Ala Ser Ser Val Thr His Leu Pro

405 410 415

Ile Glu Asn Leu Lys Pro Asn Thr Arg Tyr Tyr Phe Lys Val Gln Ala

420 425 430

Gln Asn Pro His Gly Tyr Gly Pro Ile Ser Pro Ser Val Ser Phe Val

435 440 445

Thr Glu Ser Asp Asn Pro Leu Leu Val Val Arg Pro Pro Gly Gly Glu

450 455 460

Pro Ile

465

<210> 373

<211> 156

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B4DIC5

<400> 373

Met Glu Glu Gln Arg Asn Glu Glu Ile Gln Ser Phe Ile Tyr Ser Leu

1 5 10 15

Lys Gln Met Leu Leu Asn Val Glu Ala Asn Ser Ala Lys Val Gln Glu

20 25 30

Asp Leu Glu Ala Glu Phe Gln Ser Leu Phe Ser Leu Leu Glu Glu Leu

35 40 45

Lys Glu Gly Met Leu Met Lys Ile Lys Gln Asp Arg Ala Ser Arg Thr

50 55 60

Tyr Glu Leu Gln Asn Gln Leu Ala Ala Cys Thr Arg Ala Leu Glu Ser

65 70 75 80

Ser Glu Glu Leu Leu Glu Thr Ala Asn Gln Thr Leu Gln Ala Met Asp
85 90 95
Ser Glu Asp Phe Pro Gln Ala Ala Lys Gln Ile Lys Asp Gly Val Thr
100 105 110
Met Ala Pro Ala Phe Arg Leu Ser Leu Lys Ala Lys Val Ser Asp Asn
115 120 125
Met Ser His Leu Met Val Asp Phe Ala Gln Glu Arg Gln Met Leu Gln
130 135 140

Ala Leu Lys Phe Leu Pro Gly Glu Arg Gly Thr His
145 150 155

<210> 374
<211> 306
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B4DN21
<400> 374
Met Ile Phe Glu Glu His Gly Phe Arg Arg Thr Thr Pro Pro Thr Thr
1 5 10 15
Ala Thr Pro Ile Arg His Arg Pro Arg Pro Tyr Pro Pro Asn Val Gly
20 25 30
Gln Glu Ala Leu Ser Gln Thr Thr Ile Ser Trp Ala Pro Phe Gln Asp

35 40 45
Thr Ser Glu Tyr Ile Ile Ser Cys His Pro Val Gly Thr Asp Glu Glu
50 55 60
Pro Leu Gln Phe Arg Val Pro Gly Thr Ser Thr Ser Ala Thr Leu Thr
65 70 75 80
Gly Leu Thr Arg Gly Ala Thr Tyr Asn Ile Ile Val Glu Ala Leu Lys
85 90 95
Asp Gln Gln Arg His Lys Val Arg Glu Glu Val Val Thr Val Gly Asn

100 105 110

Ser Val Asn Glu Gly Leu Asn Gln Pro Thr Asp Asp Ser Cys Phe Asp
115 120 125
Pro Tyr Thr Val Ser His Tyr Ala Val Gly Asp Glu Trp Glu Arg Met
130 135 140
Ser Glu Ser Gly Phe Lys Leu Leu Cys Gln Cys Leu Gly Phe Gly Ser
145 150 155 160
Gly His Phe Arg Cys Asp Ser Ser Arg Trp Cys His Asp Asn Gly Val

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

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

290 295 300
Arg Glu
305

<210> 375
<211> 639
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B4DS98
<400> 375

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

35 40 45
Ile Asp Arg Arg Thr Val Glu Leu Arg Leu Ala Asp Asn Phe Val Thr
50 55 60
Asn Ile Lys Arg Lys Asp Phe Ala Asn Met Thr Ser Leu Val Asp Leu
65 70 75 80
Thr Leu Ser Arg Asn Thr Ile Ser Phe Ile Thr Pro His Ala Phe Ala
85 90 95
Asp Leu Arg Asn Leu Arg Ser Leu His Leu Asn Ser Asn Arg Leu Thr

100 105 110
Lys Ile Thr Asn Asp Met Phe Ser Gly Leu Ser Asn Leu His His Leu
115 120 125
Ile Leu Asn Asn Asn Gln Leu Thr Leu Ile Ser Ser Thr Ala Phe Asp
130 135 140
Asp Val Phe Ala Leu Glu Glu Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Asn Leu Glu
145 150 155 160
Thr Ile Pro Trp Asp Ala Val Glu Lys Met Val Ser Leu His Thr Leu

165 170 175
Ser Leu Asp His Asn Met Ile Asp Asn Ile Pro Lys Gly Thr Phe Ser
180 185 190
His Leu His Lys Met Thr Arg Leu Asp Val Thr Ser Asn Lys Leu Gln
195 200 205
Lys Leu Pro Pro Asp Pro Leu Phe Gln Arg Ala Gln Val Leu Ala Thr
210 215 220
Ser Gly Ile Ile Ser Pro Ser Thr Phe Ala Leu Ser Phe Gly Gly Asn

225 230 235 240
Pro Leu His Cys Asn Cys Glu Leu Leu Trp Leu Arg Arg Leu Ser Arg

245 250 255

Glu Tyr Asp Leu Glu Thr Cys Ala Ser Pro Pro Leu Leu Thr Gly Arg

260 265 270

Tyr Phe Trp Ser Ile Pro Glu Glu Glu Phe Leu Cys Glu Pro Pro Leu

275 280 285

Ile Thr Arg His Thr His Glu Met Arg Val Leu Glu Gly Gln Arg Ala

290 295 300

Thr Leu Arg Cys Lys Ala Arg Gly Asp Pro Glu Pro Ala Ile His Trp

305 310 315 320

Ile Ser Pro Glu Gly Lys Leu Ile Ser Asn Ala Thr Arg Ser Leu Val

325 330 335

Tyr Asp Asn Gly Thr Leu Asp Ile Leu Ile Thr Thr Val Lys Asp Thr

340 345 350

Gly Ala Phe Thr Cys Ile Ala Ser Asn Pro Ala Gly Glu Ala Thr Gln

355 360 365

Ile Val Asp Leu His Ile Ile Lys Leu Pro His Leu Leu Asn Ser Thr

370 375 380

Asn His Ile His Glu Pro Asp Pro Gly Ser Ser Asp Ile Ser Thr Ser

385 390 395 400

Thr Lys Ser Gly Ser Asn Thr Ser Ser Ser Asn Asp Gly Ile Thr Ser

405 410 415

Leu Thr Ala Thr Arg Val Val Gly Cys Ile Gln Phe Thr Thr Glu Gln

420 425 430

Asp Tyr Val Arg Cys His Phe Met Gln Ser Gln Phe Leu Gly Gly Thr

435 440 445

Met Ile Ile Ile Ile Gly Gly Ile Ile Val Ala Ser Val Leu Val Phe

450 455 460

Ile Ile Ile Leu Met Ile Arg Tyr Lys Val Cys Asn Asn Asn Gly Gln

465 470 475 480

His Lys Val Thr Lys Val Ser Asn Val Tyr Ser Gln Thr Asn Gly Ala

485 490 495

Gln Ile Gln Gly Cys Ser Val Thr Leu Pro Gln Ser Val Ser Lys Gln
500 505 510
Ala Val Gly His Glu Glu Asn Ala Gln Cys Cys Lys Ala Thr Ser Asp
515 520 525
Asn Val Ile Gln Ser Ser Glu Thr Cys Ser Ser Gln Asp Ser Ala Thr
530 535 540
Thr Thr Ser Ala Leu Pro Pro Ser Trp Thr Ser Ser Thr Ser Val Ser

545 550 555 560
Gln Lys Gln Lys Arg Lys Thr Gly Thr Lys Pro Ser Thr Glu Pro Gln
565 570 575
Asn Glu Ala Val Thr Asn Val Glu Ser Gln Asn Thr Asn Arg Asn Asn
580 585 590
Ser Thr Ala Leu Gln Leu Ala Ser Arg Pro Pro Asp Ser Val Thr Glu
595 600 605
Gly Pro Thr Ser Lys Arg Ala His Ile Lys Pro Asn Ala Leu Leu Thr

610 615 620
Asn Val Asp Gln Ile Val Gln Glu Thr Gln Arg Leu Glu Leu Ile
625 630 635
<210> 376
<211> 337
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B4DTH2
<400> 376
Met Ile Phe Glu Glu His Gly Phe Arg Arg Thr Thr Pro Pro Thr Thr
1 5 10 15
Ala Thr Pro Ile Arg His Arg Pro Arg Pro Tyr Pro Pro Asn Val Gly
20 25 30

Glu Glu Ile Gln Ile Gly His Ile Pro Arg Glu Asp Val Asp Tyr His
35 40 45
Leu Tyr Pro His Gly Pro Gly Leu Asn Pro Asn Ala Ser Thr Gly Gln
50 55 60

Glu Ala Leu Ser Gln Thr Thr Ile Ser Trp Ala Pro Phe Gln Asp Thr
65 70 75 80
Ser Glu Tyr Ile Ile Ser Cys His Pro Val Gly Thr Asp Glu Glu Pro
85 90 95

Leu Gln Phe Arg Val Pro Gly Thr Ser Thr Ser Ala Thr Leu Thr Gly
100 105 110
Leu Thr Arg Gly Ala Thr Tyr Asn Ile Ile Val Glu Ala Leu Lys Asp
115 120 125
Gln Gln Arg His Lys Val Arg Glu Glu Val Val Thr Val Gly Asn Ser
130 135 140
Val Asn Glu Gly Leu Asn Gln Pro Thr Asp Asp Ser Cys Phe Asp Pro
145 150 155 160

Tyr Thr Val Ser His Tyr Ala Val Gly Asp Glu Trp Glu Arg Met Ser
165 170 175
Glu Ser Gly Phe Lys Leu Leu Cys Gln Cys Leu Gly Phe Gly Ser Gly
180 185 190
His Phe Arg Cys Asp Ser Ser Arg Trp Cys His Asp Asn Gly Val Asn
195 200 205
Tyr Lys Ile Gly Glu Lys Trp Asp Arg Gln Gly Glu Asn Gly Gln Met
210 215 220

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

Gly Glu Pro Ser Pro Glu Gly Thr Thr Gly Gln Ser Tyr Asn Gln Tyr
290 295 300
Ser Gln Arg Tyr His Gln Arg Thr Asn Thr Asn Val Asn Cys Pro Ile

305 310 315 320

Glu Cys Phe Met Pro Leu Asp Val Gln Ala Asp Arg Glu Asp Ser Arg

325 330 335

Glu

<210> 377

<211> 1014

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B4DTK1

<400> 377

Met Arg Val Thr Trp Ala Pro Pro Pro Ser Ile Asp Leu Thr Asn Phe

1 5 10 15

Leu Val Arg Tyr Ser Pro Val Lys Asn Glu Glu Asp Val Ala Glu Leu

20 25 30

Ser Ile Ser Pro Ser Asp Asn Ala Val Val Leu Thr Asn Leu Leu Pro

35 40 45

Gly Thr Glu Tyr Val Val Ser Val Ser Ser Val Tyr Glu Gln His Glu

50 55 60

Ser Thr Pro Leu Arg Gly Arg Gln Lys Thr Gly Leu Asp Ser Pro Thr

65 70 75 80

Gly Ile Asp Phe Ser Asp Ile Thr Gly Asn Ser Phe Thr Val His Trp

85 90 95

Ile Ala Pro Arg Ala Thr Ile Thr Gly Tyr Arg Ile Arg His His Pro

100 105 110

Glu His Phe Ser Gly Arg Pro Arg Glu Asp Arg Val Pro His Ser Arg

115 120 125

Asn Ser Ile Thr Leu Thr Asn Leu Thr Pro Gly Thr Glu Tyr Val Val

130 135 140

Ser Ile Val Ala Leu Asn Gly Arg Glu Glu Ser Pro Leu Leu Ile Gly

145 150 155 160

Gln Gln Ser Thr Val Ser Asp Val Pro Arg Asp Leu Glu Val Val Ala

165 170 175

Ala Thr Pro Thr Ser Leu Leu Ile Ser Trp Asp Ala Pro Ala Val Thr
180 185 190

Val Arg Tyr Tyr Arg Ile Thr Tyr Gly Glu Thr Gly Gly Asn Ser Pro
195 200 205

Val Gln Glu Phe Thr Val Pro Gly Ser Lys Ser Thr Ala Thr Ile Ser
210 215 220

Gly Leu Lys Pro Gly Val Asp Tyr Thr Ile Thr Val Tyr Ala Val Thr
225 230 235 240

Gly Arg Gly Asp Ser Pro Ala Ser Ser Lys Pro Ile Ser Ile Asn Tyr
245 250 255

Arg Thr Glu Ile Asp Lys Pro Ser Gln Met Gln Val Thr Asp Val Gln
260 265 270

Asp Asn Ser Ile Ser Val Lys Trp Leu Pro Ser Ser Ser Pro Val Thr
275 280 285

Gly Tyr Arg Val Thr Thr Thr Pro Lys Asn Gly Pro Gly Pro Thr Lys
290 295 300

Thr Lys Thr Ala Gly Pro Asp Gln Thr Glu Met Thr Ile Glu Gly Leu
305 310 315 320

Gln Pro Thr Val Glu Tyr Val Val Ser Val Tyr Ala Gln Asn Pro Ser
325 330 335

Gly Glu Ser Gln Pro Leu Val Gln Thr Ala Val Thr Thr Ile Pro Ala
340 345 350

Pro Thr Asp Leu Lys Phe Thr Gln Val Thr Pro Thr Ser Leu Ser Ala
355 360 365

Gln Trp Thr Pro Pro Asn Val Gln Leu Thr Gly Tyr Arg Val Arg Val
370 375 380

Thr Pro Lys Glu Lys Thr Gly Pro Met Lys Glu Ile Asn Leu Ala Pro
385 390 395 400

Asp Ser Ser Ser Val Val Val Ser Gly Leu Met Val Ala Thr Lys Tyr
405 410 415

Glu Val Ser Val Tyr Ala Leu Lys Asp Thr Leu Thr Ser Arg Pro Ala

420 425 430

Gln Gly Val Val Thr Thr Leu Glu Asn Val Ser Pro Pro Arg Arg Ala

435 440 445

Arg Val Thr Asp Ala Thr Glu Thr Thr Ile Thr Ile Ser Trp Arg Thr

450 455 460

Lys Thr Glu Thr Ile Thr Gly Phe Gln Val Asp Ala Val Pro Ala Asn

465 470 475 480

Gly Gln Thr Pro Ile Gln Arg Thr Ile Lys Pro Asp Val Arg Ser Tyr

485 490 495

Thr Ile Thr Gly Leu Gln Pro Gly Thr Asp Tyr Lys Ile Tyr Leu Tyr

500 505 510

Thr Leu Asn Asp Asn Ala Arg Ser Ser Pro Val Val Ile Asp Ala Ser

515 520 525

Thr Ala Ile Asp Ala Pro Ser Asn Leu Arg Phe Leu Ala Thr Thr Pro

530 535 540

Asn Ser Leu Leu Val Ser Trp Gln Pro Pro Arg Ala Arg Ile Thr Gly

545 550 555 560

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

565 570 575

Pro Arg Pro Arg Pro Gly Val Thr Glu Ala Thr Ile Thr Gly Leu Glu

580 585 590

Pro Gly Thr Glu Tyr Thr Ile Tyr Val Ile Ala Leu Lys Asn Asn Gln

595 600 605

Lys Ser Glu Pro Leu Ile Gly Arg Lys Lys Thr Asp Glu Leu Pro Gln

610 615 620

Leu Val Thr Leu Pro His Pro Asn Leu His Gly Pro Glu Ile Leu Asp

625 630 635 640

Val Pro Ser Thr Val Gln Lys Thr Pro Phe Val Thr His Pro Gly Tyr

645 650 655

Asp Thr Gly Asn Gly Ile Gln Leu Pro Gly Thr Ser Gly Gln Gln Pro

660 665 670

Ser Val Gly Gln Gln Met Ile Phe Glu Glu His Gly Phe Arg Arg Thr
675 680 685
Thr Pro Pro Thr Thr Ala Thr Pro Ile Arg His Arg Pro Arg Pro Tyr
690 695 700

Pro Pro Asn Val Gly Glu Glu Ile Gln Ile Gly His Ile Pro Arg Glu
705 710 715 720
Asp Val Asp Tyr His Leu Tyr Pro His Gly Pro Gly Leu Asn Pro Asn
725 730 735
Ala Ser Thr Gly Gln Glu Ala Leu Ser Gln Thr Thr Ile Ser Trp Ala
740 745 750
Pro Phe Gln Asp Thr Ser Glu Tyr Ile Ile Ser Cys His Pro Val Gly
755 760 765

Thr Asp Glu Glu Pro Leu Gln Phe Arg Val Pro Gly Thr Ser Thr Ser
770 775 780
Ala Thr Leu Thr Gly Leu Thr Arg Gly Ala Thr Tyr Asn Ile Ile Val
785 790 795 800
Glu Ala Leu Lys Asp Gln Gln Arg His Lys Val Arg Glu Glu Val Val
805 810 815
Thr Val Gly Asn Ser Val Asn Glu Gly Leu Asn Gln Pro Thr Asp Asp
820 825 830

Ser Cys Phe Asp Pro Tyr Thr Val Ser His Tyr Ala Val Gly Asp Glu
835 840 845
Trp Glu Arg Met Ser Glu Ser Gly Phe Lys Leu Leu Cys Gln Cys Leu
850 855 860
Gly Phe Gly Ser Gly His Phe Arg Cys Asp Ser Ser Arg Trp Cys His
865 870 875 880
Asp Asn Gly Val Asn Tyr Lys Ile Gly Glu Lys Trp Asp Arg Gln Gly
885 890 895

Glu Asn Gly Gln Met Met Ser Cys Thr Cys Leu Gly Asn Gly Lys Gly
900 905 910
Glu Phe Lys Cys Asp Pro His Glu Ala Thr Cys Tyr Asp Asp Gly Lys

915 920 925

Thr Tyr His Val Gly Glu Gln Trp Gln Lys Glu Tyr Leu Gly Ala Ile

930 935 940

Cys Ser Cys Thr Cys Phe Gly Gly Gln Arg Gly Trp Arg Cys Asp Asn

945 950 955 960

Cys Arg Arg Pro Gly Gly Glu Pro Ser Pro Glu Gly Thr Thr Gly Gln

965 970 975

Ser Tyr Asn Gln Tyr Ser Gln Arg Tyr His Gln Arg Thr Asn Thr Asn

980 985 990

Val Asn Cys Pro Ile Glu Cys Phe Met Pro Leu Asp Val Gln Ala Asp

995 1000 1005

Arg Glu Asp Ser Arg Glu

1010

<210> 378

<211> 894

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> fibronectin__Homo_sapiens__B4DU16

<400> 378

Met Arg Val Thr Trp Ala Pro Pro Pro Ser Ile Asp Leu Thr Asn Phe

1 5 10 15

Leu Val Arg Tyr Ser Pro Val Lys Asn Glu Glu Asp Val Ala Glu Leu

20 25 30

Ser Ile Ser Pro Ser Asp Asn Ala Val Val Leu Thr Asn Leu Leu Pro

35 40 45

Gly Thr Glu Tyr Val Val Ser Val Ser Ser Val Tyr Glu Gln His Glu

50 55 60

Ser Thr Pro Leu Arg Gly Arg Gln Lys Thr Gly Leu Asp Ser Pro Thr

65 70 75 80

Gly Ile Asp Phe Ser Asp Ile Thr Ala Asn Ser Phe Thr Val His Trp

85 90 95

Ile Ala Pro Arg Ala Thr Ile Thr Gly Tyr Arg Ile Arg His His Pro

100 105 110

Glu His Phe Ser Gly Arg Pro Arg Glu Asp Arg Val Pro His Ser Arg

115 120 125

Asn Ser Ile Thr Leu Thr Asn Leu Thr Pro Gly Thr Glu Tyr Val Val

130 135 140

Ser Ile Val Ala Leu Asn Gly Arg Glu Glu Ser Pro Leu Leu Ile Gly

145 150 155 160

Gln Gln Ser Thr Val Ser Asp Val Pro Arg Asp Leu Glu Val Val Ala

165 170 175

Ala Thr Pro Thr Ser Leu Leu Ile Ser Trp Asp Ala Pro Ala Val Thr

180 185 190

Val Arg Tyr Tyr Arg Ile Thr Tyr Gly Glu Thr Gly Gly Asn Ser Pro

195 200 205

Val Gln Glu Phe Thr Val Pro Gly Ser Lys Ser Thr Ala Thr Ile Ser

210 215 220

Gly Leu Lys Pro Gly Val Asp Tyr Thr Ile Thr Val Tyr Ala Val Thr

225 230 235 240

Gly Arg Gly Asp Ser Pro Ala Ser Ser Lys Pro Ile Ser Ile Asn Tyr

245 250 255

Arg Thr Glu Ile Asp Lys Pro Ser Gln Met Gln Val Thr Asp Val Gln

260 265 270

Asp Asn Ser Ile Ser Val Lys Trp Leu Pro Ser Ser Ser Pro Val Thr

275 280 285

Gly Tyr Arg Val Thr Thr Thr Pro Lys Asn Gly Pro Gly Pro Thr Lys

290 295 300

Thr Lys Thr Ala Gly Pro Asp Gln Thr Glu Met Thr Ile Glu Gly Leu

305 310 315 320

His Pro Thr Val Glu Tyr Val Val Ser Val Tyr Ala Gln Asn Pro Ser

325 330 335

Gly Glu Ser Gln Pro Leu Val Gln Thr Ala Val Thr Thr Ile Pro Ala

340 345 350

Pro Thr Asp Leu Lys Phe Thr Gln Val Thr Pro Thr Ser Leu Ser Ala
355 360 365
Gln Trp Thr Pro Pro Asn Val Gln Leu Thr Gly Tyr Arg Val Arg Val

370 375 380
Thr Pro Lys Glu Lys Thr Gly Pro Met Lys Glu Ile Asn Leu Ala Pro
385 390 395 400
Asp Ser Ser Ser Val Val Val Ser Gly Leu Met Val Ala Thr Lys Tyr
405 410 415
Glu Val Ser Val Tyr Ala Leu Lys Asp Thr Leu Thr Ser Arg Pro Ala
420 425 430
Gln Gly Val Val Thr Thr Leu Glu Asn Val Ser Pro Pro Arg Arg Ala

435 440 445
Arg Val Thr Asp Ala Thr Glu Thr Thr Ile Thr Ile Ser Trp Arg Thr
450 455 460
Lys Thr Glu Thr Ile Thr Gly Phe Gln Val Asp Ala Val Pro Ala Asn
465 470 475 480
Gly Gln Thr Pro Ile Gln Arg Thr Ile Lys Pro Asp Val Arg Ser Tyr
485 490 495
Thr Ile Thr Gly Leu Gln Pro Gly Thr Asp Tyr Lys Ile Tyr Leu Tyr

500 505 510
Thr Leu Asn Asp Asn Ala Arg Ser Ser Pro Val Val Ile Asp Ala Ser
515 520 525
Thr Ala Ile Asp Ala Pro Ser Asn Leu Arg Phe Leu Ala Thr Thr Pro
530 535 540
Asn Ser Leu Leu Val Ser Trp Gln Pro Pro Arg Ala Arg Ile Thr Gly
545 550 555 560
Tyr Ile Ile Lys Tyr Glu Lys Pro Gly Ser Pro Pro Arg Glu Val Val

565 570 575
Pro Arg Pro Arg Pro Gly Val Thr Glu Ala Thr Ile Thr Gly Leu Glu
580 585 590
Pro Gly Thr Glu Tyr Thr Ile Tyr Val Ile Ala Leu Lys Asn Asn Gln

595 600 605

Lys Ser Glu Pro Leu Ile Gly Arg Lys Lys Thr Gly Gln Glu Ala Leu

610 615 620

Ser Gln Thr Thr Ile Ser Trp Ala Pro Phe Gln Asp Thr Ser Glu Tyr

625 630 635 640

Ile Ile Ser Cys His Pro Val Gly Thr Asp Glu Glu Pro Leu Gln Phe

645 650 655

Arg Val Pro Gly Thr Ser Thr Ser Ala Thr Leu Thr Gly Leu Thr Arg

660 665 670

Gly Ala Thr Tyr Asn Ile Ile Val Glu Ala Leu Lys Asp Gln Gln Arg

675 680 685

His Lys Val Arg Glu Glu Val Ile Thr Val Gly Asn Ser Val Asn Glu

690 695 700

Gly Leu Asn Gln Pro Thr Asp Asp Ser Cys Phe Asp Pro Tyr Thr Val

705 710 715 720

Ser His Tyr Ala Val Gly Asp Glu Trp Glu Arg Met Ser Glu Ser Gly

725 730 735

Phe Lys Leu Leu Cys Gln Cys Leu Gly Phe Gly Ser Gly His Phe Arg

740 745 750

Cys Asp Ser Ser Arg Trp Cys His Asp Asn Gly Val Asn Tyr Lys Ile

755 760 765

Gly Glu Lys Trp Asp Arg Gln Gly Glu Asn Gly Gln Met Met Ser Cys

770 775 780

Thr Cys Leu Gly Asn Gly Lys Gly Glu Phe Lys Cys Asp Pro His Glu

785 790 795 800

Ala Thr Cys Tyr Asp Asp Gly Lys Thr Tyr His Val Gly Glu Gln Trp

805 810 815

Gln Lys Glu Tyr Leu Gly Ala Ile Cys Ser Cys Thr Cys Phe Gly Gly

820 825 830

Gln Arg Gly Trp Arg Cys Asp Asn Cys Arg Arg Pro Gly Gly Glu Pro

835 840 845

Ser Pro Glu Gly Thr Thr Gly Gln Ser Tyr Asn Gln Tyr Ser Gln Arg
850 855 860

Tyr His Gln Arg Thr Asn Thr Asn Val Asn Cys Pro Ile Glu Cys Phe
865 870 875 880

Met Pro Leu Asp Val Gln Ala Asp Arg Glu Asp Ser Arg Glu

885 890

<210> 379

<211> 383

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B7Z3W5

<400> 379

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

Met Thr His Leu Met Val Asp Phe Ser Gln Glu Arg Gln Met Leu Gln
20 25 30

Thr Leu Lys Phe Leu Pro Val Pro Lys Ala Pro Glu Ile Asp Pro Val
35 40 45

Glu Cys Leu Val Ala Asp Asn Ser Val Thr Val Ala Trp Arg Met Pro
50 55 60

Glu Glu Asp Asn Lys Ile Asp His Phe Ile Leu Glu His Arg Lys Thr
65 70 75 80

Asn Phe Asp Gly Leu Pro Arg Val Lys Asp Glu Arg Cys Trp Glu Ile
85 90 95

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

Asp Ser Lys Tyr Met Asn Phe Arg Val Arg Ala Cys Asn Lys Ala Val
115 120 125

Ala Gly Glu Tyr Ser Asp Pro Val Thr Leu Glu Thr Lys Ala Leu Asn
130 135 140

Phe Asn Leu Asp Asn Ser Ser Ser His Leu Asn Leu Lys Val Glu Asp
145 150 155 160

Thr Cys Val Glu Trp Asp Pro Thr Gly Gly Lys Gly Gln Glu Ser Lys
165 170 175

Ile Lys Gly Lys Glu Asn Lys Gly Ser Val His Val Thr Ser Leu Lys
180 185 190
Lys His Thr Ser Gly Thr Pro Ser Pro Lys Arg Thr Ser Val Gly Ser
195 200 205
Arg Pro Pro Ala Val Arg Gly Ser Arg Asp Arg Phe Thr Gly Glu Ser
210 215 220
Tyr Thr Val Leu Gly Asp Thr Ala Ile Glu Ser Gly Gln His Tyr Trp
225 230 235 240

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

Gly Val Phe Cys Asp Phe Asp Gly Gly Gln Leu Ser Phe Tyr Asp Ala
305 310 315 320
Asn Ser Lys Gln Leu Leu Tyr Ser Phe Lys Thr Lys Phe Thr Gln Pro
325 330 335
Val Leu Pro Gly Phe Met Val Trp Cys Gly Gly Leu Ser Leu Ser Thr
340 345 350
Gly Met Gln Val Pro Ser Ala Val Arg Thr Leu Gln Lys Ser Glu Asn
355 360 365

Gly Met Thr Gly Ser Ala Ser Ser Leu Asn Asn Val Val Thr Gln
370 375 380

<210> 380
<211> 146
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__B7Z939

<400> 380

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

35 40 45
Lys Met His Thr Tyr Gly Ile Ile Tyr Thr Gly Tyr Ala Thr Lys His
50 55 60
Val Val Glu Gly Leu Glu Pro Arg Thr Leu Tyr Arg Phe Arg Leu Lys
65 70 75 80
Val Thr Ser Pro Ser Gly Glu Cys Glu Tyr Ser Pro Leu Val Ser Val
85 90 95
Ser Thr Thr Ser Glu Tyr Ser Asp Arg Pro His Ser Pro Leu Ser Arg

100 105 110
Ser Met Glu Met Thr Ser Asn Leu Glu Lys Ile Phe Cys Leu Ser Phe
115 120 125
Gly Leu Thr Arg Ser Arg Asn Asp Thr Ile Phe Lys His Cys Asn Asn
130 135 140
Ile Cys
145

<210> 381

<211> 684

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__G5E9X3

<400> 381

Met Ala Glu His Pro Pro Leu Leu Asp Thr Thr Gln Ile Leu Ser Ser

1 5 10 15
Asp Ile Ser Leu Leu Ser Ala Pro Ile Val Ser Ala Asp Gly Thr Gln

20 25 30

Gln Val Ile Leu Val Gln Val Asn Pro Gly Glu Ala Phe Thr Ile Arg

35 40 45

Arg Glu Asp Gly Gln Phe Gln Cys Ile Thr Gly Pro Ala Gln Val Pro

50 55 60

Met Met Ser Pro Asn Gly Ser Val Pro Pro Ile Tyr Val Pro Pro Gly

65 70 75 80

Tyr Ala Pro Gln Val Ile Glu Asp Asn Gly Val Arg Arg Val Val Val

85 90 95

Val Pro Gln Ala Pro Glu Phe His Pro Gly Ser His Thr Val Leu His

100 105 110

Arg Ser Pro His Pro Pro Leu Pro Gly Phe Ile Pro Val Pro Thr Met

115 120 125

Met Pro Pro Pro Pro Arg His Met Tyr Ser Pro Val Thr Gly Ala Gly

130 135 140

Asp Met Thr Thr Gln Tyr Met Pro Gln Tyr Gln Ser Ser Gln Val Tyr

145 150 155 160

Gly Asp Val Asp Ala His Ser Thr His Gly Arg Ser Asn Phe Arg Asp

165 170 175

Glu Arg Ser Ser Lys Thr Tyr Glu Arg Leu Gln Lys Lys Leu Lys Asp

180 185 190

Arg Gln Gly Thr Gln Lys Asp Lys Met Ser Ser Pro Pro Ser Ser Pro

195 200 205

Gln Lys Cys Pro Ser Pro Ile Asn Glu His Asn Gly Leu Ile Lys Gly

210 215 220

Gln Ile Ala Gly Gly Ile Asn Thr Gly Ser Ala Lys Ile Lys Ser Gly

225 230 235 240

Lys Gly Lys Gly Gly Thr Gln Val Asp Thr Glu Ile Glu Glu Lys Asp

245 250 255

Glu Glu Thr Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu Ser Asn Ile Val Lys Pro

260 265 270

Val Ala Ser Asp Ile Gln Ala Arg Thr Val Val Leu Thr Trp Ser Pro
275 280 285
Pro Ser Ser Leu Ile Asn Gly Glu Thr Asp Glu Ser Ser Val Pro Glu
290 295 300
Leu Tyr Gly Tyr Glu Val Leu Ile Ser Ser Thr Gly Lys Asp Gly Lys
305 310 315 320
Tyr Lys Ser Val Tyr Val Gly Glu Glu Thr Asn Ile Thr Leu Asn Asp

325 330 335
Leu Lys Pro Ala Met Asp Tyr His Ala Lys Val Gln Ala Glu Tyr Asn
340 345 350
Ser Ile Lys Gly Thr Pro Ser Glu Ala Glu Ile Phe Thr Thr Leu Ser
355 360 365
Cys Glu Pro Asp Ile Pro Asn Pro Pro Arg Ile Ala Asn Arg Thr Lys
370 375 380
Asn Ser Leu Thr Leu Gln Trp Lys Ala Pro Ser Asp Asn Gly Ser Lys

385 390 395 400
Ile Gln Asn Phe Val Leu Glu Trp Asp Glu Gly Lys Gly Asn Gly Glu
405 410 415
Phe Cys Gln Cys Tyr Met Gly Ser Gln Lys Gln Phe Lys Ile Thr Lys
420 425 430
Leu Ser Pro Ala Met Gly Cys Lys Phe Arg Leu Ser Ala Arg Asn Asp
435 440 445
Tyr Gly Thr Ser Gly Phe Ser Glu Glu Val Leu Tyr Tyr Thr Ser Gly

450 455 460
Cys Ala Pro Ser Met Pro Ala Ser Pro Val Leu Thr Lys Ala Gly Ile
465 470 475 480
Thr Trp Leu Ser Leu Gln Trp Ser Lys Pro Ser Gly Thr Pro Ser Asp
485 490 495
Glu Gly Ile Ser Tyr Ile Leu Glu Met Glu Glu Glu Thr Ser Gly Tyr
500 505 510
Gly Phe Lys Pro Lys Tyr Asp Gly Glu Asp Leu Ala Tyr Thr Val Lys

515 520 525

Asn Leu Arg Arg Ser Thr Lys Tyr Lys Phe Lys Val Ile Ala Tyr Asn

530 535 540

Ser Glu Gly Lys Ser Asn Pro Ser Glu Val Val Glu Phe Thr Thr Cys

545 550 555 560

Pro Asp Lys Pro Gly Ile Pro Val Lys Pro Ser Val Lys Gly Lys Ile

565 570 575

His Ser His Ser Phe Lys Ile Thr Trp Asp Pro Pro Lys Asp Asn Gly

580 585 590

Gly Ala Thr Ile Asn Lys Tyr Val Val Glu Met Ala Glu Gly Ser Asn

595 600 605

Gly Asn Lys Trp Glu Met Ile Tyr Ser Gly Ala Thr Arg Glu His Leu

610 615 620

Cys Asp Arg Leu Asn Pro Gly Cys Phe Tyr Arg Leu Arg Val Tyr Cys

625 630 635 640

Ile Ser Asp Gly Gly Gln Ser Ala Val Ser Glu Ser Leu Leu Val Gln

645 650 655

Thr Pro Ala Val Pro Pro Gly Pro Cys Leu Pro Pro Arg Leu Gln Gly

660 665 670

Arg Pro Lys Ala Lys Glu Ile Gln Thr Pro Ser Gly

675 680

<210> 382

<211> 163

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> fibronectin__Homo_sapiens__Q9H382

<400> 382

Met Ser Glu Ser Gly Phe Lys Leu Leu Cys Gln Cys Leu Gly Phe Gly

1 5 10 15

Ser Gly His Phe Arg Cys Asp Ser Ser Arg Trp Cys His Asp Asn Gly

20 25 30

Val Asn Tyr Lys Ile Gly Glu Lys Trp Asp Arg Gln Gly Glu Asn Gly

35 40 45

Gln Met Met Ser Cys Thr Cys Leu Gly Asn Gly Lys Gly Glu Phe Lys

50 55 60

Cys Asp Pro His Glu Ala Thr Cys Tyr Asp Asp Gly Lys Thr Tyr His

65 70 75 80

Val Gly Glu Gln Trp Gln Lys Glu Tyr Leu Gly Ala Ile Cys Ser Cys

85 90 95

Thr Cys Phe Gly Gly Gln Arg Gly Trp Arg Cys Asp Asn Cys Arg Arg

100 105 110

Pro Gly Gly Glu Pro Ser Pro Glu Gly Thr Thr Gly Gln Ser Tyr Asn

115 120 125

Gln Tyr Ser Gln Arg Tyr His Gln Arg Thr Asn Thr Asn Val Asn Cys

130 135 140

Pro Ile Glu Cys Phe Met Pro Leu Asp Val Gln Ala Asp Arg Glu Asp

145 150 155 160

Ser Arg Glu

<210> 383

<211> 380

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FOS__Homo_sapiens__P01100

<400> 383

Met Met Phe Ser Gly Phe Asn Ala Asp Tyr Glu Ala Ser Ser Ser Arg

1 5 10 15

Cys Ser Ser Ala Ser Pro Ala Gly Asp Ser Leu Ser Tyr Tyr His Ser

20 25 30

Pro Ala Asp Ser Phe Ser Ser Met Gly Ser Pro Val Asn Ala Gln Asp

35 40 45

Phe Cys Thr Asp Leu Ala Val Ser Ser Ala Asn Phe Ile Pro Thr Val

50 55 60

Thr Ala Ile Ser Thr Ser Pro Asp Leu Gln Trp Leu Val Gln Pro Ala

65 70 75 80

Leu Val Ser Ser Val Ala Pro Ser Gln Thr Arg Ala Pro His Pro Phe
85 90 95

Gly Val Pro Ala Pro Ser Ala Gly Ala Tyr Ser Arg Ala Gly Val Val
100 105 110
Lys Thr Met Thr Gly Gly Arg Ala Gln Ser Ile Gly Arg Arg Gly Lys
115 120 125
Val Glu Gln Leu Ser Pro Glu Glu Glu Glu Lys Arg Arg Ile Arg Arg
130 135 140
Glu Arg Asn Lys Met Ala Ala Ala Lys Cys Arg Asn Arg Arg Arg Glu
145 150 155 160

Leu Thr Asp Thr Leu Gln Ala Glu Thr Asp Gln Leu Glu Asp Glu Lys
165 170 175
Ser Ala Leu Gln Thr Glu Ile Ala Asn Leu Leu Lys Glu Lys Glu Lys
180 185 190
Leu Glu Phe Ile Leu Ala Ala His Arg Pro Ala Cys Lys Ile Pro Asp
195 200 205
Asp Leu Gly Phe Pro Glu Glu Met Ser Val Ala Ser Leu Asp Leu Thr
210 215 220

Gly Gly Leu Pro Glu Val Ala Thr Pro Glu Ser Glu Glu Ala Phe Thr
225 230 235 240
Leu Pro Leu Leu Asn Asp Pro Glu Pro Lys Pro Ser Val Glu Pro Val
245 250 255
Lys Ser Ile Ser Ser Met Glu Leu Lys Thr Glu Pro Phe Asp Asp Phe
260 265 270
Leu Phe Pro Ala Ser Ser Arg Pro Ser Gly Ser Glu Thr Ala Arg Ser
275 280 285

Val Pro Asp Met Asp Leu Ser Gly Ser Phe Tyr Ala Ala Asp Trp Glu
290 295 300
Pro Leu His Ser Gly Ser Leu Gly Met Gly Pro Met Ala Thr Glu Leu
305 310 315 320
Glu Pro Leu Cys Thr Pro Val Val Thr Cys Thr Pro Ser Cys Thr Ala

325 330 335

Tyr Thr Ser Ser Phe Val Phe Thr Tyr Pro Glu Ala Asp Ser Phe Pro

340 345 350

Ser Cys Ala Ala Ala His Arg Lys Gly Ser Ser Ser Asn Glu Pro Ser

355 360 365

Ser Asp Ser Leu Ser Ser Pro Thr Leu Leu Ala Leu

370 375 380

<210> 384

<211> 431

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FOXP3__Homo_sapiens__Q9BZS1

<400> 384

Met Pro Asn Pro Arg Pro Gly Lys Pro Ser Ala Pro Ser Leu Ala Leu

1 5 10 15

Gly Pro Ser Pro Gly Ala Ser Pro Ser Trp Arg Ala Ala Pro Lys Ala

20 25 30

Ser Asp Leu Leu Gly Ala Arg Gly Pro Gly Gly Thr Phe Gln Gly Arg

35 40 45

Asp Leu Arg Gly Gly Ala His Ala Ser Ser Ser Ser Leu Asn Pro Met

50 55 60

Pro Pro Ser Gln Leu Gln Leu Pro Thr Leu Pro Leu Val Met Val Ala

65 70 75 80

Pro Ser Gly Ala Arg Leu Gly Pro Leu Pro His Leu Gln Ala Leu Leu

85 90 95

Gln Asp Arg Pro His Phe Met His Gln Leu Ser Thr Val Asp Ala His

100 105 110

Ala Arg Thr Pro Val Leu Gln Val His Pro Leu Glu Ser Pro Ala Met

115 120 125

Ile Ser Leu Thr Pro Pro Thr Thr Ala Thr Gly Val Phe Ser Leu Lys

130 135 140

Ala Arg Pro Gly Leu Pro Pro Gly Ile Asn Val Ala Ser Leu Glu Trp

145 150 155 160

Val Ser Arg Glu Pro Ala Leu Leu Cys Thr Phe Pro Asn Pro Ser Ala

165 170 175

Pro Arg Lys Asp Ser Thr Leu Ser Ala Val Pro Gln Ser Ser Tyr Pro

180 185 190

Leu Leu Ala Asn Gly Val Cys Lys Trp Pro Gly Cys Glu Lys Val Phe

195 200 205

Glu Glu Pro Glu Asp Phe Leu Lys His Cys Gln Ala Asp His Leu Leu

210 215 220

Asp Glu Lys Gly Arg Ala Gln Cys Leu Leu Gln Arg Glu Met Val Gln

225 230 235 240

Ser Leu Glu Gln Gln Leu Val Leu Glu Lys Glu Lys Leu Ser Ala Met

245 250 255

Gln Ala His Leu Ala Gly Lys Met Ala Leu Thr Lys Ala Ser Ser Val

260 265 270

Ala Ser Ser Asp Lys Gly Ser Cys Cys Ile Val Ala Ala Gly Ser Gln

275 280 285

Gly Pro Val Val Pro Ala Trp Ser Gly Pro Arg Glu Ala Pro Asp Ser

290 295 300

Leu Phe Ala Val Arg Arg His Leu Trp Gly Ser His Gly Asn Ser Thr

305 310 315 320

Phe Pro Glu Phe Leu His Asn Met Asp Tyr Phe Lys Phe His Asn Met

325 330 335

Arg Pro Pro Phe Thr Tyr Ala Thr Leu Ile Arg Trp Ala Ile Leu Glu

340 345 350

Ala Pro Glu Lys Gln Arg Thr Leu Asn Glu Ile Tyr His Trp Phe Thr

355 360 365

Arg Met Phe Ala Phe Phe Arg Asn His Pro Ala Thr Trp Lys Asn Ala

370 375 380

Ile Arg His Asn Leu Ser Leu His Lys Cys Phe Val Arg Val Glu Ser

385 390 395 400

Glu Lys Gly Ala Val Trp Thr Val Asp Glu Leu Glu Phe Arg Lys Lys

405 410 415

Arg Ser Gln Arg Pro Ser Arg Cys Ser Asn Pro Thr Pro Gly Pro

420 425 430

<210> 385

<211> 365

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FUT1__Homo_sapiens__P19526

<400> 385

Met Trp Leu Arg Ser His Arg Gln Leu Cys Leu Ala Phe Leu Leu Val

1 5 10 15

Cys Val Leu Ser Val Ile Phe Phe Leu His Ile His Gln Asp Ser Phe

20 25 30

Pro His Gly Leu Gly Leu Ser Ile Leu Cys Pro Asp Arg Arg Leu Val

35 40 45

Thr Pro Pro Val Ala Ile Phe Cys Leu Pro Gly Thr Ala Met Gly Pro

50 55 60

Asn Ala Ser Ser Ser Cys Pro Gln His Pro Ala Ser Leu Ser Gly Thr

65 70 75 80

Trp Thr Val Tyr Pro Asn Gly Arg Phe Gly Asn Gln Met Gly Gln Tyr

85 90 95

Ala Thr Leu Leu Ala Leu Ala Gln Leu Asn Gly Arg Arg Ala Phe Ile

100 105 110

Leu Pro Ala Met His Ala Ala Leu Ala Pro Val Phe Arg Ile Thr Leu

115 120 125

Pro Val Leu Ala Pro Glu Val Asp Ser Arg Thr Pro Trp Arg Glu Leu

130 135 140

Gln Leu His Asp Trp Met Ser Glu Glu Tyr Ala Asp Leu Arg Asp Pro

145 150 155 160

Phe Leu Lys Leu Ser Gly Phe Pro Cys Ser Trp Thr Phe Phe His His
165 170 175
Leu Arg Glu Gln Ile Arg Arg Glu Phe Thr Leu His Asp His Leu Arg
180 185 190
Glu Glu Ala Gln Ser Val Leu Gly Gln Leu Arg Leu Gly Arg Thr Gly
195 200 205
Asp Arg Pro Arg Thr Phe Val Gly Val His Val Arg Arg Gly Asp Tyr
210 215 220

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

Thr Pro Trp Lys Asp Phe Ala Leu Leu Thr Gln Cys Asn His Thr Ile
290 295 300
Met Thr Ile Gly Thr Phe Gly Phe Trp Ala Ala Tyr Leu Ala Gly Gly
305 310 315 320
Asp Thr Val Tyr Leu Ala Asn Phe Thr Leu Pro Asp Ser Glu Phe Leu
325 330 335
Lys Ile Phe Lys Pro Glu Ala Ala Phe Leu Pro Glu Trp Val Gly Ile
340 345 350

Asn Ala Asp Leu Ser Pro Leu Trp Thr Leu Ala Lys Pro
355 360 365

<210> 386
<211> 459
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> G250__Homo_sapiens__Q16790
<400> 386

Met Ala Pro Leu Cys Pro Ser Pro Trp Leu Pro Leu Leu Ile Pro Ala
1 5 10 15
Pro Ala Pro Gly Leu Thr Val Gln Leu Leu Leu Ser Leu Leu Leu Leu
20 25 30
Val Pro Val His Pro Gln Arg Leu Pro Arg Met Gln Glu Asp Ser Pro

35 40 45
Leu Gly Gly Gly Ser Ser Gly Glu Asp Asp Pro Leu Gly Glu Glu Asp
50 55 60
Leu Pro Ser Glu Glu Asp Ser Pro Arg Glu Glu Asp Pro Pro Gly Glu
65 70 75 80
Glu Asp Leu Pro Gly Glu Glu Asp Leu Pro Gly Glu Glu Asp Leu Pro
85 90 95
Glu Val Lys Pro Lys Ser Glu Glu Glu Gly Ser Leu Lys Leu Glu Asp

100 105 110
Leu Pro Thr Val Glu Ala Pro Gly Asp Pro Gln Glu Pro Gln Asn Asn
115 120 125
Ala His Arg Asp Lys Glu Gly Asp Asp Gln Ser His Trp Arg Tyr Gly
130 135 140
Gly Asp Pro Pro Trp Pro Arg Val Ser Pro Ala Cys Ala Gly Arg Phe
145 150 155 160
Gln Ser Pro Val Asp Ile Arg Pro Gln Leu Ala Ala Phe Cys Pro Ala

165 170 175
Leu Arg Pro Leu Glu Leu Leu Gly Phe Gln Leu Pro Pro Leu Pro Glu
180 185 190
Leu Arg Leu Arg Asn Asn Gly His Ser Val Gln Leu Thr Leu Pro Pro
195 200 205
Gly Leu Glu Met Ala Leu Gly Pro Gly Arg Glu Tyr Arg Ala Leu Gln
210 215 220
Leu His Leu His Trp Gly Ala Ala Gly Arg Pro Gly Ser Glu His Thr

225 230 235 240
Val Glu Gly His Arg Phe Pro Ala Glu Ile His Val Val His Leu Ser

245 250 255

Thr Ala Phe Ala Arg Val Asp Glu Ala Leu Gly Arg Pro Gly Gly Leu

260 265 270

Ala Val Leu Ala Ala Phe Leu Glu Glu Gly Pro Glu Glu Asn Ser Ala

275 280 285

Tyr Glu Gln Leu Leu Ser Arg Leu Glu Glu Ile Ala Glu Glu Gly Ser

290 295 300

Glu Thr Gln Val Pro Gly Leu Asp Ile Ser Ala Leu Leu Pro Ser Asp

305 310 315 320

Phe Ser Arg Tyr Phe Gln Tyr Glu Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro Cys

325 330 335

Ala Gln Gly Val Ile Trp Thr Val Phe Asn Gln Thr Val Met Leu Ser

340 345 350

Ala Lys Gln Leu His Thr Leu Ser Asp Thr Leu Trp Gly Pro Gly Asp

355 360 365

Ser Arg Leu Gln Leu Asn Phe Arg Ala Thr Gln Pro Leu Asn Gly Arg

370 375 380

Val Ile Glu Ala Ser Phe Pro Ala Gly Val Asp Ser Ser Pro Arg Ala

385 390 395 400

Ala Glu Pro Val Gln Leu Asn Ser Cys Leu Ala Ala Gly Asp Ile Leu

405 410 415

Ala Leu Val Phe Gly Leu Leu Phe Ala Val Thr Ser Val Ala Phe Leu

420 425 430

Val Gln Met Arg Arg Gln His Arg Arg Gly Thr Lys Gly Gly Val Ser

435 440 445

Tyr Arg Pro Ala Glu Val Ala Glu Thr Gly Ala

450 455

<210> 387

<211> 138

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GAGE-1__Homo_sapiens__AAA82744

<400> 387

Met Ser Trp Arg Gly Arg Ser Thr Tyr Arg Pro Arg Pro Arg Arg Tyr
1 5 10 15

Val Glu Pro Pro Glu Met Ile Gly Pro Met Arg Pro Glu Gln Phe Ser
20 25 30

Asp Glu Val Glu Pro Ala Thr Pro Glu Glu Gly Glu Pro Ala Thr Gln
35 40 45

Arg Gln Asp Pro Ala Ala Ala Gln Glu Gly Glu Asp Glu Gly Ala Ser
50 55 60

Ala Gly Gln Gly Pro Lys Pro Glu Ala Asp Ser Gln Glu Gln Gly His
65 70 75 80

Pro Gln Thr Gly Cys Glu Cys Glu Asp Gly Pro Asp Gly Gln Glu Met
85 90 95

Asp Pro Pro Asn Pro Glu Glu Val Lys Thr Pro Glu Glu Glu Met Arg
100 105 110

Ser His Tyr Val Ala Gln Thr Gly Ile Leu Trp Leu Leu Met Asn Asn
115 120 125

Cys Phe Leu Asn Leu Ser Pro Arg Lys Pro
130 135

<210> 388

<211> 116

<212> PRT

<213
> Artificial Sequence

<220><223> GAGE-2__Homo_sapiens__Q6NT46

<400> 388

Met Ser Trp Arg Gly Arg Ser Thr Tyr Arg Pro Arg Pro Arg Arg Tyr
1 5 10 15

Val Glu Pro Pro Glu Met Ile Gly Pro Met Arg Pro Glu Gln Phe Ser
20 25 30

Asp Glu Val Glu Pro Ala Thr Pro Glu Glu Gly Glu Pro Ala Thr Gln
35 40 45

Arg Gln Asp Pro Ala Ala Ala Gln Glu Gly Gln Asp Glu Gly Ala Ser

50 55 60

Ala Gly Gln Gly Pro Lys Pro Glu Ala His Ser Gln Glu Gln Gly His

65 70 75 80

Pro Gln Thr Gly Cys Glu Cys Glu Asp Gly Pro Asp Gly Gln Glu Met

85 90 95

Asp Pro Pro Asn Pro Glu Glu Val Lys Thr Pro Glu Glu Gly Glu Lys

100 105 110

Gln Ser Gln Cys

115

<210> 389

<211

> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GAGE-3__Homo_sapiens__Q13067

<400> 389

Met Asn Leu Ser Arg Gly Lys Ser Thr Tyr Tyr Trp Pro Arg Pro Arg

1 5 10 15

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

20 25 30

Phe Ser Asp Glu Val Glu Pro Ala Thr Pro Glu Glu Gly Glu Pro Ala

35 40 45

Thr Gln Arg Gln Asp Pro Ala Ala Ala Gln Glu Gly Glu Asp Glu Gly

50 55 60

Ala Ser Ala Gly Gln Gly Pro Lys Pro Glu Ala Asp Ser Gln Glu Gln

65 70 75 80

Gly His Pro Gln Thr Gly Cys Glu Cys Glu Asp Gly Pro Asp Gly Gln

85 90 95

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

100 105 110

Glu Lys Gln Ser Gln Cys

115

<210> 390

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GAGE-4__Homo_sapiens__Q13068

<400> 390

Met Ser Trp Arg Gly Arg Ser Thr Tyr Tyr Trp Pro Arg Pro Arg Arg
1 5 10 15

Tyr Val Gln Pro Pro Glu Met Ile Gly Pro Met Arg Pro Glu Gln Phe
20 25 30

Ser Asp Glu Val Glu Pro Ala Thr Pro Glu Glu Gly Glu Pro Ala Thr
35 40 45

Gln Arg Gln Asp Pro Ala Ala Ala Gln Glu Gly Glu Asp Glu Gly Ala
50 55 60

Ser Ala Gly Gln Gly Pro Lys Pro Glu Ala Asp Ser Gln Glu Gln Gly
65 70 75 80

His Pro Gln Thr Gly Cys Glu Cys Glu Asp Gly Pro Asp Gly Gln Glu
85 90 95

Met Asp Pro Pro Asn Pro Glu Glu Val Lys Thr Pro Glu Glu Gly Glu
100 105 110

Gly Gln Ser Gln Cys
115

<210> 391

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GAGE-5__Homo_sapiens__Q13069

<400> 391

Met Ser Trp Arg Gly Arg Ser Thr Tyr Tyr Trp Pro Arg Pro Arg Arg
1 5 10 15

Tyr Val Gln Pro Pro Glu Val Ile Gly Pro Met Arg Pro Glu Gln Phe
20 25 30

Ser Asp Glu Val Glu Pro Ala Thr Pro Glu Glu Gly Glu Pro Ala Thr

35 40 45

Gln Arg Gln Asp Pro Ala Ala Ala Gln Glu Gly Glu Asp Glu Gly Ala

50 55 60

Ser Ala Gly Gln Gly Pro Lys Pro Glu Ala Asp Ser Gln Glu Gln Gly

65 70 75 80

His Pro Gln Thr Gly Cys Glu Cys Glu Asp Gly Pro Asp Gly Gln Glu

85 90 95

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

100 105 110

Lys Gln Ser Gln Cys

115

<210> 392

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GAGE-6__Homo_sapiens__Q13070

<400> 392

Met Ser Trp Arg Gly Arg Ser Thr Tyr Tyr Trp Pro Arg Pro Arg Arg

1 5 10 15

Tyr Val Gln Pro Pro Glu Val Ile Gly Pro Met Arg Pro Glu Gln Phe

20 25 30

Ser Asp Glu Val Glu Pro Ala Thr Pro Glu Glu Gly Glu Pro Ala Thr

35 40 45

Gln Arg Gln Asp Pro Ala Ala Ala Gln Glu Gly Glu Asp Glu Gly Ala

50 55 60

Ser Ala Gly Gln Gly Pro Lys Pro Glu Ala Asp Ser Gln Glu Gln Gly

65 70 75 80

His Pro Gln Thr Gly Cys Glu Cys Glu Asp Gly Pro Asp Gly Gln Glu

85 90 95

Val Asp Pro Pro Asn Pro Glu Glu Val Lys Thr Pro Glu Glu Gly Glu

100 105 110

Lys Gln Ser Gln Cys

115

<210> 393

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GAGE7b__Homo_sapiens__O76087

<400> 393

Met Ser Trp Arg Gly Arg Ser Thr Tyr Tyr Trp Pro Arg Pro Arg Arg

1 5 10 15

Tyr Val Gln Pro Pro Glu Met Ile Gly Pro Met Arg Pro Glu Gln Phe

20 25 30

Ser Asp Glu Val Glu Pro Ala Thr Pro Glu Glu Gly Glu Pro Ala Thr

35 40 45

Gln Arg Gln Asp Pro Ala Ala Ala Gln Glu Gly Glu Asp Glu Gly Ala

50 55 60

Ser Ala Gly Gln Gly Pro Lys Pro Glu Ala His Ser Gln Glu Gln Gly

65 70 75 80

His Pro Gln Thr Gly Cys Glu Cys Glu Asp Gly Pro Asp Gly Gln Glu

85 90 95

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

100 105 110

Lys Gln Ser Gln Cys

115

<210> 394

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GAGE-8_(GAGE-2D)__Homo_sapiens__Q9UEU5

<400> 394

Met Ser Trp Arg Gly Arg Ser Thr Tyr Arg Pro Arg Pro Arg Arg Tyr

1 5 10 15

Val Glu Pro Pro Glu Met Ile Gly Pro Met Arg Pro Glu Gln Phe Ser
20 25 30
Asp Glu Val Glu Pro Ala Thr Pro Glu Glu Gly Glu Pro Ala Thr Gln
35 40 45

Arg Gln Asp Pro Ala Ala Ala Gln Glu Gly Glu Asp Glu Gly Ala Ser
50 55 60
Ala Gly Gln Gly Pro Lys Pro Glu Ala Asp Ser Gln Glu Gln Gly His
65 70 75 80
Pro Gln Thr Gly Cys Glu Cys Glu Asp Gly Pro Asp Gly Gln Glu Met
85 90 95
Asp Pro Pro Asn Pro Glu Glu Val Lys Thr Pro Glu Glu Gly Glu Lys
100 105 110

Gln Ser Gln Cys
115

<210> 395
<211> 447
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> GASR__Homo_sapiens__P32239
<400> 395
Met Glu Leu Leu Lys Leu Asn Arg Ser Val Gln Gly Thr Gly Pro Gly
1 5 10 15
Pro Gly Ala Ser Leu Cys Arg Pro Gly Ala Pro Leu Leu Asn Ser Ser
20 25 30
Ser Val Gly Asn Leu Ser Cys Glu Pro Pro Arg Ile Arg Gly Ala Gly
35 40 45

Thr Arg Glu Leu Glu Leu Ala Ile Arg Ile Thr Leu Tyr Ala Val Ile
50 55 60
Phe Leu Met Ser Val Gly Gly Asn Met Leu Ile Ile Val Val Leu Gly
65 70 75 80
Leu Ser Arg Arg Leu Arg Thr Val Thr Asn Ala Phe Leu Leu Ser Leu
85 90 95

Ala Val Ser Asp Leu Leu Leu Ala Val Ala Cys Met Pro Phe Thr Leu
100 105 110

Leu Pro Asn Leu Met Gly Thr Phe Ile Phe Gly Thr Val Ile Cys Lys
115 120 125

Ala Val Ser Tyr Leu Met Gly Val Ser Val Ser Val Ser Thr Leu Ser
130 135 140

Leu Val Ala Ile Ala Leu Glu Arg Tyr Ser Ala Ile Cys Arg Pro Leu
145 150 155 160

Gln Ala Arg Val Trp Gln Thr Arg Ser His Ala Ala Arg Val Ile Val
165 170 175

Ala Thr Trp Leu Leu Ser Gly Leu Leu Met Val Pro Tyr Pro Val Tyr
180 185 190

Thr Val Val Gln Pro Val Gly Pro Arg Val Leu Gln Cys Val His Arg
195 200 205

Trp Pro Ser Ala Arg Val Arg Gln Thr Trp Ser Val Leu Leu Leu Leu
210 215 220

Leu Leu Phe Phe Ile Pro Gly Val Val Met Ala Val Ala Tyr Gly Leu
225 230 235 240

Ile Ser Arg Glu Leu Tyr Leu Gly Leu Arg Phe Asp Gly Asp Ser Asp
245 250 255

Ser Asp Ser Gln Ser Arg Val Arg Asn Gln Gly Gly Leu Pro Gly Ala
260 265 270

Val His Gln Asn Gly Arg Cys Arg Pro Glu Thr Gly Ala Val Gly Glu
275 280 285

Asp Ser Asp Gly Cys Tyr Val Gln Leu Pro Arg Ser Arg Pro Ala Leu
290 295 300

Glu Leu Thr Ala Leu Thr Ala Pro Gly Pro Gly Ser Gly Ser Arg Pro
305 310 315 320

Thr Gln Ala Lys Leu Leu Ala Lys Lys Arg Val Val Arg Met Leu Leu
325 330 335

Val Ile Val Val Leu Phe Phe Leu Cys Trp Leu Pro Val Tyr Ser Ala

340 345 350

Asn Thr Trp Arg Ala Phe Asp Gly Pro Gly Ala His Arg Ala Leu Ser

355 360 365

Gly Ala Pro Ile Ser Phe Ile His Leu Leu Ser Tyr Ala Ser Ala Cys

370 375 380

Val Asn Pro Leu Val Tyr Cys Phe Met His Arg Arg Phe Arg Gln Ala

385 390 395 400

Cys Leu Glu Thr Cys Ala Arg Cys Cys Pro Arg Pro Pro Arg Ala Arg

405 410 415

Pro Arg Ala Leu Pro Asp Glu Asp Pro Pro Thr Pro Ser Ile Ala Ser

420 425 430

Leu Ser Arg Leu Ser Tyr Thr Thr Ile Ser Thr Leu Gly Pro Gly

435 440 445

<210> 396

<211> 741

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GnT-V__Homo_sapiens__Q09328

<400> 396

Met Ala Leu Phe Thr Pro Trp Lys Leu Ser Ser Gln Lys Leu Gly Phe

1 5 10 15

Phe Leu Val Thr Phe Gly Phe Ile Trp Gly Met Met Leu Leu His Phe

20 25 30

Thr Ile Gln Gln Arg Thr Gln Pro Glu Ser Ser Ser Met Leu Arg Glu

35 40 45

Gln Ile Leu Asp Leu Ser Lys Arg Tyr Ile Lys Ala Leu Ala Glu Glu

50 55 60

Asn Arg Asn Val Val Asp Gly Pro Tyr Ala Gly Val Met Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Asp Leu Lys Lys Thr Leu Ala Val Leu Leu Asp Asn Ile Leu Gln Arg

85 90 95

Ile Gly Lys Leu Glu Ser Lys Val Asp Asn Leu Val Val Asn Gly Thr

100 105 110

Gly Thr Asn Ser Thr Asn Ser Thr Thr Ala Val Pro Ser Leu Val Ala

115 120 125

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

130 135 140

Cys Val Leu Pro Pro Met Asp Gly Tyr Pro His Cys Glu Gly Lys Ile

145 150 155 160

Lys Trp Met Lys Asp Met Trp Arg Ser Asp Pro Cys Tyr Ala Asp Tyr

165 170 175

Gly Val Asp Gly Ser Thr Cys Ser Phe Phe Ile Tyr Leu Ser Glu Val

180 185 190

Glu Asn Trp Cys Pro His Leu Pro Trp Arg Ala Lys Asn Pro Tyr Glu

195 200 205

Glu Ala Asp His Asn Ser Leu Ala Glu Ile Arg Thr Asp Phe Asn Ile

210 215 220

Leu Tyr Ser Met Met Lys Lys His Glu Glu Phe Arg Trp Met Arg Leu

225 230 235 240

Arg Ile Arg Arg Met Ala Asp Ala Trp Ile Gln Ala Ile Lys Ser Leu

245 250 255

Ala Glu Lys Gln Asn Leu Glu Lys Arg Lys Arg Lys Lys Val Leu Val

260 265 270

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

275 280 285

Ala Phe Ser Gly Gly Pro Leu Gly Glu Leu Val Gln Trp Ser Asp Leu

290 295 300

Ile Thr Ser Leu Tyr Leu Leu Gly His Asp Ile Arg Ile Ser Ala Ser

305 310 315 320

Leu Ala Glu Leu Lys Glu Ile Met Lys Lys Val Val Gly Asn Arg Ser

325 330 335

Gly Cys Pro Thr Val Gly Asp Arg Ile Val Glu Leu Ile Tyr Ile Asp

340 345 350

Ile Val Gly Leu Ala Gln Phe Lys Lys Thr Leu Gly Pro Ser Trp Val

355 360 365

His Tyr Gln Cys Met Leu Arg Val Leu Asp Ser Phe Gly Thr Glu Pro

370 375 380

Glu Phe Asn His Ala Asn Tyr Ala Gln Ser Lys Gly His Lys Thr Pro

385 390 395 400

Trp Gly Lys Trp Asn Leu Asn Pro Gln Gln Phe Tyr Thr Met Phe Pro

405 410 415

His Thr Pro Asp Asn Ser Phe Leu Gly Phe Val Val Glu Gln His Leu

420 425 430

Asn Ser Ser Asp Ile His His Ile Asn Glu Ile Lys Arg Gln Asn Gln

435 440 445

Ser Leu Val Tyr Gly Lys Val Asp Ser Phe Trp Lys Asn Lys Lys Ile

450 455 460

Tyr Leu Asp Ile Ile His Thr Tyr Met Glu Val His Ala Thr Val Tyr

465 470 475 480

Gly Ser Ser Thr Lys Asn Ile Pro Ser Tyr Val Lys Asn His Gly Ile

485 490 495

Leu Ser Gly Arg Asp Leu Gln Phe Leu Leu Arg Glu Thr Lys Leu Phe

500 505 510

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

515 520 525

Ala Asn Gly Cys Ala Phe Leu Asn Pro Lys Phe Asn Pro Pro Lys Ser

530 535 540

Ser Lys Asn Thr Asp Phe Phe Ile Gly Lys Pro Thr Leu Arg Glu Leu

545 550 555 560

Thr Ser Gln His Pro Tyr Ala Glu Val Phe Ile Gly Arg Pro His Val

565 570 575

Trp Thr Val Asp Leu Asn Asn Gln Glu Glu Val Glu Asp Ala Val Lys

580 585 590

Ala Ile Leu Asn Gln Lys Ile Glu Pro Tyr Met Pro Tyr Glu Phe Thr
595 600 605
Cys Glu Gly Met Leu Gln Arg Ile Asn Ala Phe Ile Glu Lys Gln Asp

610 615 620
Phe Cys His Gly Gln Val Met Trp Pro Pro Leu Ser Ala Leu Gln Val
625 630 635 640
Lys Leu Ala Glu Pro Gly Gln Ser Cys Lys Gln Val Cys Gln Glu Ser
645 650 655
Gln Leu Ile Cys Glu Pro Ser Phe Phe Gln His Leu Asn Lys Asp Lys
660 665 670
Asp Met Leu Lys Tyr Lys Val Thr Cys Gln Ser Ser Glu Leu Ala Lys

675 680 685
Asp Ile Leu Val Pro Ser Phe Asp Pro Lys Asn Lys His Cys Val Phe
690 695 700
Gln Gly Asp Leu Leu Leu Phe Ser Cys Ala Gly Ala His Pro Arg His
705 710 715 720
Gln Arg Val Cys Pro Cys Arg Asp Phe Ile Lys Gly Gln Val Ala Leu
725 730 735
Cys Lys Asp Cys Leu
740

<210> 397

<211> 580
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> GPC3__Homo_sapiens__I6QTG3
<400> 397
Met Ala Gly Thr Val Arg Thr Ala Cys Leu Val Val Ala Met Leu Leu
1 5 10 15
Ser Leu Asp Phe Pro Gly Gln Ala Gln Pro Pro Pro Pro Pro Pro Asp
20 25 30
Ala Thr Cys His Gln Val Arg Ser Phe Phe Gln Arg Leu Gln Pro Gly
35 40 45

Leu Lys Trp Val Pro Glu Thr Pro Val Pro Gly Ser Asp Leu Gln Val

50 55 60

Cys Leu Pro Lys Gly Pro Thr Cys Cys Ser Arg Lys Met Glu Glu Lys

65 70 75 80

Tyr Gln Leu Thr Ala Arg Leu Asn Met Glu Gln Leu Leu Gln Ser Ala

85 90 95

Ser Met Glu Leu Lys Phe Leu Ile Ile Gln Asn Ala Ala Val Phe Gln

100 105 110

Glu Ala Phe Glu Ile Val Val Arg His Ala Lys Asn Tyr Thr Asn Ala

115 120 125

Met Phe Lys Asn Asn Tyr Pro Ser Leu Thr Pro Gln Ala Phe Glu Phe

130 135 140

Val Gly Glu Phe Phe Thr Asp Val Ser Leu Tyr Ile Leu Gly Ser Asp

145 150 155 160

Ile Asn Val Asp Asp Met Val Asn Glu Leu Phe Asp Ser Leu Phe Pro

165 170 175

Val Ile Tyr Thr Gln Leu Met Asn Pro Gly Leu Pro Asp Ser Ala Leu

180 185 190

Asp Ile Asn Glu Cys Leu Arg Gly Ala Arg Arg Asp Leu Lys Val Phe

195 200 205

Gly Asn Phe Pro Lys Leu Ile Met Thr Gln Val Ser Lys Ser Leu Gln

210 215 220

Val Thr Arg Ile Phe Leu Gln Ala Leu Asn Leu Gly Ile Glu Val Ile

225 230 235 240

Asn Thr Thr Asp His Leu Lys Phe Ser Lys Asp Cys Gly Arg Met Leu

245 250 255

Thr Arg Met Trp Tyr Cys Ser Tyr Cys Gln Gly Leu Met Met Val Lys

260 265 270

Pro Cys Gly Gly Tyr Cys Asn Val Val Met Gln Gly Cys Met Ala Gly

275 280 285

Val Val Glu Ile Asp Lys Tyr Trp Arg Glu Tyr Ile Leu Ser Leu Glu

290 295 300

Glu Leu Val Asn Gly Met Tyr Arg Ile Tyr Asp Met Glu Asn Val Leu

305 310 315 320

Leu Gly Leu Phe Ser Thr Ile His Asp Ser Ile Gln Tyr Val Gln Lys

325 330 335

Asn Ala Gly Lys Leu Thr Thr Thr Ile Gly Lys Leu Cys Ala His Ser

340 345 350

Gln Gln Arg Gln Tyr Arg Ser Ala Tyr Tyr Pro Glu Asp Leu Phe Ile

355 360 365

Asp Lys Lys Val Leu Lys Val Ala His Val Glu His Glu Glu Thr Leu

370 375 380

Ser Ser Arg Arg Arg Glu Leu Ile Gln Lys Leu Lys Ser Phe Ile Ser

385 390 395 400

Phe Tyr Ser Ala Leu Pro Gly Tyr Ile Cys Ser His Ser Pro Val Ala

405 410 415

Glu Asn Asp Thr Leu Cys Trp Asn Gly Gln Glu Leu Val Glu Arg Tyr

420 425 430

Ser Gln Lys Ala Ala Arg Asn Gly Met Lys Asn Gln Phe Asn Leu His

435 440 445

Glu Leu Lys Met Lys Gly Pro Glu Pro Val Val Ser Gln Ile Ile Asp

450 455 460

Lys Leu Lys His Ile Asn Gln Leu Leu Arg Thr Met Ser Met Pro Lys

465 470 475 480

Gly Arg Val Leu Asp Lys Asn Leu Asp Glu Glu Gly Phe Glu Ser Gly

485 490 495

Asp Cys Gly Asp Asp Glu Asp Glu Cys Ile Gly Gly Ser Gly Asp Gly

500 505 510

Met Ile Lys Val Lys Asn Gln Leu Arg Phe Leu Ala Glu Leu Ala Tyr

515 520 525

Asp Leu Asp Val Asp Asp Ala Pro Gly Asn Ser Gln Gln Ala Thr Pro

530 535 540

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

565 570 575
Phe Leu Val His
580

<210> 398
<211> 580
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> GPC3__Homo_sapiens__P51654
<400> 398
Met Ala Gly Thr Val Arg Thr Ala Cys Leu Val Val Ala Met Leu Leu
1 5 10 15
Ser Leu Asp Phe Pro Gly Gln Ala Gln Pro Pro Pro Pro Pro Pro Asp
20 25 30
Ala Thr Cys His Gln Val Arg Ser Phe Phe Gln Arg Leu Gln Pro Gly

35 40 45
Leu Lys Trp Val Pro Glu Thr Pro Val Pro Gly Ser Asp Leu Gln Val
50 55 60
Cys Leu Pro Lys Gly Pro Thr Cys Cys Ser Arg Lys Met Glu Glu Lys
65 70 75 80
Tyr Gln Leu Thr Ala Arg Leu Asn Met Glu Gln Leu Leu Gln Ser Ala
85 90 95
Ser Met Glu Leu Lys Phe Leu Ile Ile Gln Asn Ala Ala Val Phe Gln

100 105 110
Glu Ala Phe Glu Ile Val Val Arg His Ala Lys Asn Tyr Thr Asn Ala
115 120 125
Met Phe Lys Asn Asn Tyr Pro Ser Leu Thr Pro Gln Ala Phe Glu Phe
130 135 140
Val Gly Glu Phe Phe Thr Asp Val Ser Leu Tyr Ile Leu Gly Ser Asp
145 150 155 160

Ile Asn Val Asp Asp Met Val Asn Glu Leu Phe Asp Ser Leu Phe Pro

165 170 175

Val Ile Tyr Thr Gln Leu Met Asn Pro Gly Leu Pro Asp Ser Ala Leu

180 185 190

Asp Ile Asn Glu Cys Leu Arg Gly Ala Arg Arg Asp Leu Lys Val Phe

195 200 205

Gly Asn Phe Pro Lys Leu Ile Met Thr Gln Val Ser Lys Ser Leu Gln

210 215 220

Val Thr Arg Ile Phe Leu Gln Ala Leu Asn Leu Gly Ile Glu Val Ile

225 230 235 240

Asn Thr Thr Asp His Leu Lys Phe Ser Lys Asp Cys Gly Arg Met Leu

245 250 255

Thr Arg Met Trp Tyr Cys Ser Tyr Cys Gln Gly Leu Met Met Val Lys

260 265 270

Pro Cys Gly Gly Tyr Cys Asn Val Val Met Gln Gly Cys Met Ala Gly

275 280 285

Val Val Glu Ile Asp Lys Tyr Trp Arg Glu Tyr Ile Leu Ser Leu Glu

290 295 300

Glu Leu Val Asn Gly Met Tyr Arg Ile Tyr Asp Met Glu Asn Val Leu

305 310 315 320

Leu Gly Leu Phe Ser Thr Ile His Asp Ser Ile Gln Tyr Val Gln Lys

325 330 335

Asn Ala Gly Lys Leu Thr Thr Thr Ile Gly Lys Leu Cys Ala His Ser

340 345 350

Gln Gln Arg Gln Tyr Arg Ser Ala Tyr Tyr Pro Glu Asp Leu Phe Ile

355 360 365

Asp Lys Lys Val Leu Lys Val Ala His Val Glu His Glu Glu Thr Leu

370 375 380

Ser Ser Arg Arg Arg Glu Leu Ile Gln Lys Leu Lys Ser Phe Ile Ser

385 390 395 400

Phe Tyr Ser Ala Leu Pro Gly Tyr Ile Cys Ser His Ser Pro Val Ala

405 410 415

Glu Asn Asp Thr Leu Cys Trp Asn Gly Gln Glu Leu Val Glu Arg Tyr

420 425 430

Ser Gln Lys Ala Ala Arg Asn Gly Met Lys Asn Gln Phe Asn Leu His

435 440 445

Glu Leu Lys Met Lys Gly Pro Glu Pro Val Val Ser Gln Ile Ile Asp

450 455 460

Lys Leu Lys His Ile Asn Gln Leu Leu Arg Thr Met Ser Met Pro Lys

465 470 475 480

Gly Arg Val Leu Asp Lys Asn Leu Asp Glu Glu Gly Phe Glu Ser Gly

485 490 495

Asp Cys Gly Asp Asp Glu Asp Glu Cys Ile Gly Gly Ser Gly Asp Gly

500 505 510

Met Ile Lys Val Lys Asn Gln Leu Arg Phe Leu Ala Glu Leu Ala Tyr

515 520 525

Asp Leu Asp Val Asp Asp Ala Pro Gly Asn Ser Gln Gln Ala Thr Pro

530 535 540

Lys Asp Asn Glu Ile Ser Thr Phe His Asn Leu Gly Asn Val His Ser

545 550 555 560

Pro Leu Lys Leu Leu Thr Ser Met Ala Ile Ser Val Val Cys Phe Phe

565 570 575

Phe Leu Val His

580

<210> 399

<211> 580

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GPC3__Homo_sapiens__Q8IYG2

<400> 399

Met Ala Gly Thr Val Arg Thr Ala Cys Leu Val Val Ala Met Leu Leu

1 5 10 15

Ser Leu Asp Phe Pro Gly Gln Ala Gln Pro Pro Pro Pro Pro Pro Asp

20 25 30

Ala Thr Cys His Gln Val Arg Ser Phe Phe Gln Arg Leu Gln Pro Gly

35 40 45

Leu Lys Trp Val Pro Glu Thr Pro Val Pro Gly Ser Asp Leu Gln Val

50 55 60

Cys Leu Pro Lys Gly Pro Thr Cys Cys Ser Arg Lys Met Glu Glu Lys

65 70 75 80

Tyr Gln Leu Thr Ala Arg Leu Asn Met Glu Gln Leu Leu Gln Ser Ala

85 90 95

Ser Met Glu Leu Lys Phe Leu Ile Ile Gln Asn Ala Ala Val Phe Gln

100 105 110

Glu Ala Phe Glu Ile Val Val Arg His Ala Lys Asn Tyr Thr Asn Ala

115 120 125

Met Phe Lys Asn Asn Tyr Pro Ser Leu Thr Pro Gln Ala Phe Glu Phe

130 135 140

Val Gly Glu Phe Phe Thr Asp Val Ser Leu Tyr Ile Leu Gly Ser Asp

145 150 155 160

Ile Asn Val Asp Asp Met Val Asn Glu Leu Phe Asp Ser Leu Phe Pro

165 170 175

Val Ile Tyr Thr Gln Leu Met Asn Pro Gly Leu Pro Asp Ser Ala Leu

180 185 190

Asp Ile Asn Glu Cys Leu Arg Gly Ala Arg Arg Asp Leu Lys Val Phe

195 200 205

Gly Asn Phe Pro Lys Leu Ile Met Thr Gln Val Ser Lys Ser Leu Gln

210 215 220

Val Thr Arg Ile Phe Leu Gln Ala Leu Asn Leu Gly Ile Glu Val Ile

225 230 235 240

Asn Thr Thr Asp His Leu Lys Phe Ser Lys Asp Cys Gly Arg Met Leu

245 250 255

Thr Arg Met Trp Tyr Cys Ser Tyr Cys Gln Gly Leu Met Met Val Lys

260 265 270

Pro Cys Gly Gly Tyr Cys Asn Val Val Met Gln Gly Cys Met Ala Gly

275 280 285

Val Val Glu Ile Asp Lys Tyr Trp Arg Glu Tyr Ile Leu Ser Leu Glu

290 295 300

Glu Leu Val Asn Gly Met Tyr Arg Ile Tyr Asp Met Glu Asn Val Leu

305 310 315 320

Leu Gly Leu Phe Ser Thr Ile His Asp Ser Ile Gln Tyr Val Gln Lys

325 330 335

Asn Ala Gly Lys Leu Thr Thr Thr Ile Gly Lys Leu Cys Ala His Ser

340 345 350

Gln Gln Arg Gln Tyr Arg Phe Ala Tyr Tyr Pro Glu Asp Leu Phe Ile

355 360 365

Asp Lys Lys Val Leu Lys Val Ala His Val Glu His Glu Glu Thr Leu

370 375 380

Ser Ser Arg Arg Arg Glu Leu Ile Gln Lys Leu Lys Ser Phe Ile Ser

385 390 395 400

Phe Tyr Ser Ala Leu Pro Gly Tyr Ile Cys Ser His Ser Pro Val Ala

405 410 415

Glu Asn Asp Thr Leu Cys Trp Asn Gly Gln Glu Leu Val Glu Arg Tyr

420 425 430

Ser Gln Lys Ala Ala Arg Asn Gly Met Lys Asn Gln Phe Asn Leu His

435 440 445

Glu Leu Lys Met Lys Gly Pro Glu Pro Val Val Ser Gln Ile Ile Asp

450 455 460

Lys Leu Lys His Ile Asn Gln Leu Leu Arg Thr Met Ser Met Pro Lys

465 470 475 480

Gly Arg Val Leu Asp Lys Asn Leu Asp Glu Glu Gly Phe Glu Ser Gly

485 490 495

Asp Cys Gly Asp Asp Glu Asp Glu Cys Ile Gly Gly Ser Gly Asp Gly

500 505 510

Met Ile Lys Val Lys Asn Gln Leu Arg Phe Leu Ala Glu Leu Ala Tyr

515 520 525

Asp Leu Asp Val Asp Asp Ala Pro Gly Asn Ser Gln Gln Ala Thr Pro

530 535 540

Lys Asp Asn Glu Ile Ser Thr Phe His Asn Leu Gly Asn Val His Ser

545 550 555 560

Pro Leu Lys Leu Leu Thr Ser Met Ala Ile Ser Val Val Cys Phe Phe

565 570 575

Phe Leu Val His

580

<210> 400

<211> 560

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GPNMB/m__Homo_sapiens__A0A024RA55

<400> 400

Met Glu Cys Leu Tyr Tyr Phe Leu Gly Phe Leu Leu Leu Ala Ala Arg

1 5 10 15

Leu Pro Leu Asp Ala Ala Lys Arg Phe His Asp Val Leu Gly Asn Glu

20 25 30

Arg Pro Ser Ala Tyr Met Arg Glu His Asn Gln Leu Asn Gly Trp Ser

35 40 45

Ser Asp Glu Asn Asp Trp Asn Glu Lys Leu Tyr Pro Val Trp Lys Arg

50 55 60

Gly Asp Met Arg Trp Lys Asn Ser Trp Lys Gly Gly Arg Val Gln Ala

65 70 75 80

Val Leu Thr Ser Asp Ser Pro Ala Leu Val Gly Ser Asn Ile Thr Phe

85 90 95

Ala Val Asn Leu Ile Phe Pro Arg Cys Gln Lys Glu Asp Ala Asn Gly

100 105 110

Asn Ile Val Tyr Glu Lys Asn Cys Arg Asn Glu Ala Gly Leu Ser Ala

115 120 125

Asp Pro Tyr Val Tyr Asn Trp Thr Ala Trp Ser Glu Asp Ser Asp Gly

130 135 140

Glu Asn Gly Thr Gly Gln Ser His His Asn Val Phe Pro Asp Gly Lys

145 150 155 160

Pro Phe Pro His His Pro Gly Trp Arg Arg Trp Asn Phe Ile Tyr Val

165 170 175

Phe His Thr Leu Gly Gln Tyr Phe Gln Lys Leu Gly Arg Cys Ser Val

180 185 190

Arg Val Ser Val Asn Thr Ala Asn Val Thr Leu Gly Pro Gln Leu Met

195 200 205

Glu Val Thr Val Tyr Arg Arg His Gly Arg Ala Tyr Val Pro Ile Ala

210 215 220

Gln Val Lys Asp Val Tyr Val Val Thr Asp Gln Ile Pro Val Phe Val

225 230 235 240

Thr Met Phe Gln Lys Asn Asp Arg Asn Ser Ser Asp Glu Thr Phe Leu

245 250 255

Lys Asp Leu Pro Ile Met Phe Asp Val Leu Ile His Asp Pro Ser His

260 265 270

Phe Leu Asn Tyr Ser Thr Ile Asn Tyr Lys Trp Ser Phe Gly Asp Asn

275 280 285

Thr Gly Leu Phe Val Ser Thr Asn His Thr Val Asn His Thr Tyr Val

290 295 300

Leu Asn Gly Thr Phe Ser Leu Asn Leu Thr Val Lys Ala Ala Ala Pro

305 310 315 320

Gly Pro Cys Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Arg Pro Ser Lys Pro Thr

325 330 335

Pro Ser Leu Gly Pro Ala Gly Asp Asn Pro Leu Glu Leu Ser Arg Ile

340 345 350

Pro Asp Glu Asn Cys Gln Ile Asn Arg Tyr Gly His Phe Gln Ala Thr

355 360 365

Ile Thr Ile Val Glu Gly Ile Leu Glu Val Asn Ile Ile Gln Met Thr

370 375 380

Asp Val Leu Met Pro Val Pro Trp Pro Glu Ser Ser Leu Ile Asp Phe

385 390 395 400

Val Val Thr Cys Gln Gly Ser Ile Pro Thr Glu Val Cys Thr Ile Ile

405 410 415

Ser Asp Pro Thr Cys Glu Ile Thr Gln Asn Thr Val Cys Ser Pro Val

420 425 430

Asp Val Asp Glu Met Cys Leu Leu Thr Val Arg Arg Thr Phe Asn Gly

435 440 445

Ser Gly Thr Tyr Cys Val Asn Leu Thr Leu Gly Asp Asp Thr Ser Leu

450 455 460

Ala Leu Thr Ser Thr Leu Ile Ser Val Pro Asp Arg Asp Pro Ala Ser

465 470 475 480

Pro Leu Arg Met Ala Asn Ser Ala Leu Ile Ser Val Gly Cys Leu Ala

485 490 495

Ile Phe Val Thr Val Ile Ser Leu Leu Val Tyr Lys Lys His Lys Glu

500 505 510

Tyr Asn Pro Ile Glu Asn Ser Pro Gly Asn Val Val Arg Ser Lys Gly

515 520 525

Leu Ser Val Phe Leu Asn Arg Ala Lys Ala Val Phe Phe Pro Gly Asn

530 535 540

Gln Glu Lys Asp Pro Leu Leu Lys Asn Gln Glu Phe Lys Gly Val Ser

545 550 555 560

<210> 401

<211> 572

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GPNMB/m__Homo_sapiens__Q14956

<400> 401

Met Glu Cys Leu Tyr Tyr Phe Leu Gly Phe Leu Leu Leu Ala Ala Arg

1 5 10 15

Leu Pro Leu Asp Ala Ala Lys Arg Phe His Asp Val Leu Gly Asn Glu
20 25 30
Arg Pro Ser Ala Tyr Met Arg Glu His Asn Gln Leu Asn Gly Trp Ser
35 40 45
Ser Asp Glu Asn Asp Trp Asn Glu Lys Leu Tyr Pro Val Trp Lys Arg
50 55 60
Gly Asp Met Arg Trp Lys Asn Ser Trp Lys Gly Gly Arg Val Gln Ala

65 70 75 80
Val Leu Thr Ser Asp Ser Pro Ala Leu Val Gly Ser Asn Ile Thr Phe
85 90 95
Ala Val Asn Leu Ile Phe Pro Arg Cys Gln Lys Glu Asp Ala Asn Gly
100 105 110
Asn Ile Val Tyr Glu Lys Asn Cys Arg Asn Glu Ala Gly Leu Ser Ala
115 120 125
Asp Pro Tyr Val Tyr Asn Trp Thr Ala Trp Ser Glu Asp Ser Asp Gly

130 135 140
Glu Asn Gly Thr Gly Gln Ser His His Asn Val Phe Pro Asp Gly Lys
145 150 155 160
Pro Phe Pro His His Pro Gly Trp Arg Arg Trp Asn Phe Ile Tyr Val
165 170 175
Phe His Thr Leu Gly Gln Tyr Phe Gln Lys Leu Gly Arg Cys Ser Val
180 185 190
Arg Val Ser Val Asn Thr Ala Asn Val Thr Leu Gly Pro Gln Leu Met

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

260 265 270

Phe Leu Asn Tyr Ser Thr Ile Asn Tyr Lys Trp Ser Phe Gly Asp Asn

275 280 285

Thr Gly Leu Phe Val Ser Thr Asn His Thr Val Asn His Thr Tyr Val

290 295 300

Leu Asn Gly Thr Phe Ser Leu Asn Leu Thr Val Lys Ala Ala Ala Pro

305 310 315 320

Gly Pro Cys Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Arg Pro Ser Lys Pro Thr

325 330 335

Pro Ser Leu Ala Thr Thr Leu Lys Ser Tyr Asp Ser Asn Thr Pro Gly

340 345 350

Pro Ala Gly Asp Asn Pro Leu Glu Leu Ser Arg Ile Pro Asp Glu Asn

355 360 365

Cys Gln Ile Asn Arg Tyr Gly His Phe Gln Ala Thr Ile Thr Ile Val

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Val Pro Trp Pro Glu Ser Ser Leu Ile Asp Phe Val Val Thr Cys

405 410 415

Gln Gly Ser Ile Pro Thr Glu Val Cys Thr Ile Ile Ser Asp Pro Thr

420 425 430

Cys Glu Ile Thr Gln Asn Thr Val Cys Ser Pro Val Asp Val Asp Glu

435 440 445

Met Cys Leu Leu Thr Val Arg Arg Thr Phe Asn Gly Ser Gly Thr Tyr

450 455 460

Cys Val Asn Leu Thr Leu Gly Asp Asp Thr Ser Leu Ala Leu Thr Ser

465 470 475 480

Thr Leu Ile Ser Val Pro Asp Arg Asp Pro Ala Ser Pro Leu Arg Met

485 490 495

Ala Asn Ser Ala Leu Ile Ser Val Gly Cys Leu Ala Ile Phe Val Thr

500 505 510

Val Ile Ser Leu Leu Val Tyr Lys Lys His Lys Glu Tyr Asn Pro Ile

515 520 525

Glu Asn Ser Pro Gly Asn Val Val Arg Ser Lys Gly Leu Ser Val Phe

530 535 540

Leu Asn Arg Ala Lys Ala Val Phe Phe Pro Gly Asn Gln Glu Lys Asp

545 550 555 560

Pro Leu Leu Lys Asn Gln Glu Phe Lys Gly Val Ser

565 570

<210> 402

<211> 206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GPNMB/m__Homo_sapiens__Q8IXJ5

<400> 402

Met Glu Cys Leu Tyr Tyr Phe Leu Gly Phe Leu Leu Leu Ala Ala Arg

1 5 10 15

Leu Pro Leu Asp Ala Ala Lys Arg Phe His Asp Val Leu Gly Asn Glu

20 25 30

Arg Pro Ser Ala Tyr Met Arg Glu His Asn Gln Leu Asn Gly Trp Ser

35 40 45

Ser Asp Glu Asn Asp Trp Asn Glu Lys Leu Tyr Pro Val Trp Lys Arg

50 55 60

Gly Asp Met Arg Trp Lys Asn Ser Trp Lys Gly Gly Arg Val Gln Ala

65 70 75 80

Val Leu Thr Ser Asp Ser Pro Ala Leu Val Gly Ser Asn Ile Thr Phe

85 90 95

Ala Val Asn Leu Ile Phe Pro Arg Cys Gln Lys Glu Asp Ala Asn Gly

100 105 110

Asn Ile Val Tyr Glu Lys Asn Cys Arg Asn Glu Ala Gly Leu Ser Ala

115 120 125

Asp Pro Tyr Val Tyr Asn Trp Thr Ala Trp Ser Glu Asp Ser Asp Gly

130 135 140

Glu Asn Gly Thr Gly Gln Ser His His Asn Val Phe Pro Asp Gly Lys

145 150 155 160

Pro Phe Pro His His Pro Gly Trp Arg Arg Trp Asn Phe Ile Tyr Val

165 170 175

Phe His Thr Leu Asp Trp Leu Leu Gln Thr Pro Lys Leu Leu Leu Tyr

180 185 190

Leu Ser Leu Lys Phe Gln Pro Ser Leu Phe Leu Leu Tyr Asn

195 200 205

<210> 403

<211> 206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GPNMB/m__Homo_sapiens__Q96F58

<400> 403

Met Glu Cys Leu Tyr Tyr Phe Leu Gly Phe Leu Leu Leu Ala Ala Arg

1 5 10 15

Leu Pro Leu Asp Ala Ala Lys Arg Phe His Asp Val Leu Gly Asn Glu

20 25 30

Arg Pro Ser Ala Tyr Met Arg Glu His Asn Gln Leu Asn Gly Trp Ser

35 40 45

Ser Asp Glu Asn Asp Trp Asn Glu Lys Leu Tyr Pro Val Trp Lys Arg

50 55 60

Gly Asp Met Arg Trp Lys Asn Ser Trp Lys Gly Gly Arg Val Gln Ala

65 70 75 80

Val Leu Thr Ser Asp Ser Pro Ala Leu Val Gly Ser Asn Ile Thr Phe

85 90 95

Ala Val Asn Leu Ile Phe Pro Arg Cys Gln Lys Glu Asp Ala Asn Gly

100 105 110

Asn Ile Val Tyr Glu Lys Asn Cys Arg Asn Glu Ala Gly Leu Ser Ala

115 120 125

Asp Pro Tyr Val Tyr Asn Trp Thr Ala Trp Ser Glu Asp Ser Asp Gly

130 135 140

Glu Asn Gly Thr Gly Gln Ser His His Asn Val Phe Pro Asp Gly Lys

145 150 155 160

Pro Phe Pro His His Pro Gly Trp Arg Arg Trp Asn Phe Ile Tyr Val

165 170 175

Phe His Thr Leu Gly Trp Leu Leu Gln Thr Pro Lys Leu Leu Leu Tyr

180 185 190

Leu Ser Leu Lys Phe Gln Pro Ser Leu Phe Leu Leu Tyr Asn

195 200 205

<210> 404

<211> 879

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> GRM3__Homo_sapiens__Q14832

<400> 404

Met Lys Met Leu Thr Arg Leu Gln Val Leu Thr Leu Ala Leu Phe Ser

1 5 10 15

Lys Gly Phe Leu Leu Ser Leu Gly Asp His Asn Phe Leu Arg Arg Glu

20 25 30

Ile Lys Ile Glu Gly Asp Leu Val Leu Gly Gly Leu Phe Pro Ile Asn

35 40 45

Glu Lys Gly Thr Gly Thr Glu Glu Cys Gly Arg Ile Asn Glu Asp Arg

50 55 60

Gly Ile Gln Arg Leu Glu Ala Met Leu Phe Ala Ile Asp Glu Ile Asn

65 70 75 80

Lys Asp Asp Tyr Leu Leu Pro Gly Val Lys Leu Gly Val His Ile Leu

85 90 95

Asp Thr Cys Ser Arg Asp Thr Tyr Ala Leu Glu Gln Ser Leu Glu Phe

100 105 110

Val Arg Ala Ser Leu Thr Lys Val Asp Glu Ala Glu Tyr Met Cys Pro

115 120 125

Asp Gly Ser Tyr Ala Ile Gln Glu Asn Ile Pro Leu Leu Ile Ala Gly

130 135 140

Val Ile Gly Gly Ser Tyr Ser Ser Val Ser Ile Gln Val Ala Asn Leu
145 150 155 160
Leu Arg Leu Phe Gln Ile Pro Gln Ile Ser Tyr Ala Ser Thr Ser Ala
165 170 175
Lys Leu Ser Asp Lys Ser Arg Tyr Asp Tyr Phe Ala Arg Thr Val Pro
180 185 190
Pro Asp Phe Tyr Gln Ala Lys Ala Met Ala Glu Ile Leu Arg Phe Phe
195 200 205

Asn Trp Thr Tyr Val Ser Thr Val Ala Ser Glu Gly Asp Tyr Gly Glu
210 215 220
Thr Gly Ile Glu Ala Phe Glu Gln Glu Ala Arg Leu Arg Asn Ile Cys
225 230 235 240
Ile Ala Thr Ala Glu Lys Val Gly Arg Ser Asn Ile Arg Lys Ser Tyr
245 250 255
Asp Ser Val Ile Arg Glu Leu Leu Gln Lys Pro Asn Ala Arg Val Val
260 265 270

Val Leu Phe Met Arg Ser Asp Asp Ser Arg Glu Leu Ile Ala Ala Ala
275 280 285
Ser Arg Ala Asn Ala Ser Phe Thr Trp Val Ala Ser Asp Gly Trp Gly
290 295 300
Ala Gln Glu Ser Ile Ile Lys Gly Ser Glu His Val Ala Tyr Gly Ala
305 310 315 320
Ile Thr Leu Glu Leu Ala Ser Gln Pro Val Arg Gln Phe Asp Arg Tyr
325 330 335

Phe Gln Ser Leu Asn Pro Tyr Asn Asn His Arg Asn Pro Trp Phe Arg
340 345 350
Asp Phe Trp Glu Gln Lys Phe Gln Cys Ser Leu Gln Asn Lys Arg Asn
355 360 365
His Arg Arg Val Cys Asp Lys His Leu Ala Ile Asp Ser Ser Asn Tyr
370 375 380

Glu Gln Glu Ser Lys Ile Met Phe Val Val Asn Ala Val Tyr Ala Met
385 390 395 400

Ala His Ala Leu His Lys Met Gln Arg Thr Leu Cys Pro Asn Thr Thr
405 410 415
Lys Leu Cys Asp Ala Met Lys Ile Leu Asp Gly Lys Lys Leu Tyr Lys
420 425 430
Asp Tyr Leu Leu Lys Ile Asn Phe Thr Ala Pro Phe Asn Pro Asn Lys
435 440 445
Asp Ala Asp Ser Ile Val Lys Phe Asp Thr Phe Gly Asp Gly Met Gly
450 455 460

Arg Tyr Asn Val Phe Asn Phe Gln Asn Val Gly Gly Lys Tyr Ser Tyr
465 470 475 480
Leu Lys Val Gly His Trp Ala Glu Thr Leu Ser Leu Asp Val Asn Ser
485 490 495
Ile His Trp Ser Arg Asn Ser Val Pro Thr Ser Gln Cys Ser Asp Pro
500 505 510
Cys Ala Pro Asn Glu Met Lys Asn Met Gln Pro Gly Asp Val Cys Cys
515 520 525

Trp Ile Cys Ile Pro Cys Glu Pro Tyr Glu Tyr Leu Ala Asp Glu Phe
530 535 540
Thr Cys Met Asp Cys Gly Ser Gly Gln Trp Pro Thr Ala Asp Leu Thr
545 550 555 560
Gly Cys Tyr Asp Leu Pro Glu Asp Tyr Ile Arg Trp Glu Asp Ala Trp
565 570 575
Ala Ile Gly Pro Val Thr Ile Ala Cys Leu Gly Phe Met Cys Thr Cys
580 585 590

Met Val Val Thr Val Phe Ile Lys His Asn Asn Thr Pro Leu Val Lys
595 600 605
Ala Ser Gly Arg Glu Leu Cys Tyr Ile Leu Leu Phe Gly Val Gly Leu
610 615 620
Ser Tyr Cys Met Thr Phe Phe Phe Ile Ala Lys Pro Ser Pro Val Ile

625 630 635 640

Cys Ala Leu Arg Arg Leu Gly Leu Gly Ser Ser Phe Ala Ile Cys Tyr

645 650 655

Ser Ala Leu Leu Thr Lys Thr Asn Cys Ile Ala Arg Ile Phe Asp Gly

660 665 670

Val Lys Asn Gly Ala Gln Arg Pro Lys Phe Ile Ser Pro Ser Ser Gln

675 680 685

Val Phe Ile Cys Leu Gly Leu Ile Leu Val Gln Ile Val Met Val Ser

690 695 700

Val Trp Leu Ile Leu Glu Ala Pro Gly Thr Arg Arg Tyr Thr Leu Ala

705 710 715 720

Glu Lys Arg Glu Thr Val Ile Leu Lys Cys Asn Val Lys Asp Ser Ser

725 730 735

Met Leu Ile Ser Leu Thr Tyr Asp Val Ile Leu Val Ile Leu Cys Thr

740 745 750

Val Tyr Ala Phe Lys Thr Arg Lys Cys Pro Glu Asn Phe Asn Glu Ala

755 760 765

Lys Phe Ile Gly Phe Thr Met Tyr Thr Thr Cys Ile Ile Trp Leu Ala

770 775 780

Phe Leu Pro Ile Phe Tyr Val Thr Ser Ser Asp Tyr Arg Val Gln Thr

785 790 795 800

Thr Thr Met Cys Ile Ser Val Ser Leu Ser Gly Phe Val Val Leu Gly

805 810 815

Cys Leu Phe Ala Pro Lys Val His Ile Ile Leu Phe Gln Pro Gln Lys

820 825 830

Asn Val Val Thr His Arg Leu His Leu Asn Arg Phe Ser Val Ser Gly

835 840 845

Thr Gly Thr Thr Tyr Ser Gln Ser Ser Ala Ser Thr Tyr Val Pro Thr

850 855 860

Val Cys Asn Gly Arg Glu Val Leu Asp Ser Thr Thr Ser Ser Leu

865 870 875

<210> 405

<211> 648

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HAGE__Homo_sapiens__Q9NXZ2

<400> 405

Met Ser His His Gly Gly Ala Pro Lys Ala Ser Thr Trp Val Val Ala
1 5 10 15
Ser Arg Arg Ser Ser Thr Val Ser Arg Ala Pro Glu Arg Arg Pro Ala

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

85 90 95
Thr Asn Thr Thr Ile Gln Ile Ile Gln Glu Gln Pro Glu Ser Leu Val
100 105 110
Lys Ile Phe Gly Ser Lys Ala Met Gln Thr Lys Ala Lys Ala Val Ile
115 120 125
Asp Asn Phe Val Lys Lys Leu Glu Glu Asn Tyr Asn Ser Glu Cys Gly
130 135 140
Ile Asp Thr Ala Phe Gln Pro Ser Val Gly Lys Asp Gly Ser Thr Asp

145 150 155 160
Asn Asn Val Val Ala Gly Asp Arg Pro Leu Ile Asp Trp Asp Gln Ile
165 170 175
Arg Glu Glu Gly Leu Lys Trp Gln Lys Thr Lys Trp Ala Asp Leu Pro
180 185 190
Pro Ile Lys Lys Asn Phe Tyr Lys Glu Ser Thr Ala Thr Ser Ala Met
195 200 205

Ser Lys Val Glu Ala Asp Ser Trp Arg Lys Glu Asn Phe Asn Ile Thr

210 215 220

Trp Asp Asp Leu Lys Asp Gly Glu Lys Arg Pro Ile Pro Asn Pro Thr
225 230 235 240

Cys Thr Phe Asp Asp Ala Phe Gln Cys Tyr Pro Glu Val Met Glu Asn
245 250 255

Ile Lys Lys Ala Gly Phe Gln Lys Pro Thr Pro Ile Gln Ser Gln Ala
260 265 270

Trp Pro Ile Val Leu Gln Gly Ile Asp Leu Ile Gly Val Ala Gln Thr

275 280 285

Gly Thr Gly Lys Thr Leu Cys Tyr Leu Met Pro Gly Phe Ile His Leu
290 295 300

Val Leu Gln Pro Ser Leu Lys Gly Gln Arg Asn Arg Pro Gly Met Leu
305 310 315 320

Val Leu Thr Pro Thr Arg Glu Leu Ala Leu Gln Val Glu Gly Glu Cys
325 330 335

Cys Lys Tyr Ser Tyr Lys Gly Leu Arg Ser Val Cys Val Tyr Gly Gly

340 345 350

Gly Asn Arg Asp Glu Gln Ile Glu Glu Leu Lys Lys Gly Val Asp Ile

355 360 365

Ile Ile Ala Thr Pro Gly Arg Leu Asn Asp Leu Gln Met Ser Asn Phe
370 375 380

Val Asn Leu Lys Asn Ile Thr Tyr Leu Val Leu Asp Glu Ala Asp Lys
385 390 395 400

Met Leu Asp Met Gly Phe Glu Pro Gln Ile Met Lys Ile Leu Leu Asp

405 410 415

Val Arg Pro Asp Arg Gln Thr Val Met Thr Ser Ala Thr Trp Pro His

420 425 430

Ser Val His Arg Leu Ala Gln Ser Tyr Leu Lys Glu Pro Met Ile Val

435 440 445

Tyr Val Gly Thr Leu Asp Leu Val Ala Val Ser Ser Val Lys Gln Asn

450 455 460

Ile Ile Val Thr Thr Glu Glu Glu Lys Trp Ser His Met Gln Thr Phe

465 470 475 480

Leu Gln Ser Met Ser Ser Thr Asp Lys Val Ile Val Phe Val Ser Arg

485 490 495

Lys Ala Val Ala Asp His Leu Ser Ser Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ile

500 505 510

Ser Val Glu Ser Leu His Gly Asp Arg Glu Gln Arg Asp Arg Glu Lys

515 520 525

Ala Leu Glu Asn Phe Lys Thr Gly Lys Val Arg Ile Leu Ile Ala Thr

530 535 540

Asp Leu Ala Ser Arg Gly Leu Asp Val His Asp Val Thr His Val Tyr

545 550 555 560

Asn Phe Asp Phe Pro Arg Asn Ile Glu Glu Tyr Val His Arg Ile Gly

565 570 575

Arg Thr Gly Arg Ala Gly Arg Thr Gly Val Ser Ile Thr Thr Leu Thr

580 585 590

Arg Asn Asp Trp Arg Val Ala Ser Glu Leu Ile Asn Ile Leu Glu Arg

595 600 605

Ala Asn Gln Ser Ile Pro Glu Glu Leu Val Ser Met Ala Glu Arg Phe

610 615 620

Lys Ala His Gln Gln Lys Arg Glu Met Glu Arg Lys Met Glu Arg Pro

625 630 635 640

Gln Gly Arg Pro Lys Lys Phe His

645

<210> 406

<211> 402

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hepsin__Homo_sapiens__B2ZDQ2

<400> 406

Met Ala Gln Lys Glu Gly Gly Arg Thr Val Pro Cys Cys Ser Arg Pro

1 5 10 15

Lys Val Ala Ala Leu Thr Ala Gly Thr Leu Leu Leu Leu Thr Ala Ile

20 25 30

Gly Ala Ala Ser Trp Ala Ile Val Ala Val Leu Leu Arg Ser Asp Gln

35 40 45

Glu Pro Leu Tyr Pro Val Gln Val Ser Ser Ala Asp Ala Arg Leu Met

50 55 60

Val Phe Asp Lys Thr Glu Gly Thr Trp Arg Leu Leu Cys Ser Ser Arg

65 70 75 80

Ser Asn Ala Arg Val Ala Gly Leu Ser Cys Glu Glu Met Gly Phe Leu

85 90 95

Arg Ala Leu Thr His Ser Glu Leu Asp Val Arg Thr Ala Gly Ala Asn

100 105 110

Gly Thr Ser Gly Phe Phe Cys Val Asp Glu Gly Arg Leu Pro His Thr

115 120 125

Gln Arg Leu Leu Glu Val Ile Ser Val Cys Asp Cys Pro Arg Gly Arg

130 135 140

Phe Leu Ala Ala Ile Cys Gln Asp Cys Gly Arg Arg Lys Leu Pro Val

145 150 155 160

Asp Arg Ile Val Gly Gly Arg Asp Thr Ser Leu Gly Arg Trp Pro Trp

165 170 175

Gln Val Ser Leu Arg Tyr Asp Gly Ala His Leu Cys Gly Gly Ser Leu

180 185 190

Leu Ser Gly Asp Trp Val Leu Thr Ala Ala His Cys Phe Pro Glu Arg

195 200 205

Asn Arg Val Leu Ser Arg Trp Arg Val Phe Ala Gly Ala Val Ala Gln

210 215 220

Ala Ser Pro His Gly Leu Gln Leu Gly Val Gln Ala Val Val Tyr His

225 230 235 240

Gly Gly Tyr Leu Pro Phe Arg Asp Pro Asn Ser Glu Glu Asn Ser Asn

245 250 255

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

260 265 270

Ile Gln Pro Val Cys Leu Pro Ala Ala Gly Gln Ala Leu Val Asp Gly

275 280 285

Lys Ile Cys Thr Val Thr Gly Trp Gly Asn Thr Gln Tyr Tyr Gly Gln

290 295 300

Gln Ala Gly Val Leu Gln Glu Ala Arg Val Pro Ile Ile Ser Asn Asp

305 310 315 320

Val Cys Asn Gly Ala Asp Phe Tyr Gly Asn Gln Ile Lys Pro Lys Met

325 330 335

Phe Cys Ala Gly Tyr Pro Glu Gly Gly Ile Asp Ala Cys Gln Gly Asp

340 345 350

Ser Gly Gly Pro Phe Val Cys Glu Asp Ser Ile Ser Arg Thr Pro Arg

355 360 365

Trp Arg Leu Cys Gly Ile Val Ser Trp Gly Thr Gly Cys Ala Leu Ala

370 375 380

Gln Lys Pro Gly Val Tyr Thr Lys Val Ser Asp Phe Arg Glu Trp Ile

385 390 395 400

Phe Gln

<210> 407

<211> 417

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hepsin__Homo_sapiens__P05981

<400> 407

Met Ala Gln Lys Glu Gly Gly Arg Thr Val Pro Cys Cys Ser Arg Pro

1 5 10 15

Lys Val Ala Ala Leu Thr Ala Gly Thr Leu Leu Leu Leu Thr Ala Ile

20 25 30

Gly Ala Ala Ser Trp Ala Ile Val Ala Val Leu Leu Arg Ser Asp Gln

35 40 45

Glu Pro Leu Tyr Pro Val Gln Val Ser Ser Ala Asp Ala Arg Leu Met

50 55 60

Val Phe Asp Lys Thr Glu Gly Thr Trp Arg Leu Leu Cys Ser Ser Arg

65 70 75 80

Ser Asn Ala Arg Val Ala Gly Leu Ser Cys Glu Glu Met Gly Phe Leu

85 90 95

Arg Ala Leu Thr His Ser Glu Leu Asp Val Arg Thr Ala Gly Ala Asn

100 105 110

Gly Thr Ser Gly Phe Phe Cys Val Asp Glu Gly Arg Leu Pro His Thr

115 120 125

Gln Arg Leu Leu Glu Val Ile Ser Val Cys Asp Cys Pro Arg Gly Arg

130 135 140

Phe Leu Ala Ala Ile Cys Gln Asp Cys Gly Arg Arg Lys Leu Pro Val

145 150 155 160

Asp Arg Ile Val Gly Gly Arg Asp Thr Ser Leu Gly Arg Trp Pro Trp

165 170 175

Gln Val Ser Leu Arg Tyr Asp Gly Ala His Leu Cys Gly Gly Ser Leu

180 185 190

Leu Ser Gly Asp Trp Val Leu Thr Ala Ala His Cys Phe Pro Glu Arg

195 200 205

Asn Arg Val Leu Ser Arg Trp Arg Val Phe Ala Gly Ala Val Ala Gln

210 215 220

Ala Ser Pro His Gly Leu Gln Leu Gly Val Gln Ala Val Val Tyr His

225 230 235 240

Gly Gly Tyr Leu Pro Phe Arg Asp Pro Asn Ser Glu Glu Asn Ser Asn

245 250 255

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

260 265 270

Ile Gln Pro Val Cys Leu Pro Ala Ala Gly Gln Ala Leu Val Asp Gly

275 280 285

Lys Ile Cys Thr Val Thr Gly Trp Gly Asn Thr Gln Tyr Tyr Gly Gln

290 295 300

Gln Ala Gly Val Leu Gln Glu Ala Arg Val Pro Ile Ile Ser Asn Asp

305 310 315 320

Val Cys Asn Gly Ala Asp Phe Tyr Gly Asn Gln Ile Lys Pro Lys Met

325 330 335

Phe Cys Ala Gly Tyr Pro Glu Gly Gly Ile Asp Ala Cys Gln Gly Asp

340 345 350

Ser Gly Gly Pro Phe Val Cys Glu Asp Ser Ile Ser Arg Thr Pro Arg

355 360 365

Trp Arg Leu Cys Gly Ile Val Ser Trp Gly Thr Gly Cys Ala Leu Ala

370 375 380

Gln Lys Pro Gly Val Tyr Thr Lys Val Ser Asp Phe Arg Glu Trp Ile

385 390 395 400

Phe Gln Ala Ile Lys Thr His Ser Glu Ala Ser Gly Met Val Thr Gln

405 410 415

Leu

<210> 408

<211> 979

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Her2/neu__Homo_sapiens__B4DTR1

<400> 408

Met Glu Leu Ala Ala Leu Cys Arg Trp Gly Leu Leu Leu Ala Leu Leu

1 5 10 15

Pro Pro Gly Ala Ala Ser Thr Gln Asp Asn Tyr Leu Ser Thr Asp Val

20 25 30

Gly Ser Cys Thr Leu Val Cys Pro Leu His Asn Gln Glu Val Thr Ala

35 40 45

Glu Asp Gly Thr Gln Arg Cys Glu Lys Cys Ser Lys Pro Cys Ala Arg

50 55 60

Val Cys Tyr Gly Leu Gly Met Glu His Leu Arg Glu Val Arg Ala Val
65 70 75 80
Thr Ser Ala Asn Ile Gln Glu Phe Ala Gly Cys Lys Lys Ile Phe Gly
85 90 95
Ser Leu Ala Phe Leu Pro Glu Ser Phe Asp Gly Asp Pro Ala Ser Asn
100 105 110
Thr Ala Pro Leu Gln Pro Glu Gln Leu Gln Val Phe Glu Thr Leu Glu

115 120 125
Glu Ile Thr Gly Tyr Leu Tyr Ile Ser Ala Trp Pro Asp Ser Leu Pro
130 135 140
Asp Leu Ser Val Phe Gln Asn Leu Gln Val Ile Arg Gly Arg Ile Leu
145 150 155 160
His Asn Gly Ala Tyr Ser Leu Thr Leu Gln Gly Leu Gly Ile Ser Trp
165 170 175
Leu Gly Leu Arg Ser Leu Arg Glu Leu Gly Ser Gly Leu Ala Leu Ile

180 185 190
His His Asn Thr His Leu Cys Phe Val His Thr Val Pro Trp Asp Gln
195 200 205
Leu Phe Arg Asn Pro His Gln Ala Leu Leu His Thr Ala Asn Arg Pro
210 215 220
Glu Asp Glu Cys Val Gly Glu Gly Leu Ala Cys His Gln Leu Cys Ala
225 230 235 240
Arg Gly His Cys Trp Gly Pro Gly Pro Thr Gln Cys Val Asn Cys Ser

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

305 310 315 320

Val Ala Arg Cys Pro Ser Gly Val Lys Pro Asp Leu Ser Tyr Met Pro

325 330 335

Ile Trp Lys Phe Pro Asp Glu Glu Gly Ala Cys Gln Pro Cys Pro Ile

340 345 350

Asn Cys Thr His Ser Cys Val Asp Leu Asp Asp Lys Gly Cys Pro Ala

355 360 365

Glu Gln Arg Ala Ser Pro Leu Thr Ser Ile Ile Ser Ala Val Val Gly

370 375 380

Ile Leu Leu Val Val Val Leu Gly Val Val Phe Gly Ile Leu Ile Lys

385 390 395 400

Arg Arg Gln Gln Lys Ile Arg Lys Tyr Thr Met Arg Arg Leu Leu Gln

405 410 415

Glu Thr Glu Leu Val Glu Pro Leu Thr Pro Ser Gly Ala Met Pro Asn

420 425 430

Gln Ala Gln Met Arg Ile Leu Lys Glu Thr Glu Leu Arg Lys Val Lys

435 440 445

Val Leu Gly Ser Gly Ala Phe Gly Thr Val Tyr Lys Gly Ile Trp Ile

450 455 460

Pro Asp Gly Glu Asn Val Lys Ile Pro Val Ala Ile Lys Val Leu Arg

465 470 475 480

Glu Asn Thr Ser Pro Lys Ala Asn Lys Glu Ile Leu Asp Glu Ala Tyr

485 490 495

Val Met Ala Gly Val Gly Ser Pro Tyr Val Ser Arg Leu Leu Gly Ile

500 505 510

Cys Leu Thr Ser Thr Val Gln Leu Val Thr Gln Leu Met Pro Tyr Gly

515 520 525

Cys Leu Leu Asp His Val Arg Glu Asn Arg Gly Arg Leu Gly Ser Gln

530 535 540

Asp Leu Leu Asn Trp Cys Met Gln Ile Ala Lys Gly Met Ser Tyr Leu

545 550 555 560

Glu Asp Val Arg Leu Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu

565 570 575

Val Lys Ser Pro Asn His Val Lys Ile Thr Asp Phe Gly Leu Ala Arg

580 585 590

Leu Leu Asp Ile Asp Glu Thr Glu Tyr His Ala Asp Gly Gly Lys Val

595 600 605

Pro Ile Lys Trp Met Ala Leu Glu Ser Ile Leu Arg Arg Arg Phe Thr

610 615 620

His Gln Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Val Thr Val Trp Glu Leu Met

625 630 635 640

Thr Phe Gly Ala Lys Pro Tyr Asp Gly Ile Pro Ala Arg Glu Ile Pro

645 650 655

Asp Leu Leu Glu Lys Gly Glu Arg Leu Pro Gln Pro Pro Ile Cys Thr

660 665 670

Ile Asp Val Tyr Met Ile Met Val Lys Cys Trp Met Ile Asp Ser Glu

675 680 685

Cys Arg Pro Arg Phe Arg Glu Leu Val Ser Glu Phe Ser Arg Met Ala

690 695 700

Arg Asp Pro Gln Arg Phe Val Val Ile Gln Asn Glu Asp Leu Gly Pro

705 710 715 720

Ala Ser Pro Leu Asp Ser Thr Phe Tyr Arg Ser Leu Leu Glu Asp Asp

725 730 735

Asp Met Gly Asp Leu Val Asp Ala Glu Glu Tyr Leu Val Pro Gln Gln

740 745 750

Gly Phe Phe Cys Pro Asp Pro Ala Pro Gly Ala Gly Gly Met Val His

755 760 765

His Arg His Arg Ser Ser Ser Thr Arg Ser Gly Gly Gly Asp Leu Thr

770 775 780

Leu Gly Leu Glu Pro Ser Glu Glu Glu Ala Pro Arg Ser Pro Leu Ala

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ala Gly Ser Asp Val Phe Asp Gly Asp Leu Gly Met

805 810 815

Gly Ala Ala Lys Gly Leu Gln Ser Leu Pro Thr His Asp Pro Ser Pro

820 825 830

Leu Gln Arg Tyr Ser Glu Asp Pro Thr Val Pro Leu Pro Ser Glu Thr

835 840 845

Asp Gly Tyr Val Ala Pro Leu Thr Cys Ser Pro Gln Pro Glu Tyr Val

850 855 860

Asn Gln Pro Asp Val Arg Pro Gln Pro Pro Ser Pro Arg Glu Gly Pro

865 870 875 880

Leu Pro Ala Ala Arg Pro Ala Gly Ala Thr Leu Glu Arg Pro Lys Thr

885 890 895

Leu Ser Pro Gly Lys Asn Gly Val Val Lys Asp Val Phe Ala Phe Gly

900 905 910

Gly Ala Val Glu Asn Pro Glu Tyr Leu Thr Pro Gln Gly Gly Ala Ala

915 920 925

Pro Gln Pro His Pro Pro Pro Ala Phe Ser Pro Ala Phe Asp Asn Leu

930 935 940

Tyr Tyr Trp Asp Gln Asp Pro Pro Glu Arg Gly Ala Pro Pro Ser Thr

945 950 955 960

Phe Lys Gly Thr Pro Thr Ala Glu Asn Pro Glu Tyr Leu Gly Leu Asp

965 970 975

Val Pro Val

<210> 409

<211> 87

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Her2/neu__Homo_sapiens__L8E8G2

<400> 409

Met Met Arg Met Lys Thr Phe Val Met Ile His Phe His Leu Met Asn

1 5 10 15

Gly Gly Lys Ala Lys Leu Tyr Ser Arg Pro His Ala Lys Leu Leu Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gln Thr Gln Cys Ser Thr Glu Thr Gln Thr Leu Ala Ala Met Pro Ala

50 55 60

Gln Ala Val Met Arg Val Thr Cys Thr Val Val Asp Met His Lys Ser

65 70 75 80

Glu Cys Ala Pro Ala Gln Thr

85

<210> 410

<211> 1255

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Her2/neu__Homo_sapiens__P04626

<400> 410

Met Glu Leu Ala Ala Leu Cys Arg Trp Gly Leu Leu Leu Ala Leu Leu

1 5 10 15

Pro Pro Gly Ala Ala Ser Thr Gln Val Cys Thr Gly Thr Asp Met Lys

20 25 30

Leu Arg Leu Pro Ala Ser Pro Glu Thr His Leu Asp Met Leu Arg His

35 40 45

Leu Tyr Gln Gly Cys Gln Val Val Gln Gly Asn Leu Glu Leu Thr Tyr

50 55 60

Leu Pro Thr Asn Ala Ser Leu Ser Phe Leu Gln Asp Ile Gln Glu Val

65 70 75 80

Gln Gly Tyr Val Leu Ile Ala His Asn Gln Val Arg Gln Val Pro Leu

85 90 95

Gln Arg Leu Arg Ile Val Arg Gly Thr Gln Leu Phe Glu Asp Asn Tyr

100 105 110

Ala Leu Ala Val Leu Asp Asn Gly Asp Pro Leu Asn Asn Thr Thr Pro

115 120 125

Val Thr Gly Ala Ser Pro Gly Gly Leu Arg Glu Leu Gln Leu Arg Ser

130 135 140

Leu Thr Glu Ile Leu Lys Gly Gly Val Leu Ile Gln Arg Asn Pro Gln
145 150 155 160

Leu Cys Tyr Gln Asp Thr Ile Leu Trp Lys Asp Ile Phe His Lys Asn
165 170 175

Asn Gln Leu Ala Leu Thr Leu Ile Asp Thr Asn Arg Ser Arg Ala Cys
180 185 190

His Pro Cys Ser Pro Met Cys Lys Gly Ser Arg Cys Trp Gly Glu Ser
195 200 205

Ser Glu Asp Cys Gln Ser Leu Thr Arg Thr Val Cys Ala Gly Gly Cys
210 215 220

Ala Arg Cys Lys Gly Pro Leu Pro Thr Asp Cys Cys His Glu Gln Cys
225 230 235 240

Ala Ala Gly Cys Thr Gly Pro Lys His Ser Asp Cys Leu Ala Cys Leu
245 250 255

His Phe Asn His Ser Gly Ile Cys Glu Leu His Cys Pro Ala Leu Val
260 265 270

Thr Tyr Asn Thr Asp Thr Phe Glu Ser Met Pro Asn Pro Glu Gly Arg
275 280 285

Tyr Thr Phe Gly Ala Ser Cys Val Thr Ala Cys Pro Tyr Asn Tyr Leu
290 295 300

Ser Thr Asp Val Gly Ser Cys Thr Leu Val Cys Pro Leu His Asn Gln
305 310 315 320

Glu Val Thr Ala Glu Asp Gly Thr Gln Arg Cys Glu Lys Cys Ser Lys
325 330 335

Pro Cys Ala Arg Val Cys Tyr Gly Leu Gly Met Glu His Leu Arg Glu
340 345 350

Val Arg Ala Val Thr Ser Ala Asn Ile Gln Glu Phe Ala Gly Cys Lys
355 360 365

Lys Ile Phe Gly Ser Leu Ala Phe Leu Pro Glu Ser Phe Asp Gly Asp
370 375 380

Pro Ala Ser Asn Thr Ala Pro Leu Gln Pro Glu Gln Leu Gln Val Phe
385 390 395 400
Glu Thr Leu Glu Glu Ile Thr Gly Tyr Leu Tyr Ile Ser Ala Trp Pro
405 410 415
Asp Ser Leu Pro Asp Leu Ser Val Phe Gln Asn Leu Gln Val Ile Arg
420 425 430

Gly Arg Ile Leu His Asn Gly Ala Tyr Ser Leu Thr Leu Gln Gly Leu
435 440 445
Gly Ile Ser Trp Leu Gly Leu Arg Ser Leu Arg Glu Leu Gly Ser Gly
450 455 460
Leu Ala Leu Ile His His Asn Thr His Leu Cys Phe Val His Thr Val
465 470 475 480
Pro Trp Asp Gln Leu Phe Arg Asn Pro His Gln Ala Leu Leu His Thr
485 490 495

Ala Asn Arg Pro Glu Asp Glu Cys Val Gly Glu Gly Leu Ala Cys His
500 505 510
Gln Leu Cys Ala Arg Gly His Cys Trp Gly Pro Gly Pro Thr Gln Cys
515 520 525
Val Asn Cys Ser Gln Phe Leu Arg Gly Gln Glu Cys Val Glu Glu Cys
530 535 540
Arg Val Leu Gln Gly Leu Pro Arg Glu Tyr Val Asn Ala Arg His Cys
545 550 555 560

Leu Pro Cys His Pro Glu Cys Gln Pro Gln Asn Gly Ser Val Thr Cys
565 570 575
Phe Gly Pro Glu Ala Asp Gln Cys Val Ala Cys Ala His Tyr Lys Asp
580 585 590
Pro Pro Phe Cys Val Ala Arg Cys Pro Ser Gly Val Lys Pro Asp Leu
595 600 605
Ser Tyr Met Pro Ile Trp Lys Phe Pro Asp Glu Glu Gly Ala Cys Gln
610 615 620

Pro Cys Pro Ile Asn Cys Thr His Ser Cys Val Asp Leu Asp Asp Lys

625 630 635 640

Gly Cys Pro Ala Glu Gln Arg Ala Ser Pro Leu Thr Ser Ile Ile Ser

645 650 655

Ala Val Val Gly Ile Leu Leu Val Val Val Leu Gly Val Val Phe Gly

660 665 670

Ile Leu Ile Lys Arg Arg Gln Gln Lys Ile Arg Lys Tyr Thr Met Arg

675 680 685

Arg Leu Leu Gln Glu Thr Glu Leu Val Glu Pro Leu Thr Pro Ser Gly

690 695 700

Ala Met Pro Asn Gln Ala Gln Met Arg Ile Leu Lys Glu Thr Glu Leu

705 710 715 720

Arg Lys Val Lys Val Leu Gly Ser Gly Ala Phe Gly Thr Val Tyr Lys

725 730 735

Gly Ile Trp Ile Pro Asp Gly Glu Asn Val Lys Ile Pro Val Ala Ile

740 745 750

Lys Val Leu Arg Glu Asn Thr Ser Pro Lys Ala Asn Lys Glu Ile Leu

755 760 765

Asp Glu Ala Tyr Val Met Ala Gly Val Gly Ser Pro Tyr Val Ser Arg

770 775 780

Leu Leu Gly Ile Cys Leu Thr Ser Thr Val Gln Leu Val Thr Gln Leu

785 790 795 800

Met Pro Tyr Gly Cys Leu Leu Asp His Val Arg Glu Asn Arg Gly Arg

805 810 815

Leu Gly Ser Gln Asp Leu Leu Asn Trp Cys Met Gln Ile Ala Lys Gly

820 825 830

Met Ser Tyr Leu Glu Asp Val Arg Leu Val His Arg Asp Leu Ala Ala

835 840 845

Arg Asn Val Leu Val Lys Ser Pro Asn His Val Lys Ile Thr Asp Phe

850 855 860

Gly Leu Ala Arg Leu Leu Asp Ile Asp Glu Thr Glu Tyr His Ala Asp

865 870 875 880

Gly Gly Lys Val Pro Ile Lys Trp Met Ala Leu Glu Ser Ile Leu Arg
885 890 895

Arg Arg Phe Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Val Thr Val
900 905 910

Trp Glu Leu Met Thr Phe Gly Ala Lys Pro Tyr Asp Gly Ile Pro Ala
915 920 925

Arg Glu Ile Pro Asp Leu Leu Glu Lys Gly Glu Arg Leu Pro Gln Pro
930 935 940

Pro Ile Cys Thr Ile Asp Val Tyr Met Ile Met Val Lys Cys Trp Met
945 950 955 960

Ile Asp Ser Glu Cys Arg Pro Arg Phe Arg Glu Leu Val Ser Glu Phe
965 970 975

Ser Arg Met Ala Arg Asp Pro Gln Arg Phe Val Val Ile Gln Asn Glu
980 985 990

Asp Leu Gly Pro Ala Ser Pro Leu Asp Ser Thr Phe Tyr Arg Ser Leu
995 1000 1005

Leu Glu Asp Asp Asp Met Gly Asp Leu Val Asp Ala Glu Glu Tyr
1010 1015 1020

Leu Val Pro Gln Gln Gly Phe Phe Cys Pro Asp Pro Ala Pro Gly
1025 1030 1035

Ala Gly Gly Met Val His His Arg His Arg Ser Ser Ser Thr Arg
1040 1045 1050

Ser Gly Gly Gly Asp Leu Thr Leu Gly Leu Glu Pro Ser Glu Glu
1055 1060 1065

Glu Ala Pro Arg Ser Pro Leu Ala Pro Ser Glu Gly Ala Gly Ser
1070 1075 1080

Asp Val Phe Asp Gly Asp Leu Gly Met Gly Ala Ala Lys Gly Leu
1085 1090 1095

Gln Ser Leu Pro Thr His Asp Pro Ser Pro Leu Gln Arg Tyr Ser
1100 1105 1110

Glu Asp Pro Thr Val Pro Leu Pro Ser Glu Thr Asp Gly Tyr Val

1115 1120 1125

Ala Pro Leu Thr Cys Ser Pro Gln Pro Glu Tyr Val Asn Gln Pro
1130 1135 1140
Asp Val Arg Pro Gln Pro Pro Ser Pro Arg Glu Gly Pro Leu Pro
1145 1150 1155
Ala Ala Arg Pro Ala Gly Ala Thr Leu Glu Arg Pro Lys Thr Leu
1160 1165 1170
Ser Pro Gly Lys Asn Gly Val Val Lys Asp Val Phe Ala Phe Gly
1175 1180 1185

Gly Ala Val Glu Asn Pro Glu Tyr Leu Thr Pro Gln Gly Gly Ala
1190 1195 1200
Ala Pro Gln Pro His Pro Pro Pro Ala Phe Ser Pro Ala Phe Asp
1205 1210 1215
Asn Leu Tyr Tyr Trp Asp Gln Asp Pro Pro Glu Arg Gly Ala Pro
1220 1225 1230
Pro Ser Thr Phe Lys Gly Thr Pro Thr Ala Glu Asn Pro Glu Tyr
1235 1240 1245

Leu Gly Leu Asp Val Pro Val
1250 1255

<210> 411
<211> 419
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Her2/neu__Homo_sapiens__Q9UK79
<400> 411
Met Glu Leu Ala Ala Leu Cys Arg Trp Gly Leu Leu Leu Ala Leu Leu
1 5 10 15
Pro Pro Gly Ala Ala Ser Thr Gln Val Cys Thr Gly Thr Asp Met Lys
20 25 30
Leu Arg Leu Pro Ala Ser Pro Glu Thr His Leu Asp Met Leu Arg His

35 40 45

Leu Tyr Gln Gly Cys Gln Val Val Gln Gly Asn Leu Glu Leu Thr Tyr
50 55 60
Leu Pro Thr Asn Ala Ser Leu Ser Phe Leu Gln Asp Ile Gln Glu Val
65 70 75 80
Gln Gly Tyr Val Leu Ile Ala His Asn Gln Val Arg Gln Val Pro Leu
85 90 95
Gln Arg Leu Arg Ile Val Arg Gly Thr Gln Leu Phe Glu Asp Asn Tyr

100 105 110
Ala Leu Ala Val Leu Asp Asn Gly Asp Pro Leu Asn Asn Thr Thr Pro
115 120 125
Val Thr Gly Ala Ser Pro Gly Gly Leu Arg Glu Leu Gln Leu Arg Ser
130 135 140
Leu Thr Glu Ile Leu Lys Gly Gly Val Leu Ile Gln Arg Asn Pro Gln
145 150 155 160
Leu Cys Tyr Gln Asp Thr Ile Leu Trp Lys Asp Ile Phe His Lys Asn

165 170 175
Asn Gln Leu Ala Leu Thr Leu Ile Asp Thr Asn Arg Ser Arg Ala Cys
180 185 190
His Pro Cys Ser Pro Met Cys Lys Gly Ser Arg Cys Trp Gly Glu Ser
195 200 205
Ser Glu Asp Cys Gln Ser Leu Thr Arg Thr Val Cys Ala Gly Gly Cys
210 215 220
Ala Arg Cys Lys Gly Pro Leu Pro Thr Asp Cys Cys His Glu Gln Cys

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

290 295 300

Ser Thr Asp Val Gly Ser Cys Thr Leu Val Cys Pro Leu His Asn Gln

305 310 315 320

Glu Val Thr Ala Glu Asp Gly Thr Gln Arg Cys Glu Lys Cys Ser Lys

325 330 335

Pro Cys Ala Arg Gly Thr His Ser Leu Pro Pro Arg Pro Ala Ala Val

340 345 350

Pro Val Pro Leu Arg Met Gln Pro Gly Pro Ala His Pro Val Leu Ser

355 360 365

Phe Leu Arg Pro Ser Trp Asp Leu Val Ser Ala Phe Tyr Ser Leu Pro

370 375 380

Leu Ala Pro Leu Ser Pro Thr Ser Val Pro Ile Ser Pro Val Ser Val

385 390 395 400

Gly Arg Gly Pro Asp Pro Asp Ala His Val Ala Val Asp Leu Ser Arg

405 410 415

Tyr Glu Gly

<210> 412

<211> 182

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HLA-A2/m__Homo_sapiens__Q95387

<400> 412

Gly Ser His Ser Met Arg Tyr Phe Phe Thr Ser Val Ser Arg Pro Gly

1 5 10 15

Arg Gly Glu Pro Arg Phe Ile Ala Val Gly Tyr Val Asp Asp Thr Gln

20 25 30

Phe Val Arg Phe Asp Ser Asp Ala Ala Ser Gln Arg Met Glu Pro Arg

35 40 45

Ala Pro Trp Ile Glu Gln Glu Gly Pro Glu Tyr Trp Asp Gly Glu Thr

50 55 60

Arg Lys Val Lys Ala His Ser Gln Thr His Arg Val Asp Leu Gly Thr

65 70 75 80

Leu Arg Gly Tyr Tyr Asn Gln Ser Glu Ala Gly Ser His Thr Val Gln
85 90 95
Arg Met Tyr Gly Cys Asp Val Gly Ser Asp Trp Arg Phe Leu Arg Gly
100 105 110
Tyr His Gln Tyr Ala Tyr Asp Gly Lys Asp Tyr Ile Ala Leu Lys Glu

115 120 125
Asp Leu Arg Ser Trp Thr Ala Ala Asp Met Ala Ala Gln Thr Thr Lys
130 135 140
His Lys Trp Glu Thr Ala His Val Ala Glu Gln Leu Arg Ala Tyr Leu
145 150 155 160
Glu Gly Thr Cys Val Glu Trp Leu Arg Arg Tyr Leu Glu Asn Gly Lys
165 170 175
Glu Thr Leu Gln Arg Thr
180

<210
> 413
<211> 181
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HLA-A2/m__Homo_sapiens__Q9MYF8
<400> 413
Ser His Ser Met Arg Tyr Phe Phe Thr Ser Val Ser Arg Pro Gly Arg
1 5 10 15
Gly Glu Pro Arg Phe Ile Ala Val Gly Tyr Val Asp Asp Thr Gln Phe
20 25 30
Val Arg Phe Asp Ser Asp Ala Ala Ser Gln Arg Met Glu Pro Arg Ala
35 40 45

Pro Trp Ile Glu Gln Glu Gly Pro Glu Tyr Trp Asp Gly Glu Thr Arg
50 55 60
Lys Val Lys Ala His Ser Gln Thr His Arg Val Asp Leu Gly Thr Leu
65 70 75 80
Arg Gly Tyr Tyr Asn Gln Ser Glu Ala Gly Ser His Thr Val Gln Arg
85 90 95

Met Tyr Gly Cys Asp Val Gly Ser Asp Trp Arg Phe Leu Arg Gly Tyr
100 105 110

His Gln Tyr Ala Tyr Asp Gly Lys Asp Tyr Ile Ala Leu Lys Glu Asp
115 120 125

Leu Arg Ser Trp Thr Ala Ala Asp Met Ala Ala Gln Thr Thr Lys His
130 135 140

Lys Trp Glu Ala Ala His Val Ala Glu Gln Leu Arg Ala Tyr Leu Glu
145 150 155 160

Gly Thr Cys Val Glu Trp Leu Arg Arg Tyr Leu Glu Asn Gly Lys Glu
165 170 175

Thr Leu Gln Arg Thr
180

<210> 414

<211> 234

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> homeobox_NKX3.1__Homo_sapiens__Q99801

<400> 414

Met Leu Arg Val Pro Glu Pro Arg Pro Gly Glu Ala Lys Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ala Ala Pro Pro Thr Pro Ser Lys Pro Leu Thr Ser Phe Leu Ile Gln
20 25 30

Asp Ile Leu Arg Asp Gly Ala Gln Arg Gln Gly Gly Arg Thr Ser Ser
35 40 45

Gln Arg Gln Arg Asp Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Gly
50 55 60

Gly Arg Ser Arg Ala Gly Ala Gln Asn Asp Gln Leu Ser Thr Gly Pro
65 70 75 80

Arg Ala Ala Pro Glu Glu Ala Glu Thr Leu Ala Glu Thr Glu Pro Glu
85 90 95

Arg His Leu Gly Ser Tyr Leu Leu Asp Ser Glu Asn Thr Ser Gly Ala

100 105 110

Leu Pro Arg Leu Pro Gln Thr Pro Lys Gln Pro Gln Lys Arg Ser Arg
115 120 125
Ala Ala Phe Ser His Thr Gln Val Ile Glu Leu Glu Arg Lys Phe Ser
130 135 140
His Gln Lys Tyr Leu Ser Ala Pro Glu Arg Ala His Leu Ala Lys Asn
145 150 155 160
Leu Lys Leu Thr Glu Thr Gln Val Lys Ile Trp Phe Gln Asn Arg Arg
165 170 175

Tyr Lys Thr Lys Arg Lys Gln Leu Ser Ser Glu Leu Gly Asp Leu Glu
180 185 190
Lys His Ser Ser Leu Pro Ala Leu Lys Glu Glu Ala Phe Ser Arg Ala
195 200 205
Ser Leu Val Ser Val Tyr Asn Ser Tyr Pro Tyr Tyr Pro Tyr Leu Tyr
210 215 220
Cys Val Gly Ser Trp Ser Pro Ala Phe Trp
225 230
<210> 415
<211> 313
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> HOM-TES-85__Homo_sapiens__B2RBQ6
<400> 415
Met Ala Ser Phe Arg Lys Leu Thr Leu Ser Glu Lys Val Pro Pro Asn
1 5 10 15
His Pro Ser Arg Lys Lys Val Asn Phe Leu Asp Met Ser Leu Asp Asp
20 25 30
Ile Ile Ile Tyr Lys Glu Leu Glu Gly Thr Asn Ala Glu Glu Glu Lys
35 40 45
Asn Lys Arg Gln Asn His Ser Lys Lys Glu Ser Pro Ser Arg Gln Gln

50 55 60

Ser Lys Ala His Arg His Arg His Arg Arg Asp Tyr Ser Arg Cys Arg
65 70 75 80
Ser Asn Ser Glu Glu Gly Asn His Asp Lys Lys Pro Ser Gln Lys Pro
85 90 95
Ser Gly Phe Lys Ser Gly Gln His Pro Leu Asn Gly Gln Pro Leu Ile
100 105 110
Glu Gln Glu Lys Cys Ser Asp Asn Tyr Glu Ala Gln Ala Glu Lys Asn

115 120 125
Gln Gly Gln Ser Glu Gly Asn Gln His Gln Ser Glu Gly Asn Pro Asp
130 135 140
Lys Ser Glu Glu Ser Gln Gly Gln Pro Glu Glu Asn His His Ser Glu
145 150 155 160
Arg Ser Arg Asn His Leu Glu Arg Ser Leu Ser Gln Ser Asp Arg Ser
165 170 175
Gln Gly Gln Leu Lys Arg His His Pro Gln Tyr Glu Arg Ser His Gly

180 185 190
Gln Tyr Lys Arg Ser His Gly Gln Ser Glu Arg Ser His Gly His Ser
195 200 205
Glu Arg Ser His Gly His Ser Glu Arg Ser His Gly His Ser Glu Arg
210 215 220
Ser His Gly His Ser Lys Arg Ser Arg Ser Gln Gly Asp Leu Val Asp
225 230 235 240
Thr Gln Ser Asp Leu Ile Ala Thr Gln Arg Asp Leu Ile Ala Thr Gln

245 250 255
Lys Asp Leu Ile Ala Thr Gln Arg Asp Leu Ile Ala Thr Gln Arg Asp
260 265 270
Leu Ile Val Thr Gln Arg Asp Leu Val Ala Thr Glu Arg Asp Leu Ile
275 280 285
Asn Gln Ser Gly Arg Ser His Gly Gln Ser Glu Arg His Gln Arg Tyr
290 295 300
Ser Thr Gly Lys Asn Thr Ile Thr Thr

305 310

<210> 416

<211> 313

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HOM-TES-85_Homo_sapiens_Q9P127

<400> 416

Met Ala Ser Phe Arg Lys Leu Thr Leu Ser Glu Lys Val Pro Pro Asn
1 5 10 15

His Pro Ser Arg Lys Lys Val Asn Phe Leu Asp Met Ser Leu Asp Asp
20 25 30

Ile Ile Ile Tyr Lys Glu Leu Glu Gly Thr Asn Ala Glu Glu Glu Lys
35 40 45

Asn Lys Arg Gln Asn His Ser Lys Lys Glu Ser Pro Ser Arg Gln Gln
50 55 60

Ser Lys Ala His Arg His Arg His Arg Arg Gly Tyr Ser Arg Cys Arg
65 70 75 80

Ser Asn Ser Glu Glu Gly Asn His Asp Lys Lys Pro Ser Gln Lys Pro
85 90 95

Ser Gly Phe Lys Ser Gly Gln His Pro Leu Asn Gly Gln Pro Leu Ile
100 105 110

Glu Gln Glu Lys Cys Ser Asp Asn Tyr Glu Ala Gln Ala Glu Lys Asn
115 120 125

Gln Gly Gln Ser Glu Gly Asn Gln His Gln Ser Glu Gly Asn Pro Asp
130 135 140

Lys Ser Glu Glu Ser Gln Gly Gln Pro Glu Glu Asn His His Ser Glu
145 150 155 160

Arg Ser Arg Asn His Leu Glu Arg Ser Leu Ser Gln Ser Asp Arg Ser
165 170 175

Gln Gly Gln Leu Lys Arg His His Pro Gln Tyr Glu Arg Ser His Gly
180 185 190

Gln Tyr Lys Arg Ser His Gly Gln Ser Glu Arg Ser His Gly His Ser
195 200 205
Glu Arg Ser His Gly His Ser Glu Arg Ser His Gly His Ser Glu Arg
210 215 220
Ser His Gly His Ser Lys Arg Ser Arg Ser Gln Gly Asp Leu Val Asp
225 230 235 240

Thr Gln Ser Asp Leu Ile Ala Thr Gln Arg Asp Leu Ile Ala Thr Gln
245 250 255
Lys Asp Leu Ile Ala Thr Gln Arg Asp Leu Ile Ala Thr Gln Arg Asp
260 265 270
Leu Ile Val Thr Gln Arg Asp Leu Val Ala Thr Glu Arg Asp Leu Ile
275 280 285
Asn Gln Ser Gly Arg Ser His Gly Gln Ser Glu Arg His Gln Arg Tyr
290 295 300

Ser Thr Gly Lys Asn Thr Ile Thr Thr
305 310
<210> 417
<211> 127
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HPG1__Homo_sapiens__12543784
<400> 417
Met Ile Lys Lys Asn Leu Lys Lys Leu Gly Ile Glu Glu Thr Tyr Leu
1 5 10 15
Asn Ile Ile Lys Ala Ile Tyr Asp Arg Pro Thr Ala Ser Ile Gln Lys
20 25 30
Thr Glu Asn Leu Ser Thr Lys Thr Gly Thr Ser Gln Glu Tyr His Leu

35 40 45
Ser Pro Leu Trp Phe Tyr Ile Val Leu Glu Ile Leu Ala Ser Thr Ile
50 55 60
Arg Gln Glu Lys Asn Leu Lys Asp Ile His Thr Glu Lys Glu Glu Val
65 70 75 80

Lys Leu Ser Leu Phe Ala Asp Ala Met Ile Leu Tyr Leu Lys Lys Pro
85 90 95
Asn Asp Ser Thr Arg Lys Leu Leu Glu Leu Ile Lys Lys Ile His Ser

100 105 110
Ser Cys Arg Ile Lys Ile Asn Ile His Phe Ala Phe Cys Ser Gln
115 120 125

<210> 418
<211> 641
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HS71A__Homo_sapiens__P0DMV8
<400> 418
Met Ala Lys Ala Ala Ala Ile Gly Ile Asp Leu Gly Thr Thr Tyr Ser
1 5 10 15
Cys Val Gly Val Phe Gln His Gly Lys Val Glu Ile Ile Ala Asn Asp
20 25 30

Gln Gly Asn Arg Thr Thr Pro Ser Tyr Val Ala Phe Thr Asp Thr Glu
35 40 45
Arg Leu Ile Gly Asp Ala Ala Lys Asn Gln Val Ala Leu Asn Pro Gln
50 55 60
Asn Thr Val Phe Asp Ala Lys Arg Leu Ile Gly Arg Lys Phe Gly Asp
65 70 75 80
Pro Val Val Gln Ser Asp Met Lys His Trp Pro Phe Gln Val Ile Asn
85 90 95

Asp Gly Asp Lys Pro Lys Val Gln Val Ser Tyr Lys Gly Glu Thr Lys
100 105 110
Ala Phe Tyr Pro Glu Glu Ile Ser Ser Met Val Leu Thr Lys Met Lys
115 120 125
Glu Ile Ala Glu Ala Tyr Leu Gly Tyr Pro Val Thr Asn Ala Val Ile
130 135 140
Thr Val Pro Ala Tyr Phe Asn Asp Ser Gln Arg Gln Ala Thr Lys Asp

145 150 155 160

Ala Gly Val Ile Ala Gly Leu Asn Val Leu Arg Ile Ile Asn Glu Pro
165 170 175
Thr Ala Ala Ala Ile Ala Tyr Gly Leu Asp Arg Thr Gly Lys Gly Glu
180 185 190
Arg Asn Val Leu Ile Phe Asp Leu Gly Gly Gly Thr Phe Asp Val Ser
195 200 205
Ile Leu Thr Ile Asp Asp Gly Ile Phe Glu Val Lys Ala Thr Ala Gly
210 215 220

Asp Thr His Leu Gly Gly Glu Asp Phe Asp Asn Arg Leu Val Asn His
225 230 235 240
Phe Val Glu Glu Phe Lys Arg Lys His Lys Lys Asp Ile Ser Gln Asn
245 250 255
Lys Arg Ala Val Arg Arg Leu Arg Thr Ala Cys Glu Arg Ala Lys Arg
260 265 270
Thr Leu Ser Ser Ser Thr Gln Ala Ser Leu Glu Ile Asp Ser Leu Phe
275 280 285

Glu Gly Ile Asp Phe Tyr Thr Ser Ile Thr Arg Ala Arg Phe Glu Glu
290 295 300
Leu Cys Ser Asp Leu Phe Arg Ser Thr Leu Glu Pro Val Glu Lys Ala
305 310 315 320
Leu Arg Asp Ala Lys Leu Asp Lys Ala Gln Ile His Asp Leu Val Leu
325 330 335
Val Gly Gly Ser Thr Arg Ile Pro Lys Val Gln Lys Leu Leu Gln Asp
340 345 350

Phe Phe Asn Gly Arg Asp Leu Asn Lys Ser Ile Asn Pro Asp Glu Ala
355 360 365
Val Ala Tyr Gly Ala Ala Val Gln Ala Ala Ile Leu Met Gly Asp Lys
370 375 380
Ser Glu Asn Val Gln Asp Leu Leu Leu Leu Asp Val Ala Pro Leu Ser
385 390 395 400

Leu Gly Leu Glu Thr Ala Gly Gly Val Met Thr Ala Leu Ile Lys Arg
405 410 415

Asn Ser Thr Ile Pro Thr Lys Gln Thr Gln Ile Phe Thr Thr Tyr Ser
420 425 430

Asp Asn Gln Pro Gly Val Leu Ile Gln Val Tyr Glu Gly Glu Arg Ala
435 440 445

Met Thr Lys Asp Asn Asn Leu Leu Gly Arg Phe Glu Leu Ser Gly Ile
450 455 460

Pro Pro Ala Pro Arg Gly Val Pro Gln Ile Glu Val Thr Phe Asp Ile
465 470 475 480

Asp Ala Asn Gly Ile Leu Asn Val Thr Ala Thr Asp Lys Ser Thr Gly
485 490 495

Lys Ala Asn Lys Ile Thr Ile Thr Asn Asp Lys Gly Arg Leu Ser Lys
500 505 510

Glu Glu Ile Glu Arg Met Val Gln Glu Ala Glu Lys Tyr Lys Ala Glu
515 520 525

Asp Glu Val Gln Arg Glu Arg Val Ser Ala Lys Asn Ala Leu Glu Ser
530 535 540

Tyr Ala Phe Asn Met Lys Ser Ala Val Glu Asp Glu Gly Leu Lys Gly
545 550 555 560

Lys Ile Ser Glu Ala Asp Lys Lys Lys Val Leu Asp Lys Cys Gln Glu
565 570 575

Val Ile Ser Trp Leu Asp Ala Asn Thr Leu Ala Glu Lys Asp Glu Phe
580 585 590

Glu His Lys Arg Lys Glu Leu Glu Gln Val Cys Asn Pro Ile Ile Ser
595 600 605

Gly Leu Tyr Gln Gly Ala Gly Gly Pro Gly Pro Gly Gly Phe Gly Ala
610 615 620

Gln Gly Pro Lys Gly Gly Ser Gly Ser Gly Pro Thr Ile Glu Glu Val
625 630 635 640

Asp

<210> 419

<211> 641

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HS71B__Homo_sapiens__P0DMV9

<400> 419

Met Ala Lys Ala Ala Ala Ile Gly Ile Asp Leu Gly Thr Thr Tyr Ser
1 5 10 15

Cys Val Gly Val Phe Gln His Gly Lys Val Glu Ile Ile Ala Asn Asp
20 25 30

Gln Gly Asn Arg Thr Thr Pro Ser Tyr Val Ala Phe Thr Asp Thr Glu
35 40 45

Arg Leu Ile Gly Asp Ala Ala Lys Asn Gln Val Ala Leu Asn Pro Gln
50 55 60

Asn Thr Val Phe Asp Ala Lys Arg Leu Ile Gly Arg Lys Phe Gly Asp
65 70 75 80

Pro Val Val Gln Ser Asp Met Lys His Trp Pro Phe Gln Val Ile Asn
85 90 95

Asp Gly Asp Lys Pro Lys Val Gln Val Ser Tyr Lys Gly Glu Thr Lys
100 105 110

Ala Phe Tyr Pro Glu Glu Ile Ser Ser Met Val Leu Thr Lys Met Lys
115 120 125

Glu Ile Ala Glu Ala Tyr Leu Gly Tyr Pro Val Thr Asn Ala Val Ile
130 135 140

Thr Val Pro Ala Tyr Phe Asn Asp Ser Gln Arg Gln Ala Thr Lys Asp
145 150 155 160

Ala Gly Val Ile Ala Gly Leu Asn Val Leu Arg Ile Ile Asn Glu Pro
165 170 175

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

Arg Asn Val Leu Ile Phe Asp Leu Gly Gly Gly Thr Phe Asp Val Ser

195 200 205

Ile Leu Thr Ile Asp Asp Gly Ile Phe Glu Val Lys Ala Thr Ala Gly
210 215 220
Asp Thr His Leu Gly Gly Glu Asp Phe Asp Asn Arg Leu Val Asn His
225 230 235 240
Phe Val Glu Glu Phe Lys Arg Lys His Lys Lys Asp Ile Ser Gln Asn
245 250 255
Lys Arg Ala Val Arg Arg Leu Arg Thr Ala Cys Glu Arg Ala Lys Arg
260 265 270

Thr Leu Ser Ser Ser Thr Gln Ala Ser Leu Glu Ile Asp Ser Leu Phe
275 280 285
Glu Gly Ile Asp Phe Tyr Thr Ser Ile Thr Arg Ala Arg Phe Glu Glu
290 295 300
Leu Cys Ser Asp Leu Phe Arg Ser Thr Leu Glu Pro Val Glu Lys Ala
305 310 315 320
Leu Arg Asp Ala Lys Leu Asp Lys Ala Gln Ile His Asp Leu Val Leu
325 330 335

Val Gly Gly Ser Thr Arg Ile Pro Lys Val Gln Lys Leu Leu Gln Asp
340 345 350
Phe Phe Asn Gly Arg Asp Leu Asn Lys Ser Ile Asn Pro Asp Glu Ala
355 360 365
Val Ala Tyr Gly Ala Ala Val Gln Ala Ala Ile Leu Met Gly Asp Lys
370 375 380
Ser Glu Asn Val Gln Asp Leu Leu Leu Leu Asp Val Ala Pro Leu Ser
385 390 395 400

Leu Gly Leu Glu Thr Ala Gly Gly Val Met Thr Ala Leu Ile Lys Arg
405 410 415
Asn Ser Thr Ile Pro Thr Lys Gln Thr Gln Ile Phe Thr Thr Tyr Ser
420 425 430
Asp Asn Gln Pro Gly Val Leu Ile Gln Val Tyr Glu Gly Glu Arg Ala
435 440 445

Met Thr Lys Asp Asn Asn Leu Leu Gly Arg Phe Glu Leu Ser Gly Ile
450 455 460

Pro Pro Ala Pro Arg Gly Val Pro Gln Ile Glu Val Thr Phe Asp Ile
465 470 475 480
Asp Ala Asn Gly Ile Leu Asn Val Thr Ala Thr Asp Lys Ser Thr Gly
485 490 495
Lys Ala Asn Lys Ile Thr Ile Thr Asn Asp Lys Gly Arg Leu Ser Lys
500 505 510
Glu Glu Ile Glu Arg Met Val Gln Glu Ala Glu Lys Tyr Lys Ala Glu
515 520 525

Asp Glu Val Gln Arg Glu Arg Val Ser Ala Lys Asn Ala Leu Glu Ser
530 535 540
Tyr Ala Phe Asn Met Lys Ser Ala Val Glu Asp Glu Gly Leu Lys Gly
545 550 555 560
Lys Ile Ser Glu Ala Asp Lys Lys Lys Val Leu Asp Lys Cys Gln Glu
565 570 575
Val Ile Ser Trp Leu Asp Ala Asn Thr Leu Ala Glu Lys Asp Glu Phe
580 585 590

Glu His Lys Arg Lys Glu Leu Glu Gln Val Cys Asn Pro Ile Ile Ser
595 600 605
Gly Leu Tyr Gln Gly Ala Gly Gly Pro Gly Pro Gly Gly Phe Gly Ala
610 615 620
Gln Gly Pro Lys Gly Gly Ser Gly Ser Gly Pro Thr Ile Glu Glu Val
625 630 635 640
Asp

<210> 420
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HST-2__Homo_sapiens__P10767

<400> 420

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

Leu Ala Gly Glu Ile Ala Gly Val Asn Trp Glu Ser Gly Tyr Leu Val
65 70 75 80
Gly Ile Lys Arg Gln Arg Arg Leu Tyr Cys Asn Val Gly Ile Gly Phe
85 90 95
His Leu Gln Val Leu Pro Asp Gly Arg Ile Ser Gly Thr His Glu Glu
100 105 110
Asn Pro Tyr Ser Leu Leu Glu Ile Ser Thr Val Glu Arg Gly Val Val
115 120 125

Ser Leu Phe Gly Val Arg Ser Ala Leu Phe Val Ala Met Asn Ser Lys
130 135 140
Gly Arg Leu Tyr Ala Thr Pro Ser Phe Gln Glu Glu Cys Lys Phe Arg
145 150 155 160
Glu Thr Leu Leu Pro Asn Asn Tyr Asn Ala Tyr Glu Ser Asp Leu Tyr
165 170 175
Gln Gly Thr Tyr Ile Ala Leu Ser Lys Tyr Gly Arg Val Lys Arg Gly
180 185 190

Ser Lys Val Ser Pro Ile Met Thr Val Thr His Phe Leu Pro Arg Ile
195 200 205
<210> 421
<211> 523
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> hTERT__Homo_sapiens__O94807
<400> 421

Met Pro Arg Ala Pro Arg Cys Arg Ala Val Arg Ser Leu Leu Arg Ser
1 5 10 15
His Tyr Arg Glu Val Leu Pro Leu Ala Thr Phe Val Arg Arg Leu Gly
20 25 30
Pro Gln Gly Trp Arg Leu Val Gln Arg Gly Asp Pro Ala Ala Phe Arg

35 40 45
Ala Leu Val Ala Gln Cys Leu Val Cys Val Pro Trp Asp Ala Arg Pro
50 55 60
Pro Pro Ala Ala Pro Ser Phe Arg Gln Val Ser Cys Leu Lys Glu Leu
65 70 75 80
Val Ala Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Arg Gly Ala Lys Asn Val
85 90 95
Leu Ala Phe Gly Phe Ala Leu Leu Asp Gly Ala Arg Gly Gly Pro Pro

100 105 110
Glu Ala Phe Thr Thr Ser Val Arg Ser Tyr Leu Pro Asn Thr Val Thr
115 120 125
Asp Ala Leu Arg Gly Ser Gly Ala Trp Gly Leu Leu Leu Arg Arg Val
130 135 140
Gly Asp Asp Val Leu Val His Leu Leu Ala Arg Cys Ala Leu Phe Val
145 150 155 160
Leu Val Ala Pro Ser Cys Ala Tyr Gln Val Cys Gly Pro Pro Leu Tyr

165 170 175
Gln Leu Gly Ala Ala Thr Gln Ala Arg Pro Pro Pro His Ala Ser Gly
180 185 190
Pro Arg Arg Arg Leu Gly Cys Glu Arg Ala Trp Asn His Ser Val Arg
195 200 205
Glu Ala Gly Val Pro Leu Gly Leu Pro Ala Pro Gly Ala Arg Arg Arg
210 215 220
Gly Gly Ser Ala Ser Arg Ser Leu Pro Leu Pro Lys Arg Pro Arg Arg

225 230 235 240
Gly Ala Ala Pro Glu Pro Glu Arg Thr Pro Val Gly Gln Gly Ser Trp

245 250 255

Ala His Pro Gly Arg Thr Arg Gly Pro Ser Asp Arg Gly Phe Cys Val

260 265 270

Val Ser Pro Ala Arg Pro Ala Glu Glu Ala Thr Ser Leu Glu Gly Ala

275 280 285

Leu Ser Gly Thr Arg His Ser His Pro Ser Val Gly Arg Gln His His

290 295 300

Ala Gly Pro Pro Ser Thr Ser Arg Pro Pro Arg Pro Trp Asp Thr Pro

305 310 315 320

Cys Pro Pro Val Tyr Ala Glu Thr Lys His Phe Leu Tyr Ser Ser Gly

325 330 335

Asp Lys Glu Gln Leu Arg Pro Ser Phe Leu Leu Ser Ser Leu Arg Pro

340 345 350

Ile Leu Thr Gly Ala Arg Arg Leu Val Glu Thr Ile Phe Leu Gly Ser

355 360 365

Ser Pro Gly Cys Gln Gly Leu Pro Ala Gly Cys Pro Ala Cys Pro Ser

370 375 380

Ala Thr Gly Lys Cys Gly Pro Cys Phe Trp Ser Cys Leu Gly Thr Thr

385 390 395 400

Arg Ser Ala Pro Thr Gly Cys Ser Ser Arg Arg Thr Ala Arg Cys Glu

405 410 415

Leu Arg Ser Pro Gln Gln Pro Val Ser Val Pro Gly Arg Ser Pro Arg

420 425 430

Ala Leu Trp Arg Pro Pro Arg Arg Arg Thr Gln Thr Pro Val Ala Trp

435 440 445

Cys Ser Cys Ser Ala Ser Thr Ala Pro Leu Ala Gly Val Arg Leu Arg

450 455 460

Ala Gly Leu Pro Ala Pro Ala Gly Ala Pro Arg Pro Leu Gly Leu Gln

465 470 475 480

Ala Gln Arg Arg Arg Phe Leu Arg Asn Thr Lys Lys Phe Ile Ser Leu

485 490 495

Gly Lys His Ala Lys Leu Ser Leu Gln Glu Leu Thr Trp Lys Met Ser
500 505 510

Val Arg Asp Cys Ala Trp Leu Arg Arg Ser Pro
515 520

<210> 422

<211> 559

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> iCE__Homo_sapiens__O00748

<400> 422

Met Arg Leu His Arg Leu Arg Ala Arg Leu Ser Ala Val Ala Cys Gly
1 5 10 15

Leu Leu Leu Leu Leu Val Arg Gly Gln Gly Gln Asp Ser Ala Ser Pro
20 25 30

Ile Arg Thr Thr His Thr Gly Gln Val Leu Gly Ser Leu Val His Val
35 40 45

Lys Gly Ala Asn Ala Gly Val Gln Thr Phe Leu Gly Ile Pro Phe Ala
50 55 60

Lys Pro Pro Leu Gly Pro Leu Arg Phe Ala Pro Pro Glu Pro Pro Glu
65 70 75 80

Ser Trp Ser Gly Val Arg Asp Gly Thr Thr His Pro Ala Met Cys Leu
85 90 95

Gln Asp Leu Thr Ala Val Glu Ser Glu Phe Leu Ser Gln Phe Asn Met
100 105 110

Thr Phe Pro Ser Asp Ser Met Ser Glu Asp Cys Leu Tyr Leu Ser Ile
115 120 125

Tyr Thr Pro Ala His Ser His Glu Gly Ser Asn Leu Pro Val Met Val
130 135 140

Trp Ile His Gly Gly Ala Leu Val Phe Gly Met Ala Ser Leu Tyr Asp
145 150 155 160

Gly Ser Met Leu Ala Ala Leu Glu Asn Val Val Val Val Ile Ile Gln
165 170 175

Tyr Arg Leu Gly Val Leu Gly Phe Phe Ser Thr Gly Asp Lys His Ala
180 185 190
Thr Gly Asn Trp Gly Tyr Leu Asp Gln Val Ala Ala Leu Arg Trp Val
195 200 205

Gln Gln Asn Ile Ala His Phe Gly Gly Asn Pro Asp Arg Val Thr Ile
210 215 220
Phe Gly Glu Ser Ala Gly Gly Thr Ser Val Ser Ser Leu Val Val Ser
225 230 235 240
Pro Ile Ser Gln Gly Leu Phe His Gly Ala Ile Met Glu Ser Gly Val
245 250 255
Ala Leu Leu Pro Gly Leu Ile Ala Ser Ser Ala Asp Val Ile Ser Thr
260 265 270

Val Val Ala Asn Leu Ser Ala Cys Asp Gln Val Asp Ser Glu Ala Leu
275 280 285
Val Gly Cys Leu Arg Gly Lys Ser Lys Glu Glu Ile Leu Ala Ile Asn
290 295 300
Lys Pro Phe Lys Met Ile Pro Gly Val Val Asp Gly Val Phe Leu Pro
305 310 315 320
Arg His Pro Gln Glu Leu Leu Ala Ser Ala Asp Phe Gln Pro Val Pro
325 330 335

Ser Ile Val Gly Val Asn Asn Asn Glu Phe Gly Trp Leu Ile Pro Lys
340 345 350
Val Met Arg Ile Tyr Asp Thr Gln Lys Glu Met Asp Arg Glu Ala Ser
355 360 365
Gln Ala Ala Leu Gln Lys Met Leu Thr Leu Leu Met Leu Pro Pro Thr
370 375 380
Phe Gly Asp Leu Leu Arg Glu Glu Tyr Ile Gly Asp Asn Gly Asp Pro
385 390 395 400

Gln Thr Leu Gln Ala Gln Phe Gln Glu Met Met Ala Asp Ser Met Phe
405 410 415
Val Ile Pro Ala Leu Gln Val Ala His Phe Gln Cys Ser Arg Ala Pro

420 425 430

Val Tyr Phe Tyr Glu Phe Gln His Gln Pro Ser Trp Leu Lys Asn Ile

435 440 445

Arg Pro Pro His Met Lys Ala Asp His Gly Asp Glu Leu Pro Phe Val

450 455 460

Phe Arg Ser Phe Phe Gly Gly Asn Tyr Ile Lys Phe Thr Glu Glu Glu

465 470 475 480

Glu Gln Leu Ser Arg Lys Met Met Lys Tyr Trp Ala Asn Phe Ala Arg

485 490 495

Asn Gly Asn Pro Asn Gly Glu Gly Leu Pro His Trp Pro Leu Phe Asp

500 505 510

Gln Glu Glu Gln Tyr Leu Gln Leu Asn Leu Gln Pro Ala Val Gly Arg

515 520 525

Ala Leu Lys Ala His Arg Leu Gln Phe Trp Lys Lys Ala Leu Pro Gln

530 535 540

Lys Ile Gln Glu Leu Glu Glu Pro Glu Glu Arg His Thr Glu Leu

545 550 555

<210> 423

<211> 579

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IF2B3__Homo_sapiens__O00425

<400> 423

Met Asn Lys Leu Tyr Ile Gly Asn Leu Ser Glu Asn Ala Ala Pro Ser

1 5 10 15

Asp Leu Glu Ser Ile Phe Lys Asp Ala Lys Ile Pro Val Ser Gly Pro

20 25 30

Phe Leu Val Lys Thr Gly Tyr Ala Phe Val Asp Cys Pro Asp Glu Ser

35 40 45

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

50 55 60

Gly Lys Pro Ile Glu Val Glu His Ser Val Pro Lys Arg Gln Arg Ile

65 70 75 80

Arg Lys Leu Gln Ile Arg Asn Ile Pro Pro His Leu Gln Trp Glu Val

85 90 95

Leu Asp Ser Leu Leu Val Gln Tyr Gly Val Val Glu Ser Cys Glu Gln

100 105 110

Val Asn Thr Asp Ser Glu Thr Ala Val Val Asn Val Thr Tyr Ser Ser

115 120 125

Lys Asp Gln Ala Arg Gln Ala Leu Asp Lys Leu Asn Gly Phe Gln Leu

130 135 140

Glu Asn Phe Thr Leu Lys Val Ala Tyr Ile Pro Asp Glu Met Ala Ala

145 150 155 160

Gln Gln Asn Pro Leu Gln Gln Pro Arg Gly Arg Arg Gly Leu Gly Gln

165 170 175

Arg Gly Ser Ser Arg Gln Gly Ser Pro Gly Ser Val Ser Lys Gln Lys

180 185 190

Pro Cys Asp Leu Pro Leu Arg Leu Leu Val Pro Thr Gln Phe Val Gly

195 200 205

Ala Ile Ile Gly Lys Glu Gly Ala Thr Ile Arg Asn Ile Thr Lys Gln

210 215 220

Thr Gln Ser Lys Ile Asp Val His Arg Lys Glu Asn Ala Gly Ala Ala

225 230 235 240

Glu Lys Ser Ile Thr Ile Leu Ser Thr Pro Glu Gly Thr Ser Ala Ala

245 250 255

Cys Lys Ser Ile Leu Glu Ile Met His Lys Glu Ala Gln Asp Ile Lys

260 265 270

Phe Thr Glu Glu Ile Pro Leu Lys Ile Leu Ala His Asn Asn Phe Val

275 280 285

Gly Arg Leu Ile Gly Lys Glu Gly Arg Asn Leu Lys Lys Ile Glu Gln

290 295 300

Asp Thr Asp Thr Lys Ile Thr Ile Ser Pro Leu Gln Glu Leu Thr Leu

305 310 315 320

Tyr Asn Pro Glu Arg Thr Ile Thr Val Lys Gly Asn Val Glu Thr Cys
325 330 335
Ala Lys Ala Glu Glu Glu Ile Met Lys Lys Ile Arg Glu Ser Tyr Glu

340 345 350
Asn Asp Ile Ala Ser Met Asn Leu Gln Ala His Leu Ile Pro Gly Leu
355 360 365
Asn Leu Asn Ala Leu Gly Leu Phe Pro Pro Thr Ser Gly Met Pro Pro
370 375 380
Pro Thr Ser Gly Pro Pro Ser Ala Met Thr Pro Pro Tyr Pro Gln Phe
385 390 395 400
Glu Gln Ser Glu Thr Glu Thr Val His Leu Phe Ile Pro Ala Leu Ser

405 410 415
Val Gly Ala Ile Ile Gly Lys Gln Gly Gln His Ile Lys Gln Leu Ser
420 425 430
Arg Phe Ala Gly Ala Ser Ile Lys Ile Ala Pro Ala Glu Ala Pro Asp
435 440 445
Ala Lys Val Arg Met Val Ile Ile Thr Gly Pro Pro Glu Ala Gln Phe
450 455 460
Lys Ala Gln Gly Arg Ile Tyr Gly Lys Ile Lys Glu Glu Asn Phe Val

465 470 475 480
Ser Pro Lys Glu Glu Val Lys Leu Glu Ala His Ile Arg Val Pro Ser
485 490 495
Phe Ala Ala Gly Arg Val Ile Gly Lys Gly Gly Lys Thr Val Asn Glu
500 505 510
Leu Gln Asn Leu Ser Ser Ala Glu Val Val Val Pro Arg Asp Gln Thr
515 520 525
Pro Asp Glu Asn Asp Gln Val Val Val Lys Ile Thr Gly His Phe Tyr

530 535 540
Ala Cys Gln Val Ala Gln Arg Lys Ile Gln Glu Ile Leu Thr Gln Val
545 550 555 560
Lys Gln His Gln Gln Gln Lys Ala Leu Gln Ser Gly Pro Pro Gln Ser

565 570 575

Arg Arg Lys

<210> 424

<211> 380

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IL-13Ra2__Homo_sapiens__Q14627

<400> 424

Met Ala Phe Val Cys Leu Ala Ile Gly Cys Leu Tyr Thr Phe Leu Ile

1 5 10 15

Ser Thr Thr Phe Gly Cys Thr Ser Ser Ser Asp Thr Glu Ile Lys Val

20 25 30

Asn Pro Pro Gln Asp Phe Glu Ile Val Asp Pro Gly Tyr Leu Gly Tyr

35 40 45

Leu Tyr Leu Gln Trp Gln Pro Pro Leu Ser Leu Asp His Phe Lys Glu

50 55 60

Cys Thr Val Glu Tyr Glu Leu Lys Tyr Arg Asn Ile Gly Ser Glu Thr

65 70 75 80

Trp Lys Thr Ile Ile Thr Lys Asn Leu His Tyr Lys Asp Gly Phe Asp

85 90 95

Leu Asn Lys Gly Ile Glu Ala Lys Ile His Thr Leu Leu Pro Trp Gln

100 105 110

Cys Thr Asn Gly Ser Glu Val Gln Ser Ser Trp Ala Glu Thr Thr Tyr

115 120 125

Trp Ile Ser Pro Gln Gly Ile Pro Glu Thr Lys Val Gln Asp Met Asp

130 135 140

Cys Val Tyr Tyr Asn Trp Gln Tyr Leu Leu Cys Ser Trp Lys Pro Gly

145 150 155 160

Ile Gly Val Leu Leu Asp Thr Asn Tyr Asn Leu Phe Tyr Trp Tyr Glu

165 170 175

Gly Leu Asp His Ala Leu Gln Cys Val Asp Tyr Ile Lys Ala Asp Gly

180 185 190

Gln Asn Ile Gly Cys Arg Phe Pro Tyr Leu Glu Ala Ser Asp Tyr Lys

195 200 205

Asp Phe Tyr Ile Cys Val Asn Gly Ser Ser Glu Asn Lys Pro Ile Arg

210 215 220

Ser Ser Tyr Phe Thr Phe Gln Leu Gln Asn Ile Val Lys Pro Leu Pro

225 230 235 240

Pro Val Tyr Leu Thr Phe Thr Arg Glu Ser Ser Cys Glu Ile Lys Leu

245 250 255

Lys Trp Ser Ile Pro Leu Gly Pro Ile Pro Ala Arg Cys Phe Asp Tyr

260 265 270

Glu Ile Glu Ile Arg Glu Asp Asp Thr Thr Leu Val Thr Ala Thr Val

275 280 285

Glu Asn Glu Thr Tyr Thr Leu Lys Thr Thr Asn Glu Thr Arg Gln Leu

290 295 300

Cys Phe Val Val Arg Ser Lys Val Asn Ile Tyr Cys Ser Asp Asp Gly

305 310 315 320

Ile Trp Ser Glu Trp Ser Asp Lys Gln Cys Trp Glu Gly Glu Asp Leu

325 330 335

Ser Lys Lys Thr Leu Leu Arg Phe Trp Leu Pro Phe Gly Phe Ile Leu

340 345 350

Ile Leu Val Ile Phe Val Thr Gly Leu Leu Leu Arg Lys Pro Asn Thr

355 360 365

Tyr Pro Lys Met Ile Pro Glu Phe Phe Cys Asp Thr

370 375 380

<210> 425

<211> 272

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IL2-RA__Homo_sapiens__P01589

<400> 425

Met Asp Ser Tyr Leu Leu Met Trp Gly Leu Leu Thr Phe Ile Met Val

1 5 10 15

Pro Gly Cys Gln Ala Glu Leu Cys Asp Asp Asp Pro Pro Glu Ile Pro

20 25 30

His Ala Thr Phe Lys Ala Met Ala Tyr Lys Glu Gly Thr Met Leu Asn

35 40 45

Cys Glu Cys Lys Arg Gly Phe Arg Arg Ile Lys Ser Gly Ser Leu Tyr

50 55 60

Met Leu Cys Thr Gly Asn Ser Ser His Ser Ser Trp Asp Asn Gln Cys

65 70 75 80

Gln Cys Thr Ser Ser Ala Thr Arg Asn Thr Thr Lys Gln Val Thr Pro

85 90 95

Gln Pro Glu Glu Gln Lys Glu Arg Lys Thr Thr Glu Met Gln Ser Pro

100 105 110

Met Gln Pro Val Asp Gln Ala Ser Leu Pro Gly His Cys Arg Glu Pro

115 120 125

Pro Pro Trp Glu Asn Glu Ala Thr Glu Arg Ile Tyr His Phe Val Val

130 135 140

Gly Gln Met Val Tyr Tyr Gln Cys Val Gln Gly Tyr Arg Ala Leu His

145 150 155 160

Arg Gly Pro Ala Glu Ser Val Cys Lys Met Thr His Gly Lys Thr Arg

165 170 175

Trp Thr Gln Pro Gln Leu Ile Cys Thr Gly Glu Met Glu Thr Ser Gln

180 185 190

Phe Pro Gly Glu Glu Lys Pro Gln Ala Ser Pro Glu Gly Arg Pro Glu

195 200 205

Ser Glu Thr Ser Cys Leu Val Thr Thr Thr Asp Phe Gln Ile Gln Thr

210 215 220

Glu Met Ala Ala Thr Met Glu Thr Ser Ile Phe Thr Thr Glu Tyr Gln

225 230 235 240

Val Ala Val Ala Gly Cys Val Phe Leu Leu Ile Ser Val Leu Leu Leu

245 250 255

Ser Gly Leu Thr Trp Gln Arg Arg Gln Arg Lys Ser Arg Arg Thr Ile
260 265 270

<210> 426

<211> 551

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IL2-RB__Homo_sapiens__P14784

<400> 426

Met Ala Ala Pro Ala Leu Ser Trp Arg Leu Pro Leu Leu Ile Leu Leu
1 5 10 15
Leu Pro Leu Ala Thr Ser Trp Ala Ser Ala Ala Val Asn Gly Thr Ser
20 25 30

Gln Phe Thr Cys Phe Tyr Asn Ser Arg Ala Asn Ile Ser Cys Val Trp
35 40 45
Ser Gln Asp Gly Ala Leu Gln Asp Thr Ser Cys Gln Val His Ala Trp
50 55 60
Pro Asp Arg Arg Arg Trp Asn Gln Thr Cys Glu Leu Leu Pro Val Ser
65 70 75 80
Gln Ala Ser Trp Ala Cys Asn Leu Ile Leu Gly Ala Pro Asp Ser Gln
85 90 95

Lys Leu Thr Thr Val Asp Ile Val Thr Leu Arg Val Leu Cys Arg Glu
100 105 110
Gly Val Arg Trp Arg Val Met Ala Ile Gln Asp Phe Lys Pro Phe Glu
115 120 125
Asn Leu Arg Leu Met Ala Pro Ile Ser Leu Gln Val Val His Val Glu
130 135 140
Thr His Arg Cys Asn Ile Ser Trp Glu Ile Ser Gln Ala Ser His Tyr
145 150 155 160

Phe Glu Arg His Leu Glu Phe Glu Ala Arg Thr Leu Ser Pro Gly His
165 170 175
Thr Trp Glu Glu Ala Pro Leu Leu Thr Leu Lys Gln Lys Gln Glu Trp
180 185 190

Ile Cys Leu Glu Thr Leu Thr Pro Asp Thr Gln Tyr Glu Phe Gln Val
195 200 205

Arg Val Lys Pro Leu Gln Gly Glu Phe Thr Thr Trp Ser Pro Trp Ser
210 215 220

Gln Pro Leu Ala Phe Arg Thr Lys Pro Ala Ala Leu Gly Lys Asp Thr
225 230 235 240

Ile Pro Trp Leu Gly His Leu Leu Val Gly Leu Ser Gly Ala Phe Gly
245 250 255

Phe Ile Ile Leu Val Tyr Leu Leu Ile Asn Cys Arg Asn Thr Gly Pro
260 265 270

Trp Leu Lys Lys Val Leu Lys Cys Asn Thr Pro Asp Pro Ser Lys Phe
275 280 285

Phe Ser Gln Leu Ser Ser Glu His Gly Gly Asp Val Gln Lys Trp Leu
290 295 300

Ser Ser Pro Phe Pro Ser Ser Ser Phe Ser Pro Gly Gly Leu Ala Pro
305 310 315 320

Glu Ile Ser Pro Leu Glu Val Leu Glu Arg Asp Lys Val Thr Gln Leu
325 330 335

Leu Leu Gln Gln Asp Lys Val Pro Glu Pro Ala Ser Leu Ser Ser Asn
340 345 350

His Ser Leu Thr Ser Cys Phe Thr Asn Gln Gly Tyr Phe Phe Phe His
355 360 365

Leu Pro Asp Ala Leu Glu Ile Glu Ala Cys Gln Val Tyr Phe Thr Tyr
370 375 380

Asp Pro Tyr Ser Glu Glu Asp Pro Asp Glu Gly Val Ala Gly Ala Pro
385 390 395 400

Thr Gly Ser Ser Pro Gln Pro Leu Gln Pro Leu Ser Gly Glu Asp Asp
405 410 415

Ala Tyr Cys Thr Phe Pro Ser Arg Asp Asp Leu Leu Leu Phe Ser Pro
420 425 430

Ser Leu Leu Gly Gly Pro Ser Pro Pro Ser Thr Ala Pro Gly Gly Ser

435 440 445

Gly Ala Gly Glu Glu Arg Met Pro Pro Ser Leu Gln Glu Arg Val Pro

450 455 460

Arg Asp Trp Asp Pro Gln Pro Leu Gly Pro Pro Thr Pro Gly Val Pro

465 470 475 480

Asp Leu Val Asp Phe Gln Pro Pro Pro Glu Leu Val Leu Arg Glu Ala

485 490 495

Gly Glu Glu Val Pro Asp Ala Gly Pro Arg Glu Gly Val Ser Phe Pro

500 505 510

Trp Ser Arg Pro Pro Gly Gln Gly Glu Phe Arg Ala Leu Asn Ala Arg

515 520 525

Leu Pro Leu Asn Thr Asp Ala Tyr Leu Ser Leu Gln Glu Leu Gln Gly

530 535 540

Gln Asp Pro Thr His Leu Val

545 550

<210> 427

<211> 369

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IL2-RG__Homo_sapiens__P31785

<400> 427

Met Leu Lys Pro Ser Leu Pro Phe Thr Ser Leu Leu Phe Leu Gln Leu

1 5 10 15

Pro Leu Leu Gly Val Gly Leu Asn Thr Thr Ile Leu Thr Pro Asn Gly

20 25 30

Asn Glu Asp Thr Thr Ala Asp Phe Phe Leu Thr Thr Met Pro Thr Asp

35 40 45

Ser Leu Ser Val Ser Thr Leu Pro Leu Pro Glu Val Gln Cys Phe Val

50 55 60

Phe Asn Val Glu Tyr Met Asn Cys Thr Trp Asn Ser Ser Ser Glu Pro

65 70 75 80

Gln Pro Thr Asn Leu Thr Leu His Tyr Trp Tyr Lys Asn Ser Asp Asn

85 90 95

Asp Lys Val Gln Lys Cys Ser His Tyr Leu Phe Ser Glu Glu Ile Thr

100 105 110

Ser Gly Cys Gln Leu Gln Lys Lys Glu Ile His Leu Tyr Gln Thr Phe

115 120 125

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

130 135 140

Met Leu Lys Leu Gln Asn Leu Val Ile Pro Trp Ala Pro Glu Asn Leu

145 150 155 160

Thr Leu His Lys Leu Ser Glu Ser Gln Leu Glu Leu Asn Trp Asn Asn

165 170 175

Arg Phe Leu Asn His Cys Leu Glu His Leu Val Gln Tyr Arg Thr Asp

180 185 190

Trp Asp His Ser Trp Thr Glu Gln Ser Val Asp Tyr Arg His Lys Phe

195 200 205

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

210 215 220

Ser Arg Phe Asn Pro Leu Cys Gly Ser Ala Gln His Trp Ser Glu Trp

225 230 235 240

Ser His Pro Ile His Trp Gly Ser Asn Thr Ser Lys Glu Asn Pro Phe

245 250 255

Leu Phe Ala Leu Glu Ala Val Val Ile Ser Val Gly Ser Met Gly Leu

260 265 270

Ile Ile Ser Leu Leu Cys Val Tyr Phe Trp Leu Glu Arg Thr Met Pro

275 280 285

Arg Ile Pro Thr Leu Lys Asn Leu Glu Asp Leu Val Thr Glu Tyr His

290 295 300

Gly Asn Phe Ser Ala Trp Ser Gly Val Ser Lys Gly Leu Ala Glu Ser

305 310 315 320

Leu Gln Pro Asp Tyr Ser Glu Arg Leu Cys Leu Val Ser Glu Ile Pro

325 330 335

Pro Lys Gly Gly Ala Leu Gly Glu Gly Pro Gly Ala Ser Pro Cys Asn
340 345 350
Gln His Ser Pro Tyr Trp Ala Pro Pro Cys Tyr Thr Leu Lys Pro Glu
355 360 365

Thr

<210> 428

<211> 184

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IMP3__Homo_sapiens__Q9NV31

<400> 428

Met Val Arg Lys Leu Lys Phe His Glu Gln Lys Leu Leu Lys Gln Val
1 5 10 15
Asp Phe Leu Asn Trp Glu Val Thr Asp His Asn Leu His Glu Leu Arg
20 25 30
Val Leu Arg Arg Tyr Arg Leu Gln Arg Arg Glu Asp Tyr Thr Arg Tyr
35 40 45

Asn Gln Leu Ser Arg Ala Val Arg Glu Leu Ala Arg Arg Leu Arg Asp
50 55 60
Leu Pro Glu Arg Asp Gln Phe Arg Val Arg Ala Ser Ala Ala Leu Leu
65 70 75 80
Asp Lys Leu Tyr Ala Leu Gly Leu Val Pro Thr Arg Gly Ser Leu Glu
85 90 95
Leu Cys Asp Phe Val Thr Ala Ser Ser Phe Cys Arg Arg Arg Leu Pro
100 105 110

Thr Val Leu Leu Lys Leu Arg Met Ala Gln His Leu Gln Ala Ala Val
115 120 125
Ala Phe Val Glu Gln Gly His Val Arg Val Gly Pro Asp Val Val Thr
130 135 140
Asp Pro Ala Phe Leu Val Thr Arg Ser Met Glu Asp Phe Val Thr Trp
145 150 155 160
Val Asp Ser Ser Lys Ile Lys Arg His Val Leu Glu Tyr Asn Glu Glu

165 170 175

Arg Asp Asp Phe Asp Leu Glu Ala
180

<210> 429

<211> 1049

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ITA5__Homo_sapiens__P08648

<400> 429

Met Gly Ser Arg Thr Pro Glu Ser Pro Leu His Ala Val Gln Leu Arg
1 5 10 15

Trp Gly Pro Arg Arg Arg Pro Pro Leu Leu Pro Leu Leu Leu Leu Leu
20 25 30

Leu Pro Pro Pro Pro Arg Val Gly Gly Phe Asn Leu Asp Ala Glu Ala
35 40 45

Pro Ala Val Leu Ser Gly Pro Pro Gly Ser Phe Phe Gly Phe Ser Val
50 55 60

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

Pro Lys Ala Asn Thr Ser Gln Pro Gly Val Leu Gln Gly Gly Ala Val
85 90 95

Tyr Leu Cys Pro Trp Gly Ala Ser Pro Thr Gln Cys Thr Pro Ile Glu
100 105 110

Phe Asp Ser Lys Gly Ser Arg Leu Leu Glu Ser Ser Leu Ser Ser Ser
115 120 125

Glu Gly Glu Glu Pro Val Glu Tyr Lys Ser Leu Gln Trp Phe Gly Ala
130 135 140

Thr Val Arg Ala His Gly Ser Ser Ile Leu Ala Cys Ala Pro Leu Tyr
145 150 155 160

Ser Trp Arg Thr Glu Lys Glu Pro Leu Ser Asp Pro Val Gly Thr Cys
165 170 175

Tyr Leu Ser Thr Asp Asn Phe Thr Arg Ile Leu Glu Tyr Ala Pro Cys
180 185 190
Arg Ser Asp Phe Ser Trp Ala Ala Gly Gln Gly Tyr Cys Gln Gly Gly
195 200 205
Phe Ser Ala Glu Phe Thr Lys Thr Gly Arg Val Val Leu Gly Gly Pro
210 215 220
Gly Ser Tyr Phe Trp Gln Gly Gln Ile Leu Ser Ala Thr Gln Glu Gln
225 230 235 240

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

Ile Leu Asn Gly Ser Asp Ile Arg Ser Leu Tyr Asn Phe Ser Gly Glu
305 310 315 320
Gln Met Ala Ser Tyr Phe Gly Tyr Ala Val Ala Ala Thr Asp Val Asn
325 330 335
Gly Asp Gly Leu Asp Asp Leu Leu Val Gly Ala Pro Leu Leu Met Asp
340 345 350
Arg Thr Pro Asp Gly Arg Pro Gln Glu Val Gly Arg Val Tyr Val Tyr
355 360 365

Leu Gln His Pro Ala Gly Ile Glu Pro Thr Pro Thr Leu Thr Leu Thr
370 375 380
Gly His Asp Glu Phe Gly Arg Phe Gly Ser Ser Leu Thr Pro Leu Gly
385 390 395 400
Asp Leu Asp Gln Asp Gly Tyr Asn Asp Val Ala Ile Gly Ala Pro Phe
405 410 415
Gly Gly Glu Thr Gln Gln Gly Val Val Phe Val Phe Pro Gly Gly Pro

420 425 430

Gly Gly Leu Gly Ser Lys Pro Ser Gln Val Leu Gln Pro Leu Trp Ala
435 440 445
Ala Ser His Thr Pro Asp Phe Phe Gly Ser Ala Leu Arg Gly Gly Arg
450 455 460
Asp Leu Asp Gly Asn Gly Tyr Pro Asp Leu Ile Val Gly Ser Phe Gly
465 470 475 480
Val Asp Lys Ala Val Val Tyr Arg Gly Arg Pro Ile Val Ser Ala Ser
485 490 495

Ala Ser Leu Thr Ile Phe Pro Ala Met Phe Asn Pro Glu Glu Arg Ser
500 505 510
Cys Ser Leu Glu Gly Asn Pro Val Ala Cys Ile Asn Leu Ser Phe Cys
515 520 525
Leu Asn Ala Ser Gly Lys His Val Ala Asp Ser Ile Gly Phe Thr Val
530 535 540
Glu Leu Gln Leu Asp Trp Gln Lys Gln Lys Gly Gly Val Arg Arg Ala
545 550 555 560

Leu Phe Leu Ala Ser Arg Gln Ala Thr Leu Thr Gln Thr Leu Leu Ile
565 570 575
Gln Asn Gly Ala Arg Glu Asp Cys Arg Glu Met Lys Ile Tyr Leu Arg
580 585 590
Asn Glu Ser Glu Phe Arg Asp Lys Leu Ser Pro Ile His Ile Ala Leu
595 600 605
Asn Phe Ser Leu Asp Pro Gln Ala Pro Val Asp Ser His Gly Leu Arg
610 615 620

Pro Ala Leu His Tyr Gln Ser Lys Ser Arg Ile Glu Asp Lys Ala Gln
625 630 635 640
Ile Leu Leu Asp Cys Gly Glu Asp Asn Ile Cys Val Pro Asp Leu Gln
645 650 655
Leu Glu Val Phe Gly Glu Gln Asn His Val Tyr Leu Gly Asp Lys Asn
660 665 670

Ala Leu Asn Leu Thr Phe His Ala Gln Asn Val Gly Glu Gly Gly Ala
675 680 685

Tyr Glu Ala Glu Leu Arg Val Thr Ala Pro Pro Glu Ala Glu Tyr Ser
690 695 700

Gly Leu Val Arg His Pro Gly Asn Phe Ser Ser Leu Ser Cys Asp Tyr
705 710 715 720

Phe Ala Val Asn Gln Ser Arg Leu Leu Val Cys Asp Leu Gly Asn Pro
725 730 735

Met Lys Ala Gly Ala Ser Leu Trp Gly Gly Leu Arg Phe Thr Val Pro
740 745 750

His Leu Arg Asp Thr Lys Lys Thr Ile Gln Phe Asp Phe Gln Ile Leu
755 760 765

Ser Lys Asn Leu Asn Asn Ser Gln Ser Asp Val Val Ser Phe Arg Leu
770 775 780

Ser Val Glu Ala Gln Ala Gln Val Thr Leu Asn Gly Val Ser Lys Pro
785 790 795 800

Glu Ala Val Leu Phe Pro Val Ser Asp Trp His Pro Arg Asp Gln Pro
805 810 815

Gln Lys Glu Glu Asp Leu Gly Pro Ala Val His His Val Tyr Glu Leu
820 825 830

Ile Asn Gln Gly Pro Ser Ser Ile Ser Gln Gly Val Leu Glu Leu Ser
835 840 845

Cys Pro Gln Ala Leu Glu Gly Gln Gln Leu Leu Tyr Val Thr Arg Val
850 855 860

Thr Gly Leu Asn Cys Thr Thr Asn His Pro Ile Asn Pro Lys Gly Leu
865 870 875 880

Glu Leu Asp Pro Glu Gly Ser Leu His His Gln Gln Lys Arg Glu Ala
885 890 895

Pro Ser Arg Ser Ser Ala Ser Ser Gly Pro Gln Ile Leu Lys Cys Pro
900 905 910

Glu Ala Glu Cys Phe Arg Leu Arg Cys Glu Leu Gly Pro Leu His Gln

915 920 925

Gln Glu Ser Gln Ser Leu Gln Leu His Phe Arg Val Trp Ala Lys Thr

930 935 940

Phe Leu Gln Arg Glu His Gln Pro Phe Ser Leu Gln Cys Glu Ala Val

945 950 955 960

Tyr Lys Ala Leu Lys Met Pro Tyr Arg Ile Leu Pro Arg Gln Leu Pro

965 970 975

Gln Lys Glu Arg Gln Val Ala Thr Ala Val Gln Trp Thr Lys Ala Glu

980 985 990

Gly Ser Tyr Gly Val Pro Leu Trp Ile Ile Ile Leu Ala Ile Leu Phe

995 1000 1005

Gly Leu Leu Leu Leu Gly Leu Leu Ile Tyr Ile Leu Tyr Lys Leu

1010 1015 1020

Gly Phe Phe Lys Arg Ser Leu Pro Tyr Gly Thr Ala Met Glu Lys

1025 1030 1035

Ala Gln Leu Lys Pro Pro Ala Thr Ser Asp Ala

1040 1045

<210> 430

<211> 798

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ITB1_Homo_sapiens_P05556

<400> 430

Met Asn Leu Gln Pro Ile Phe Trp Ile Gly Leu Ile Ser Ser Val Cys

1 5 10 15

Cys Val Phe Ala Gln Thr Asp Glu Asn Arg Cys Leu Lys Ala Asn Ala

20 25 30

Lys Ser Cys Gly Glu Cys Ile Gln Ala Gly Pro Asn Cys Gly Trp Cys

35 40 45

Thr Asn Ser Thr Phe Leu Gln Glu Gly Met Pro Thr Ser Ala Arg Cys

50 55 60

Asp Asp Leu Glu Ala Leu Lys Lys Lys Gly Cys Pro Pro Asp Asp Ile

65 70 75 80

Glu Asn Pro Arg Gly Ser Lys Asp Ile Lys Lys Asn Lys Asn Val Thr

85 90 95

Asn Arg Ser Lys Gly Thr Ala Glu Lys Leu Lys Pro Glu Asp Ile Thr

100 105 110

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

115 120 125

Gln Thr Phe Thr Leu Lys Phe Lys Arg Ala Glu Asp Tyr Pro Ile Asp

130 135 140

Leu Tyr Tyr Leu Met Asp Leu Ser Tyr Ser Met Lys Asp Asp Leu Glu

145 150 155 160

Asn Val Lys Ser Leu Gly Thr Asp Leu Met Asn Glu Met Arg Arg Ile

165 170 175

Thr Ser Asp Phe Arg Ile Gly Phe Gly Ser Phe Val Glu Lys Thr Val

180 185 190

Met Pro Tyr Ile Ser Thr Thr Pro Ala Lys Leu Arg Asn Pro Cys Thr

195 200 205

Ser Glu Gln Asn Cys Thr Ser Pro Phe Ser Tyr Lys Asn Val Leu Ser

210 215 220

Leu Thr Asn Lys Gly Glu Val Phe Asn Glu Leu Val Gly Lys Gln Arg

225 230 235 240

Ile Ser Gly Asn Leu Asp Ser Pro Glu Gly Gly Phe Asp Ala Ile Met

245 250 255

Gln Val Ala Val Cys Gly Ser Leu Ile Gly Trp Arg Asn Val Thr Arg

260 265 270

Leu Leu Val Phe Ser Thr Asp Ala Gly Phe His Phe Ala Gly Asp Gly

275 280 285

Lys Leu Gly Gly Ile Val Leu Pro Asn Asp Gly Gln Cys His Leu Glu

290 295 300

Asn Asn Met Tyr Thr Met Ser His Tyr Tyr Asp Tyr Pro Ser Ile Ala

305 310 315 320

His Leu Val Gln Lys Leu Ser Glu Asn Asn Ile Gln Thr Ile Phe Ala

325 330 335

Val Thr Glu Glu Phe Gln Pro Val Tyr Lys Glu Leu Lys Asn Leu Ile

340 345 350

Pro Lys Ser Ala Val Gly Thr Leu Ser Ala Asn Ser Ser Asn Val Ile

355 360 365

Gln Leu Ile Ile Asp Ala Tyr Asn Ser Leu Ser Ser Glu Val Ile Leu

370 375 380

Glu Asn Gly Lys Leu Ser Glu Gly Val Thr Ile Ser Tyr Lys Ser Tyr

385 390 395 400

Cys Lys Asn Gly Val Asn Gly Thr Gly Glu Asn Gly Arg Lys Cys Ser

405 410 415

Asn Ile Ser Ile Gly Asp Glu Val Gln Phe Glu Ile Ser Ile Thr Ser

420 425 430

Asn Lys Cys Pro Lys Lys Asp Ser Asp Ser Phe Lys Ile Arg Pro Leu

435 440 445

Gly Phe Thr Glu Glu Val Glu Val Ile Leu Gln Tyr Ile Cys Glu Cys

450 455 460

Glu Cys Gln Ser Glu Gly Ile Pro Glu Ser Pro Lys Cys His Glu Gly

465 470 475 480

Asn Gly Thr Phe Glu Cys Gly Ala Cys Arg Cys Asn Glu Gly Arg Val

485 490 495

Gly Arg His Cys Glu Cys Ser Thr Asp Glu Val Asn Ser Glu Asp Met

500 505 510

Asp Ala Tyr Cys Arg Lys Glu Asn Ser Ser Glu Ile Cys Ser Asn Asn

515 520 525

Gly Glu Cys Val Cys Gly Gln Cys Val Cys Arg Lys Arg Asp Asn Thr

530 535 540

Asn Glu Ile Tyr Ser Gly Lys Phe Cys Glu Cys Asp Asn Phe Asn Cys

545 550 555 560

Asp Arg Ser Asn Gly Leu Ile Cys Gly Gly Asn Gly Val Cys Lys Cys
565 570 575
Arg Val Cys Glu Cys Asn Pro Asn Tyr Thr Gly Ser Ala Cys Asp Cys

580 585 590
Ser Leu Asp Thr Ser Thr Cys Glu Ala Ser Asn Gly Gln Ile Cys Asn
595 600 605
Gly Arg Gly Ile Cys Glu Cys Gly Val Cys Lys Cys Thr Asp Pro Lys
610 615 620
Phe Gln Gly Gln Thr Cys Glu Met Cys Gln Thr Cys Leu Gly Val Cys
625 630 635 640
Ala Glu His Lys Glu Cys Val Gln Cys Arg Ala Phe Asn Lys Gly Glu

645 650 655
Lys Lys Asp Thr Cys Thr Gln Glu Cys Ser Tyr Phe Asn Ile Thr Lys
660 665 670
Val Glu Ser Arg Asp Lys Leu Pro Gln Pro Val Gln Pro Asp Pro Val
675 680 685
Ser His Cys Lys Glu Lys Asp Val Asp Asp Cys Trp Phe Tyr Phe Thr
690 695 700
Tyr Ser Val Asn Gly Asn Asn Glu Val Met Val His Val Val Glu Asn

705 710 715 720
Pro Glu Cys Pro Thr Gly Pro Asp Ile Ile Pro Ile Val Ala Gly Val
725 730 735
Val Ala Gly Ile Val Leu Ile Gly Leu Ala Leu Leu Leu Ile Trp Lys
740 745 750
Leu Leu Met Ile Ile His Asp Arg Arg Glu Phe Ala Lys Phe Glu Lys
755 760 765
Glu Lys Met Asn Ala Lys Trp Asp Thr Gly Glu Asn Pro Ile Tyr Lys

770 775 780
Ser Ala Val Thr Thr Val Val Asn Pro Lys Tyr Glu Gly Lys
785 790 795
<210> 431

<211> 788

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ITB6__Homo_sapiens__P18564

<400> 431

Met Gly Ile Glu Leu Leu Cys Leu Phe Phe Leu Phe Leu Gly Arg Asn
1 5 10 15

Asp His Val Gln Gly Gly Cys Ala Leu Gly Gly Ala Glu Thr Cys Glu
20 25 30

Asp Cys Leu Leu Ile Gly Pro Gln Cys Ala Trp Cys Ala Gln Glu Asn
35 40 45

Phe Thr His Pro Ser Gly Val Gly Glu Arg Cys Asp Thr Pro Ala Asn
50 55 60

Leu Leu Ala Lys Gly Cys Gln Leu Asn Phe Ile Glu Asn Pro Val Ser
65 70 75 80

Gln Val Glu Ile Leu Lys Asn Lys Pro Leu Ser Val Gly Arg Gln Lys
85 90 95

Asn Ser Ser Asp Ile Val Gln Ile Ala Pro Gln Ser Leu Ile Leu Lys
100 105 110

Leu Arg Pro Gly Gly Ala Gln Thr Leu Gln Val His Val Arg Gln Thr
115 120 125

Glu Asp Tyr Pro Val Asp Leu Tyr Tyr Leu Met Asp Leu Ser Ala Ser
130 135 140

Met Asp Asp Asp Leu Asn Thr Ile Lys Glu Leu Gly Ser Arg Leu Ser
145 150 155 160

Lys Glu Met Ser Lys Leu Thr Ser Asn Phe Arg Leu Gly Phe Gly Ser
165 170 175

Phe Val Glu Lys Pro Val Ser Pro Phe Val Lys Thr Thr Pro Glu Glu
180 185 190

Ile Ala Asn Pro Cys Ser Ser Ile Pro Tyr Phe Cys Leu Pro Thr Phe
195 200 205

Gly Phe Lys His Ile Leu Pro Leu Thr Asn Asp Ala Glu Arg Phe Asn

210 215 220

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

Asn Asp Gly Leu Cys His Leu Asp Ser Lys Asn Glu Tyr Ser Met Ser
290 295 300
Thr Val Leu Glu Tyr Pro Thr Ile Gly Gln Leu Ile Asp Lys Leu Val
305 310 315 320
Gln Asn Asn Val Leu Leu Ile Phe Ala Val Thr Gln Glu Gln Val His
325 330 335
Leu Tyr Glu Asn Tyr Ala Lys Leu Ile Pro Gly Ala Thr Val Gly Leu
340 345 350

Leu Gln Lys Asp Ser Gly Asn Ile Leu Gln Leu Ile Ile Ser Ala Tyr
355 360 365
Glu Glu Leu Arg Ser Glu Val Glu Leu Glu Val Leu Gly Asp Thr Glu
370 375 380
Gly Leu Asn Leu Ser Phe Thr Ala Ile Cys Asn Asn Gly Thr Leu Phe
385 390 395 400
Gln His Gln Lys Lys Cys Ser His Met Lys Val Gly Asp Thr Ala Ser
405 410 415

Phe Ser Val Thr Val Asn Ile Pro His Cys Glu Arg Arg Ser Arg His
420 425 430
Ile Ile Ile Lys Pro Val Gly Leu Gly Asp Ala Leu Glu Leu Leu Val
435 440 445
Ser Pro Glu Cys Asn Cys Asp Cys Gln Lys Glu Val Glu Val Asn Ser
450 455 460

Ser Lys Cys His His Gly Asn Gly Ser Phe Gln Cys Gly Val Cys Ala
465 470 475 480

Cys His Pro Gly His Met Gly Pro Arg Cys Glu Cys Gly Glu Asp Met
485 490 495
Leu Ser Thr Asp Ser Cys Lys Glu Ala Pro Asp His Pro Ser Cys Ser
500 505 510
Gly Arg Gly Asp Cys Tyr Cys Gly Gln Cys Ile Cys His Leu Ser Pro
515 520 525
Tyr Gly Asn Ile Tyr Gly Pro Tyr Cys Gln Cys Asp Asn Phe Ser Cys
530 535 540

Val Arg His Lys Gly Leu Leu Cys Gly Gly Asn Gly Asp Cys Asp Cys
545 550 555 560
Gly Glu Cys Val Cys Arg Ser Gly Trp Thr Gly Glu Tyr Cys Asn Cys
565 570 575
Thr Thr Ser Thr Asp Ser Cys Val Ser Glu Asp Gly Val Leu Cys Ser
580 585 590
Gly Arg Gly Asp Cys Val Cys Gly Lys Cys Val Cys Thr Asn Pro Gly
595 600 605

Ala Ser Gly Pro Thr Cys Glu Arg Cys Pro Thr Cys Gly Asp Pro Cys
610 615 620
Asn Ser Lys Arg Ser Cys Ile Glu Cys His Leu Ser Ala Ala Gly Gln
625 630 635 640
Ala Arg Glu Glu Cys Val Asp Lys Cys Lys Leu Ala Gly Ala Thr Ile
645 650 655
Ser Glu Glu Glu Asp Phe Ser Lys Asp Gly Ser Val Ser Cys Ser Leu
660 665 670

Gln Gly Glu Asn Glu Cys Leu Ile Thr Phe Leu Ile Thr Thr Asp Asn
675 680 685
Glu Gly Lys Thr Ile Ile His Ser Ile Asn Glu Lys Asp Cys Pro Lys
690 695 700
Pro Pro Asn Ile Pro Met Ile Met Leu Gly Val Ser Leu Ala Ile Leu

705 710 715 720

Leu Ile Gly Val Val Leu Leu Cys Ile Trp Lys Leu Leu Val Ser Phe

725 730 735

His Asp Arg Lys Glu Val Ala Lys Phe Glu Ala Glu Arg Ser Lys Ala

740 745 750

Lys Trp Gln Thr Gly Thr Asn Pro Leu Tyr Arg Gly Ser Thr Ser Thr

755 760 765

Phe Lys Asn Val Thr Tyr Lys His Arg Glu Lys Gln Lys Val Asp Leu

770 775 780

Ser Thr Asp Cys

785

<210> 432

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> kallikrein-2__Homo_sapiens__A0A024R4J4

<400> 432

Met Trp Asp Leu Val Leu Ser Ile Ala Leu Ser Val Gly Cys Thr Gly

1 5 10 15

Ala Val Pro Leu Ile Gln Ser Arg Ile Val Gly Gly Trp Glu Cys Glu

20 25 30

Lys His Ser Gln Pro Trp Gln Val Ala Val Tyr Ser His Gly Trp Ala

35 40 45

His Cys Gly Gly Val Leu Val His Pro Gln Trp Val Leu Thr Ala Ala

50 55 60

His Cys Leu Lys Lys Asn Ser Gln Val Trp Leu Gly Arg His Asn Leu

65 70 75 80

Phe Glu Pro Glu Asp Thr Gly Gln Arg Val Pro Val Ser His Ser Phe

85 90 95

Pro His Pro Leu Tyr Asn Met Ser Leu Leu Lys His Gln Ser Leu Arg

100 105 110

Pro Asp Glu Asp Ser Ser His Asp Leu Met Leu Leu Arg Leu Ser Glu

115 120 125

Pro Ala Lys Ile Thr Asp Val Val Lys Val Leu Gly Leu Pro Thr Gln
130 135 140
Glu Pro Ala Leu Gly Thr Thr Cys Tyr Ala Ser Gly Trp Gly Ser Ile
145 150 155 160
Glu Pro Glu Glu Phe Leu Arg Pro Arg Ser Leu Gln Cys Val Ser Leu
165 170 175
His Leu Leu Ser Asn Asp Met Cys Ala Arg Ala Tyr Ser Glu Lys Val
180 185 190

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

Ile Ala Ala Asn Pro
260

<210> 433
<211> 223
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> kallikrein-2__Homo_sapiens__A0A024R4N3
<400> 433
Met Trp Asp Leu Val Leu Ser Ile Ala Leu Ser Val Gly Cys Thr Gly
1 5 10 15
Ala Val Pro Leu Ile Gln Ser Arg Ile Val Gly Gly Trp Glu Cys Glu
20 25 30
Lys His Ser Gln Pro Trp Gln Val Ala Val Tyr Ser His Gly Trp Ala
35 40 45

His Cys Gly Gly Val Leu Val His Pro Gln Trp Val Leu Thr Ala Ala
50 55 60
His Cys Leu Lys Lys Asn Ser Gln Val Trp Leu Gly Arg His Asn Leu
65 70 75 80
Phe Glu Pro Glu Asp Thr Gly Gln Arg Val Pro Val Ser His Ser Phe
85 90 95
Pro His Pro Leu Tyr Asn Met Ser Leu Leu Lys His Gln Ser Leu Arg
100 105 110

Pro Asp Glu Asp Ser Ser His Asp Leu Met Leu Leu Arg Leu Ser Glu
115 120 125
Pro Ala Lys Ile Thr Asp Val Val Lys Val Leu Gly Leu Pro Thr Gln
130 135 140
Glu Pro Ala Leu Gly Thr Thr Cys Tyr Ala Ser Gly Trp Gly Ser Ile
145 150 155 160
Glu Pro Glu Glu Phe Leu Arg Pro Arg Ser Leu Gln Cys Val Ser Leu
165 170 175

His Leu Leu Ser Asn Asp Met Cys Ala Arg Ala Tyr Ser Glu Lys Val
180 185 190
Thr Glu Phe Met Leu Cys Ala Gly Leu Trp Thr Gly Gly Lys Asp Thr
195 200 205
Cys Gly Val Ser His Pro Tyr Ser Gln His Leu Glu Gly Lys Gly
210 215 220
<210> 434
<211> 62
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> kallikrein-2__Homo_sapiens__B0AZU9
<400> 434
Met Ser Leu Leu Lys His Gln Ser Leu Arg Pro Asp Glu Asp Ser Ser

1 5 10 15
His Asp Leu Met Leu Leu Arg Leu Ser Glu Pro Ala Lys Ile Thr Asp
20 25 30

Val Val Lys Val Leu Gly Leu Pro Thr Gln Glu Pro Ala Leu Gly Thr

35 40 45

Thr Cys Tyr Ala Ser Gly Trp Gly Ser Ile Glu Pro Glu Glu

50 55 60

<210> 435

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> kallikrein-2__Homo_sapiens__B4DU77

<400> 435

Met Gly Thr Leu Trp Gly Cys Pro Gly Ala Pro Pro Val Gly Ala His

1 5 10 15

Ser Cys Pro Leu Pro Lys Glu Val Ser Arg Thr Leu Gly Ser Gly Glu

20 25 30

Gly Met Ala Val Ser His Arg Asn Asn Ser Gly Met Leu Pro Pro Gly

35 40 45

Ser Leu Leu Arg Asn Ser Gln Val Trp Leu Gly Arg His Asn Leu Phe

50 55 60

Glu Pro Glu Asp Thr Gly Arg Arg Val Pro Val Ser His Ser Phe Pro

65 70 75 80

His Pro Leu Tyr Asn Met Ser Leu Leu Lys His Gln Ser Leu Arg Pro

85 90 95

Asp Glu Asp Ser Ser His Asp Leu Met Leu Leu Arg Leu Ser Glu Pro

100 105 110

Ala Lys Ile Thr Asp Val Val Lys Val Leu Gly Leu Pro Thr Gln Glu

115 120 125

Pro Ala Leu Gly Thr Thr Cys Tyr Ala Ser Gly Trp Gly Ser Ile Glu

130 135 140

Pro Glu Glu Phe Leu Arg Pro Arg Ser Leu Gln Cys Val Ser Leu His

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Asp Met Cys Ala Arg Ala Tyr Ser Glu Lys Val Thr

165 170 175

Glu Phe Met Leu Cys Ala Gly Leu Trp Thr Gly Gly Lys Asp Thr Cys

180 185 190

Gly Gly Asp Ser Gly Gly Pro Leu Val Cys Asn Gly Val Leu Gln Gly

195 200 205

Ile Thr Ser Trp Gly Pro Glu Pro Cys Ala Leu Pro Glu Lys Pro Ala

210 215 220

Val Tyr Thr Lys Val Val His Tyr Arg Lys Trp Ile Lys Asp Thr Ile

225 230 235 240

Ala Ala Asn Pro

<210> 436

<211> 261

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> kallikrein-2__Homo_sapiens__P20151

<400> 436

Met Trp Asp Leu Val Leu Ser Ile Ala Leu Ser Val Gly Cys Thr Gly

1 5 10 15

Ala Val Pro Leu Ile Gln Ser Arg Ile Val Gly Gly Trp Glu Cys Glu

20 25 30

Lys His Ser Gln Pro Trp Gln Val Ala Val Tyr Ser His Gly Trp Ala

35 40 45

His Cys Gly Gly Val Leu Val His Pro Gln Trp Val Leu Thr Ala Ala

50 55 60

His Cys Leu Lys Lys Asn Ser Gln Val Trp Leu Gly Arg His Asn Leu

65 70 75 80

Phe Glu Pro Glu Asp Thr Gly Gln Arg Val Pro Val Ser His Ser Phe

85 90 95

Pro His Pro Leu Tyr Asn Met Ser Leu Leu Lys His Gln Ser Leu Arg

100 105 110

Pro Asp Glu Asp Ser Ser His Asp Leu Met Leu Leu Arg Leu Ser Glu

115 120 125

Pro Ala Lys Ile Thr Asp Val Val Lys Val Leu Gly Leu Pro Thr Gln
130 135 140
Glu Pro Ala Leu Gly Thr Thr Cys Tyr Ala Ser Gly Trp Gly Ser Ile
145 150 155 160
Glu Pro Glu Glu Phe Leu Arg Pro Arg Ser Leu Gln Cys Val Ser Leu
165 170 175
His Leu Leu Ser Asn Asp Met Cys Ala Arg Ala Tyr Ser Glu Lys Val

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

245 250 255
Ile Ala Ala Asn Pro
260

<210> 437
<211> 49
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> kallikrein-2__Homo_sapiens__Q6T774
<400> 437
Met Trp Asp Leu Val Leu Ser Ile Ala Leu Ser Val Gly Cys Thr Gly
1 5 10 15
Ile Ala Arg Ser Gly Trp Val Gly Thr Thr Cys Leu Ser Leu Lys Thr
20 25 30
Gln Ala Arg Gly Ser Leu Ser Ala Thr Ala Ser His Thr Arg Ser Thr

35 40 45
Ile

<210> 438

<211> 180

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> kallikrein-2__Homo_sapiens__Q6T775

<400> 438

Met Trp Asp Leu Val Leu Ser Ile Ala Leu Ser Val Gly Cys Thr Gly
1 5 10 15

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

Lys His Ser Gln Pro Trp Gln Val Ala Val Tyr Ser His Gly Trp Ala
35 40 45

His Cys Gly Gly Val Leu Val His Pro Gln Trp Val Leu Thr Ala Ala
50 55 60

His Cys Leu Lys Lys Asn Ser Gln Val Trp Leu Gly Arg His Asn Leu
65 70 75 80

Phe Glu Pro Glu Asp Thr Gly Gln Arg Val Pro Val Ser His Ser Phe
85 90 95

Pro His Pro Leu Tyr Asn Met Ser Leu Leu Lys His Gln Ser Leu Arg
100 105 110

Pro Asp Glu Asp Ser Ser His Asp Leu Met Leu Leu Arg Leu Ser Glu
115 120 125

Pro Ala Lys Ile Thr Asp Val Val Lys Val Leu Gly Leu Pro Thr Gln
130 135 140

Glu Pro Ala Leu Gly Thr Thr Cys Tyr Ala Ser Gly Trp Gly Ser Ile
145 150 155 160

Glu Pro Glu Glu Cys Thr Pro Gly Pro Asp Gly Val Ala Gly Ser Pro
165 170 175

Asp Ala Trp Val
180

<210> 439

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> kallikrein-4__Homo_sapiens__A0A0C4DFQ5

<400> 439

Met Ala Thr Ala Gly Asn Pro Trp Gly Trp Phe Leu Gly Tyr Leu Ile
1 5 10 15

Leu Gly Val Ala Gly Ser Leu Val Ser Gly Ser Cys Ser Gln Ile Ile
20 25 30

Asn Gly Glu Asp Cys Ser Pro His Ser Gln Pro Trp Gln Ala Ala Leu
35 40 45

Val Met Glu Asn Glu Leu Phe Cys Ser Gly Val Leu Val His Pro Gln
50 55 60

Trp Val Leu Ser Ala Ala His Cys Phe Gln Asn Ser Tyr Thr Ile Gly
65 70 75 80

Leu Gly Leu His Ser Leu Glu Ala Asp Gln Glu Pro Gly Ser Gln Met
85 90 95

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

Leu Ala Asn Asp Leu Met Leu Ile Lys Leu Asp Glu Ser Val Ser Glu
115 120 125

Ser Asp Thr Ile Arg Ser Ile Ser Ile Ala Ser Gln Cys Pro Thr Ala
130 135 140

Gly Asn Ser Cys Leu Val Ser Gly Trp Gly Leu Leu Ala Asn Gly Arg
145 150 155 160

Met Pro Thr Val Leu Gln Cys Val Asn Val Ser Val Val Ser Glu Glu
165 170 175

Val Cys Ser Lys Leu Tyr Asp Pro Leu Tyr His Pro Ser Met Phe Cys
180 185 190

Ala Gly Gly Gly Gln Asp Gln Lys Asp Ser Cys Asn Gly Asp Ser Gly
195 200 205

Gly Pro Leu Ile Cys Asn Gly Tyr Leu Gln Gly Leu Val Ser Phe Gly
210 215 220

Lys Ala Pro Cys Gly Gln Val Gly Val Pro Gly Val Tyr Thr Asn Leu

225 230 235 240

Cys Lys Phe Thr Glu Trp Ile Glu Lys Thr Val Gln Ala Ser

245 250

<210> 440

<211> 75

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> kallikrein-4__Homo_sapiens__Q5BQA0

<400> 440

Met Ala Thr Ala Gly Asn Pro Trp Gly Trp Phe Leu Gly Tyr Leu Ile

1 5 10 15

Leu Gly Val Ala Gly Ser Leu Val Ser Gly Ser Cys Ser Gln Ile Ile

20 25 30

Asn Gly Glu Asp Cys Ser Pro His Ser Gln Pro Trp Gln Ala Ala Leu

35 40 45

Val Met Glu Asn Glu Leu Phe Cys Ser Gly Val Leu Val His Pro Gln

50 55 60

Trp Val Leu Ser Ala Ala His Cys Phe Gln Lys

65 70 75

<210> 441

<211> 195

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> kallikrein-4__Homo_sapiens__Q96PT0

<400> 441

Met Ala Thr Ala Gly Asn Pro Trp Gly Trp Phe Leu Gly Tyr Leu Ile

1 5 10 15

Leu Gly Val Ala Gly Ser Leu Val Ser Gly Ser Cys Ser Gln Ile Ile

20 25 30

Asn Gly Glu Asp Cys Ser Pro His Ser Gln Pro Trp Gln Ala Ala Leu

35 40 45

Val Met Glu Asn Glu Leu Phe Cys Ser Gly Val Leu Val His Pro Gln

50 55 60

Trp Val Leu Ser Ala Ala His Cys Phe Gln Asn Ser Tyr Thr Ile Gly

65 70 75 80

Leu Gly Leu His Ser Leu Glu Ala Asp Gln Glu Pro Gly Ser Gln Met

85 90 95

Val Glu Ala Ser Leu Ser Val Arg His Pro Glu Tyr Asn Arg Pro Leu

100 105 110

Leu Ala Asn Asp Leu Met Leu Ile Lys Leu Asp Glu Ser Val Ser Glu

115 120 125

Ser Asp Thr Ile Arg Ser Ile Ser Ile Ala Ser Gln Cys Pro Thr Ala

130 135 140

Gly Asn Ser Cys Leu Val Ser Gly Trp Gly Leu Leu Ala Asn Gly Glu

145 150 155 160

Leu Thr Gly Val Cys Leu Pro Ser Ser Arg Arg Ser Ser Ala Gln Ser

165 170 175

Arg Gly Leu Thr Gln Ser Ser Ala Ser Gln Ala Glu Cys Leu Pro Cys

180 185 190

Cys Ser Ala

195

<210> 442

<211> 159

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> kallikrein-4__Homo_sapiens__Q96PT1

<400> 442

Met Ala Thr Ala Gly Asn Pro Trp Gly Trp Phe Leu Gly Tyr Leu Ile

1 5 10 15

Leu Gly Val Ala Gly Ser Leu Val Ser Gly Ser Cys Ser Gln Ile Ile

20 25 30

Asn Gly Glu Asp Cys Ser Pro His Ser Gln Pro Trp Gln Ala Ala Leu

35 40 45

Val Met Glu Asn Glu Leu Phe Cys Ser Gly Val Leu Val His Pro Gln

50 55 60

Trp Val Leu Ser Ala Ala His Cys Phe Gln Asn Ser Tyr Thr Ile Gly

65 70 75 80

Leu Gly Leu His Ser Leu Glu Ala Asp Gln Glu Pro Gly Ser Gln Met

85 90 95

Val Glu Ala Ser Leu Ser Val Arg His Pro Glu Tyr Asn Arg Pro Leu

100 105 110

Leu Ala Asn Asp Leu Met Leu Ile Lys Leu Asp Glu Ser Val Ser Glu

115 120 125

Ser Asp Thr Ile Arg Ser Ile Ser Ile Ala Ser Gln Cys Pro Thr Ala

130 135 140

Gly Asn Ser Cys Leu Val Ser Gly Trp Gly Leu Leu Ala Asn Gly

145 150 155

<210> 443

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> kallikrein-4__Homo_sapiens__Q9Y5K2

<400> 443

Met Ala Thr Ala Gly Asn Pro Trp Gly Trp Phe Leu Gly Tyr Leu Ile

1 5 10 15

Leu Gly Val Ala Gly Ser Leu Val Ser Gly Ser Cys Ser Gln Ile Ile

20 25 30

Asn Gly Glu Asp Cys Ser Pro His Ser Gln Pro Trp Gln Ala Ala Leu

35 40 45

Val Met Glu Asn Glu Leu Phe Cys Ser Gly Val Leu Val His Pro Gln

50 55 60

Trp Val Leu Ser Ala Ala His Cys Phe Gln Asn Ser Tyr Thr Ile Gly

65 70 75 80

Leu Gly Leu His Ser Leu Glu Ala Asp Gln Glu Pro Gly Ser Gln Met

85 90 95

Val Glu Ala Ser Leu Ser Val Arg His Pro Glu Tyr Asn Arg Pro Leu

100 105 110

Leu Ala Asn Asp Leu Met Leu Ile Lys Leu Asp Glu Ser Val Ser Glu

115 120 125

Ser Asp Thr Ile Arg Ser Ile Ser Ile Ala Ser Gln Cys Pro Thr Ala

130 135 140

Gly Asn Ser Cys Leu Val Ser Gly Trp Gly Leu Leu Ala Asn Gly Arg

145 150 155 160

Met Pro Thr Val Leu Gln Cys Val Asn Val Ser Val Val Ser Glu Glu

165 170 175

Val Cys Ser Lys Leu Tyr Asp Pro Leu Tyr His Pro Ser Met Phe Cys

180 185 190

Ala Gly Gly Gly His Asp Gln Lys Asp Ser Cys Asn Gly Asp Ser Gly

195 200 205

Gly Pro Leu Ile Cys Asn Gly Tyr Leu Gln Gly Leu Val Ser Phe Gly

210 215 220

Lys Ala Pro Cys Gly Gln Val Gly Val Pro Gly Val Tyr Thr Asn Leu

225 230 235 240

Cys Lys Phe Thr Glu Trp Ile Glu Lys Thr Val Gln Ala Ser

245 250

<210> 444

<211> 890

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> KI20A__Homo_sapiens__O95235

<400> 444

Met Ser Gln Gly Ile Leu Ser Pro Pro Ala Gly Leu Leu Ser Asp Asp

1 5 10 15

Asp Val Val Val Ser Pro Met Phe Glu Ser Thr Ala Ala Asp Leu Gly

20 25 30

Ser Val Val Arg Lys Asn Leu Leu Ser Asp Cys Ser Val Val Ser Thr

35 40 45

Ser Leu Glu Asp Lys Gln Gln Val Pro Ser Glu Asp Ser Met Glu Lys

50 55 60

Val Lys Val Tyr Leu Arg Val Arg Pro Leu Leu Pro Ser Glu Leu Glu

65 70 75 80

Arg Gln Glu Asp Gln Gly Cys Val Arg Ile Glu Asn Val Glu Thr Leu

85 90 95

Val Leu Gln Ala Pro Lys Asp Ser Phe Ala Leu Lys Ser Asn Glu Arg

100 105 110

Gly Ile Gly Gln Ala Thr His Arg Phe Thr Phe Ser Gln Ile Phe Gly

115 120 125

Pro Glu Val Gly Gln Ala Ser Phe Phe Asn Leu Thr Val Lys Glu Met

130 135 140

Val Lys Asp Val Leu Lys Gly Gln Asn Trp Leu Ile Tyr Thr Tyr Gly

145 150 155 160

Val Thr Asn Ser Gly Lys Thr His Thr Ile Gln Gly Thr Ile Lys Asp

165 170 175

Gly Gly Ile Leu Pro Arg Ser Leu Ala Leu Ile Phe Asn Ser Leu Gln

180 185 190

Gly Gln Leu His Pro Thr Pro Asp Leu Lys Pro Leu Leu Ser Asn Glu

195 200 205

Val Ile Trp Leu Asp Ser Lys Gln Ile Arg Gln Glu Glu Met Lys Lys

210 215 220

Leu Ser Leu Leu Asn Gly Gly Leu Gln Glu Glu Glu Leu Ser Thr Ser

225 230 235 240

Leu Lys Arg Ser Val Tyr Ile Glu Ser Arg Ile Gly Thr Ser Thr Ser

245 250 255

Phe Asp Ser Gly Ile Ala Gly Leu Ser Ser Ile Ser Gln Cys Thr Ser

260 265 270

Ser Ser Gln Leu Asp Glu Thr Ser His Arg Trp Ala Gln Pro Asp Thr

275 280 285

Ala Pro Leu Pro Val Pro Ala Asn Ile Arg Phe Ser Ile Trp Ile Ser
290 295 300
Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu Leu Tyr Asp Leu Leu Glu Pro Pro
305 310 315 320
Ser Gln Gln Arg Lys Arg Gln Thr Leu Arg Leu Cys Glu Asp Gln Asn

325 330 335
Gly Asn Pro Tyr Val Lys Asp Leu Asn Trp Ile His Val Gln Asp Ala
340 345 350
Glu Glu Ala Trp Lys Leu Leu Lys Val Gly Arg Lys Asn Gln Ser Phe
355 360 365
Ala Ser Thr His Leu Asn Gln Asn Ser Ser Arg Ser His Ser Ile Phe
370 375 380
Ser Ile Arg Ile Leu His Leu Gln Gly Glu Gly Asp Ile Val Pro Lys

385 390 395 400
Ile Ser Glu Leu Ser Leu Cys Asp Leu Ala Gly Ser Glu Arg Cys Lys
405 410 415
Asp Gln Lys Ser Gly Glu Arg Leu Lys Glu Ala Gly Asn Ile Asn Thr
420 425 430
Ser Leu His Thr Leu Gly Arg Cys Ile Ala Ala Leu Arg Gln Asn Gln
435 440 445
Gln Asn Arg Ser Lys Gln Asn Leu Val Pro Phe Arg Asp Ser Lys Leu

450 455 460
Thr Arg Val Phe Gln Gly Phe Phe Thr Gly Arg Gly Arg Ser Cys Met
465 470 475 480
Ile Val Asn Val Asn Pro Cys Ala Ser Thr Tyr Asp Glu Thr Leu His
485 490 495
Val Ala Lys Phe Ser Ala Ile Ala Ser Gln Leu Val His Ala Pro Pro
500 505 510
Met Gln Leu Gly Phe Pro Ser Leu His Ser Phe Ile Lys Glu His Ser

515 520 525
Leu Gln Val Ser Pro Ser Leu Glu Lys Gly Ala Lys Ala Asp Thr Gly

530 535 540

Leu Asp Asp Asp Ile Glu Asn Glu Ala Asp Ile Ser Met Tyr Gly Lys

545 550 555 560

Glu Glu Leu Leu Gln Val Val Glu Ala Met Lys Thr Leu Leu Leu Lys

565 570 575

Glu Arg Gln Glu Lys Leu Gln Leu Glu Met His Leu Arg Asp Glu Ile

580 585 590

Cys Asn Glu Met Val Glu Gln Met Gln Gln Arg Glu Gln Trp Cys Ser

595 600 605

Glu His Leu Asp Thr Gln Lys Glu Leu Leu Glu Glu Met Tyr Glu Glu

610 615 620

Lys Leu Asn Ile Leu Lys Glu Ser Leu Thr Ser Phe Tyr Gln Glu Glu

625 630 635 640

Ile Gln Glu Arg Asp Glu Lys Ile Glu Glu Leu Glu Ala Leu Leu Gln

645 650 655

Glu Ala Arg Gln Gln Ser Val Ala His Gln Gln Ser Gly Ser Glu Leu

660 665 670

Ala Leu Arg Arg Ser Gln Arg Leu Ala Ala Ser Ala Ser Thr Gln Gln

675 680 685

Leu Gln Glu Val Lys Ala Lys Leu Gln Gln Cys Lys Ala Glu Leu Asn

690 695 700

Ser Thr Thr Glu Glu Leu His Lys Tyr Gln Lys Met Leu Glu Pro Pro

705 710 715 720

Pro Ser Ala Lys Pro Phe Thr Ile Asp Val Asp Lys Lys Leu Glu Glu

725 730 735

Gly Gln Lys Asn Ile Arg Leu Leu Arg Thr Glu Leu Gln Lys Leu Gly

740 745 750

Glu Ser Leu Gln Ser Ala Glu Arg Ala Cys Cys His Ser Thr Gly Ala

755 760 765

Gly Lys Leu Arg Gln Ala Leu Thr Thr Cys Asp Asp Ile Leu Ile Lys

770 775 780

Gln Asp Gln Thr Leu Ala Glu Leu Gln Asn Asn Met Val Leu Val Lys
785 790 795 800
Leu Asp Leu Arg Lys Lys Ala Ala Cys Ile Ala Glu Gln Tyr His Thr
805 810 815
Val Leu Lys Leu Gln Gly Gln Val Ser Ala Lys Lys Arg Leu Gly Thr
820 825 830
Asn Gln Glu Asn Gln Gln Pro Asn Gln Gln Pro Pro Gly Lys Lys Pro

835 840 845
Phe Leu Arg Asn Leu Leu Pro Arg Thr Pro Thr Cys Gln Ser Ser Thr
850 855 860
Asp Cys Ser Pro Tyr Ala Arg Ile Leu Arg Ser Arg Arg Ser Pro Leu
865 870 875 880
Leu Lys Ser Gly Pro Phe Gly Lys Lys Tyr
885 890

<210> 445
<211> 370
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> KIAA0205__Homo_sapiens__Q92604

<400> 445
Met Ala Ile Thr Leu Glu Glu Ala Pro Trp Leu Gly Trp Leu Leu Val
1 5 10 15
Lys Ala Leu Met Arg Phe Ala Phe Met Val Val Asn Asn Leu Val Ala
20 25 30
Ile Pro Ser Tyr Ile Cys Tyr Val Ile Ile Leu Gln Pro Leu Arg Val
35 40 45
Leu Asp Ser Lys Arg Phe Trp Tyr Ile Glu Gly Ile Met Tyr Lys Trp
50 55 60

Leu Leu Gly Met Val Ala Ser Trp Gly Trp Tyr Ala Gly Tyr Thr Val
65 70 75 80
Met Glu Trp Gly Glu Asp Ile Lys Ala Val Ser Lys Asp Glu Ala Val
85 90 95

Met Leu Val Asn His Gln Ala Thr Gly Asp Val Cys Thr Leu Met Met
100 105 110
Cys Leu Gln Asp Lys Gly Leu Val Val Ala Gln Met Met Trp Leu Met
115 120 125

Asp His Ile Phe Lys Tyr Thr Asn Phe Gly Ile Val Ser Leu Val His
130 135 140
Gly Asp Phe Phe Ile Arg Gln Gly Arg Ser Tyr Arg Asp Gln Gln Leu
145 150 155 160
Leu Leu Leu Lys Lys His Leu Glu Asn Asn Tyr Arg Ser Arg Asp Arg
165 170 175
Lys Trp Ile Val Leu Phe Pro Glu Gly Gly Phe Leu Arg Lys Arg Arg
180 185 190

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

Ile Ala Tyr Pro Lys Ala Glu Pro Ile Asp Ile Gln Thr Trp Ile Leu
260 265 270
Gly Tyr Arg Lys Pro Thr Val Thr His Val His Tyr Arg Ile Phe Pro
275 280 285
Ile Lys Asp Val Pro Leu Glu Thr Asp Asp Leu Thr Thr Trp Leu Tyr
290 295 300
Gln Arg Phe Val Glu Lys Glu Asp Leu Leu Ser His Phe Tyr Glu Thr
305 310 315 320

Gly Ala Phe Pro Pro Ser Lys Gly His Lys Glu Ala Val Ser Arg Glu
325 330 335
Met Thr Leu Ser Asn Leu Trp Ile Phe Leu Ile Gln Ser Phe Ala Phe

340 345 350

Leu Ser Gly Tyr Met Trp Tyr Asn Ile Ile Gln Tyr Phe Tyr His Cys

355 360 365

Leu Phe

370

<210> 446

<211> 725

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> KIF2C__Homo_sapiens__Q99661

<400> 446

Met Ala Met Asp Ser Ser Leu Gln Ala Arg Leu Phe Pro Gly Leu Ala

1 5 10 15

Ile Lys Ile Gln Arg Ser Asn Gly Leu Ile His Ser Ala Asn Val Arg

20 25 30

Thr Val Asn Leu Glu Lys Ser Cys Val Ser Val Glu Trp Ala Glu Gly

35 40 45

Gly Ala Thr Lys Gly Lys Glu Ile Asp Phe Asp Asp Val Ala Ala Ile

50 55 60

Asn Pro Glu Leu Leu Gln Leu Leu Pro Leu His Pro Lys Asp Asn Leu

65 70 75 80

Pro Leu Gln Glu Asn Val Thr Ile Gln Lys Gln Lys Arg Arg Ser Val

85 90 95

Asn Ser Lys Ile Pro Ala Pro Lys Glu Ser Leu Arg Ser Arg Ser Thr

100 105 110

Arg Met Ser Thr Val Ser Glu Leu Arg Ile Thr Ala Gln Glu Asn Asp

115 120 125

Met Glu Val Glu Leu Pro Ala Ala Ala Asn Ser Arg Lys Gln Phe Ser

130 135 140

Val Pro Pro Ala Pro Thr Arg Pro Ser Cys Pro Ala Val Ala Glu Ile

145 150 155 160

Pro Leu Arg Met Val Ser Glu Glu Met Glu Glu Gln Val His Ser Ile

165 170 175

Arg Gly Ser Ser Ser Ala Asn Pro Val Asn Ser Val Arg Arg Lys Ser

180 185 190

Cys Leu Val Lys Glu Val Glu Lys Met Lys Asn Lys Arg Glu Glu Lys

195 200 205

Lys Ala Gln Asn Ser Glu Met Arg Met Lys Arg Ala Gln Glu Tyr Asp

210 215 220

Ser Ser Phe Pro Asn Trp Glu Phe Ala Arg Met Ile Lys Glu Phe Arg

225 230 235 240

Ala Thr Leu Glu Cys His Pro Leu Thr Met Thr Asp Pro Ile Glu Glu

245 250 255

His Arg Ile Cys Val Cys Val Arg Lys Arg Pro Leu Asn Lys Gln Glu

260 265 270

Leu Ala Lys Lys Glu Ile Asp Val Ile Ser Ile Pro Ser Lys Cys Leu

275 280 285

Leu Leu Val His Glu Pro Lys Leu Lys Val Asp Leu Thr Lys Tyr Leu

290 295 300

Glu Asn Gln Ala Phe Cys Phe Asp Phe Ala Phe Asp Glu Thr Ala Ser

305 310 315 320

Asn Glu Val Val Tyr Arg Phe Thr Ala Arg Pro Leu Val Gln Thr Ile

325 330 335

Phe Glu Gly Gly Lys Ala Thr Cys Phe Ala Tyr Gly Gln Thr Gly Ser

340 345 350

Gly Lys Thr His Thr Met Gly Gly Asp Leu Ser Gly Lys Ala Gln Asn

355 360 365

Ala Ser Lys Gly Ile Tyr Ala Met Ala Ser Arg Asp Val Phe Leu Leu

370 375 380

Lys Asn Gln Pro Cys Tyr Arg Lys Leu Gly Leu Glu Val Tyr Val Thr

385 390 395 400

Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Gly Lys Leu Phe Asp Leu Leu Asn Lys Lys

405 410 415

Ala Lys Leu Arg Val Leu Glu Asp Gly Lys Gln Gln Val Gln Val Val
420 425 430
Gly Leu Gln Glu His Leu Val Asn Ser Ala Asp Asp Val Ile Lys Met
435 440 445

Ile Asp Met Gly Ser Ala Cys Arg Thr Ser Gly Gln Thr Phe Ala Asn
450 455 460
Ser Asn Ser Ser Arg Ser His Ala Cys Phe Gln Ile Ile Leu Arg Ala
465 470 475 480
Lys Gly Arg Met His Gly Lys Phe Ser Leu Val Asp Leu Ala Gly Asn
485 490 495
Glu Arg Gly Ala Asp Thr Ser Ser Ala Asp Arg Gln Thr Arg Met Glu
500 505 510

Gly Ala Glu Ile Asn Lys Ser Leu Leu Ala Leu Lys Glu Cys Ile Arg
515 520 525
Ala Leu Gly Gln Asn Lys Ala His Thr Pro Phe Arg Glu Ser Lys Leu
530 535 540
Thr Gln Val Leu Arg Asp Ser Phe Ile Gly Glu Asn Ser Arg Thr Cys
545 550 555 560
Met Ile Ala Thr Ile Ser Pro Gly Ile Ser Ser Cys Glu Tyr Thr Leu
565 570 575

Asn Thr Leu Arg Tyr Ala Asp Arg Val Lys Glu Leu Ser Pro His Ser
580 585 590
Gly Pro Ser Gly Glu Gln Leu Ile Gln Met Glu Thr Glu Glu Met Glu
595 600 605
Ala Cys Ser Asn Gly Ala Leu Ile Pro Gly Asn Leu Ser Lys Glu Glu
610 615 620
Glu Glu Leu Ser Ser Gln Met Ser Ser Phe Asn Glu Ala Met Thr Gln
625 630 635 640

Ile Arg Glu Leu Glu Glu Lys Ala Met Glu Glu Leu Lys Glu Ile Ile
645 650 655
Gln Gln Gly Pro Asp Trp Leu Glu Leu Ser Glu Met Thr Glu Gln Pro

660 665 670

Asp Tyr Asp Leu Glu Thr Phe Val Asn Lys Ala Glu Ser Ala Leu Ala

675 680 685

Gln Gln Ala Lys His Phe Ser Ala Leu Arg Asp Val Ile Lys Ala Leu

690 695 700

Arg Leu Ala Met Gln Leu Glu Glu Gln Ala Ser Arg Gln Ile Ser Ser

705 710 715 720

Lys Lys Arg Pro Gln

725

<210> 447

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> KK-LC-1__Homo_sapiens__Q5H943

<400> 447

Met Asn Phe Tyr Leu Leu Leu Ala Ser Ser Ile Leu Cys Ala Leu Ile

1 5 10 15

Val Phe Trp Lys Tyr Arg Arg Phe Gln Arg Asn Thr Gly Glu Met Ser

20 25 30

Ser Asn Ser Thr Ala Leu Ala Leu Val Arg Pro Ser Ser Ser Gly Leu

35 40 45

Ile Asn Ser Asn Thr Asp Asn Asn Leu Ala Val Tyr Asp Leu Ser Arg

50 55 60

Asp Ile Leu Asn Asn Phe Pro His Ser Ile Ala Arg Gln Lys Arg Ile

65 70 75 80

Leu Val Asn Leu Ser Met Val Glu Asn Lys Leu Val Glu Leu Glu His

85 90 95

Thr Leu Leu Ser Lys Gly Phe Arg Gly Ala Ser Pro His Arg Lys Ser

100 105 110

Thr

<210> 448

<211> 860

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> LDLR__Homo_sapiens__P01130

<400> 448

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

Gln Cys Gln Asp Gly Lys Cys Ile Ser Tyr Lys Trp Val Cys Asp Gly
35 40 45
Ser Ala Glu Cys Gln Asp Gly Ser Asp Glu Ser Gln Glu Thr Cys Leu
50 55 60
Ser Val Thr Cys Lys Ser Gly Asp Phe Ser Cys Gly Gly Arg Val Asn
65 70 75 80
Arg Cys Ile Pro Gln Phe Trp Arg Cys Asp Gly Gln Val Asp Cys Asp
85 90 95

Asn Gly Ser Asp Glu Gln Gly Cys Pro Pro Lys Thr Cys Ser Gln Asp
100 105 110
Glu Phe Arg Cys His Asp Gly Lys Cys Ile Ser Arg Gln Phe Val Cys
115 120 125
Asp Ser Asp Arg Asp Cys Leu Asp Gly Ser Asp Glu Ala Ser Cys Pro
130 135 140
Val Leu Thr Cys Gly Pro Ala Ser Phe Gln Cys Asn Ser Ser Thr Cys
145 150 155 160

Ile Pro Gln Leu Trp Ala Cys Asp Asn Asp Pro Asp Cys Glu Asp Gly
165 170 175
Ser Asp Glu Trp Pro Gln Arg Cys Arg Gly Leu Tyr Val Phe Gln Gly
180 185 190
Asp Ser Ser Pro Cys Ser Ala Phe Glu Phe His Cys Leu Ser Gly Glu
195 200 205
Cys Ile His Ser Ser Trp Arg Cys Asp Gly Gly Pro Asp Cys Lys Asp

210 215 220

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

Cys Ile Thr Leu Asp Lys Val Cys Asn Met Ala Arg Asp Cys Arg Asp
290 295 300
Trp Ser Asp Glu Pro Ile Lys Glu Cys Gly Thr Asn Glu Cys Leu Asp
305 310 315 320
Asn Asn Gly Gly Cys Ser His Val Cys Asn Asp Leu Lys Ile Gly Tyr
325 330 335
Glu Cys Leu Cys Pro Asp Gly Phe Gln Leu Val Ala Gln Arg Arg Cys
340 345 350

Glu Asp Ile Asp Glu Cys Gln Asp Pro Asp Thr Cys Ser Gln Leu Cys
355 360 365
Val Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Lys Cys Gln Cys Glu Glu Gly Phe Gln
370 375 380
Leu Asp Pro His Thr Lys Ala Cys Lys Ala Val Gly Ser Ile Ala Tyr
385 390 395 400
Leu Phe Phe Thr Asn Arg His Glu Val Arg Lys Met Thr Leu Asp Arg
405 410 415

Ser Glu Tyr Thr Ser Leu Ile Pro Asn Leu Arg Asn Val Val Ala Leu
420 425 430
Asp Thr Glu Val Ala Ser Asn Arg Ile Tyr Trp Ser Asp Leu Ser Gln
435 440 445
Arg Met Ile Cys Ser Thr Gln Leu Asp Arg Ala His Gly Val Ser Ser
450 455 460

Tyr Asp Thr Val Ile Ser Arg Asp Ile Gln Ala Pro Asp Gly Leu Ala
465 470 475 480

Val Asp Trp Ile His Ser Asn Ile Tyr Trp Thr Asp Ser Val Leu Gly
485 490 495

Thr Val Ser Val Ala Asp Thr Lys Gly Val Lys Arg Lys Thr Leu Phe
500 505 510

Arg Glu Asn Gly Ser Lys Pro Arg Ala Ile Val Val Asp Pro Val His
515 520 525

Gly Phe Met Tyr Trp Thr Asp Trp Gly Thr Pro Ala Lys Ile Lys Lys
530 535 540

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

Gln Trp Pro Asn Gly Ile Thr Leu Asp Leu Leu Ser Gly Arg Leu Tyr
565 570 575

Trp Val Asp Ser Lys Leu His Ser Ile Ser Ser Ile Asp Val Asn Gly
580 585 590

Gly Asn Arg Lys Thr Ile Leu Glu Asp Glu Lys Arg Leu Ala His Pro
595 600 605

Phe Ser Leu Ala Val Phe Glu Asp Lys Val Phe Trp Thr Asp Ile Ile
610 615 620

Asn Glu Ala Ile Phe Ser Ala Asn Arg Leu Thr Gly Ser Asp Val Asn
625 630 635 640

Leu Leu Ala Glu Asn Leu Leu Ser Pro Glu Asp Met Val Leu Phe His
645 650 655

Asn Leu Thr Gln Pro Arg Gly Val Asn Trp Cys Glu Arg Thr Thr Leu
660 665 670

Ser Asn Gly Gly Cys Gln Tyr Leu Cys Leu Pro Ala Pro Gln Ile Asn
675 680 685

Pro His Ser Pro Lys Phe Thr Cys Ala Cys Pro Asp Gly Met Leu Leu
690 695 700

Ala Arg Asp Met Arg Ser Cys Leu Thr Glu Ala Glu Ala Ala Val Ala

705 710 715 720

Thr Gln Glu Thr Ser Thr Val Arg Leu Lys Val Ser Ser Thr Ala Val

725 730 735

Arg Thr Gln His Thr Thr Thr Arg Pro Val Pro Asp Thr Ser Arg Leu

740 745 750

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

755 760 765

His Gln Ala Leu Gly Asp Val Ala Gly Arg Gly Asn Glu Lys Lys Pro

770 775 780

Ser Ser Val Arg Ala Leu Ser Ile Val Leu Pro Ile Val Leu Leu Val

785 790 795 800

Phe Leu Cys Leu Gly Val Phe Leu Leu Trp Lys Asn Trp Arg Leu Lys

805 810 815

Asn Ile Asn Ser Ile Asn Phe Asp Asn Pro Val Tyr Gln Lys Thr Thr

820 825 830

Glu Asp Glu Val His Ile Cys His Asn Gln Asp Gly Tyr Ser Tyr Pro

835 840 845

Ser Arg Gln Met Val Ser Leu Glu Asp Asp Val Ala

850 855 860

<210> 449

<

211> 433

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> LGMN__Homo_sapiens__Q99538

<400> 449

Met Val Trp Lys Val Ala Val Phe Leu Ser Val Ala Leu Gly Ile Gly

1 5 10 15

Ala Val Pro Ile Asp Asp Pro Glu Asp Gly Gly Lys His Trp Val Val

20 25 30

Ile Val Ala Gly Ser Asn Gly Trp Tyr Asn Tyr Arg His Gln Ala Asp

35 40 45

Ala Cys His Ala Tyr Gln Ile Ile His Arg Asn Gly Ile Pro Asp Glu

50 55 60

Gln Ile Val Val Met Met Tyr Asp Asp Ile Ala Tyr Ser Glu Asp Asn

65 70 75 80

Pro Thr Pro Gly Ile Val Ile Asn Arg Pro Asn Gly Thr Asp Val Tyr

85 90 95

Gln Gly Val Pro Lys Asp Tyr Thr Gly Glu Asp Val Thr Pro Gln Asn

100 105 110

Phe Leu Ala Val Leu Arg Gly Asp Ala Glu Ala Val Lys Gly Ile Gly

115 120 125

Ser Gly Lys Val Leu Lys Ser Gly Pro Gln Asp His Val Phe Ile Tyr

130 135 140

Phe Thr Asp His Gly Ser Thr Gly Ile Leu Val Phe Pro Asn Glu Asp

145 150 155 160

Leu His Val Lys Asp Leu Asn Glu Thr Ile His Tyr Met Tyr Lys His

165 170 175

Lys Met Tyr Arg Lys Met Val Phe Tyr Ile Glu Ala Cys Glu Ser Gly

180 185 190

Ser Met Met Asn His Leu Pro Asp Asn Ile Asn Val Tyr Ala Thr Thr

195 200 205

Ala Ala Asn Pro Arg Glu Ser Ser Tyr Ala Cys Tyr Tyr Asp Glu Lys

210 215 220

Arg Ser Thr Tyr Leu Gly Asp Trp Tyr Ser Val Asn Trp Met Glu Asp

225 230 235 240

Ser Asp Val Glu Asp Leu Thr Lys Glu Thr Leu His Lys Gln Tyr His

245 250 255

Leu Val Lys Ser His Thr Asn Thr Ser His Val Met Gln Tyr Gly Asn

260 265 270

Lys Thr Ile Ser Thr Met Lys Val Met Gln Phe Gln Gly Met Lys Arg

275 280 285

Lys Ala Ser Ser Pro Val Pro Leu Pro Pro Val Thr His Leu Asp Leu

290 295 300

Thr Pro Ser Pro Asp Val Pro Leu Thr Ile Met Lys Arg Lys Leu Met

305 310 315 320

Asn Thr Asn Asp Leu Glu Glu Ser Arg Gln Leu Thr Glu Glu Ile Gln

325 330 335

Arg His Leu Asp Ala Arg His Leu Ile Glu Lys Ser Val Arg Lys Ile

340 345 350

Val Ser Leu Leu Ala Ala Ser Glu Ala Glu Val Glu Gln Leu Leu Ser

355 360 365

Glu Arg Ala Pro Leu Thr Gly His Ser Cys Tyr Pro Glu Ala Leu Leu

370 375 380

His Phe Arg Thr His Cys Phe Asn Trp His Ser Pro Thr Tyr Glu Tyr

385 390 395 400

Ala Leu Arg His Leu Tyr Val Leu Val Asn Leu Cys Glu Lys Pro Tyr

405 410 415

Pro Leu His Arg Ile Lys Leu Ser Met Asp His Val Cys Leu Gly His

420 425 430

Tyr

<210> 450

<211> 598

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> LIRB2__Homo_sapiens__Q8N423

<400> 450

Met Thr Pro Ile Val Thr Val Leu Ile Cys Leu Gly Leu Ser Leu Gly

1 5 10 15

Pro Arg Thr His Val Gln Thr Gly Thr Ile Pro Lys Pro Thr Leu Trp

20 25 30

Ala Glu Pro Asp Ser Val Ile Thr Gln Gly Ser Pro Val Thr Leu Ser

35 40 45

Cys Gln Gly Ser Leu Glu Ala Gln Glu Tyr Arg Leu Tyr Arg Glu Lys

50 55 60

Lys Ser Ala Ser Trp Ile Thr Arg Ile Arg Pro Glu Leu Val Lys Asn

65 70 75 80

Gly Gln Phe His Ile Pro Ser Ile Thr Trp Glu His Thr Gly Arg Tyr

85 90 95

Gly Cys Gln Tyr Tyr Ser Arg Ala Arg Trp Ser Glu Leu Ser Asp Pro

100 105 110

Leu Val Leu Val Met Thr Gly Ala Tyr Pro Lys Pro Thr Leu Ser Ala

115 120 125

Gln Pro Ser Pro Val Val Thr Ser Gly Gly Arg Val Thr Leu Gln Cys

130 135 140

Glu Ser Gln Val Ala Phe Gly Gly Phe Ile Leu Cys Lys Glu Gly Glu

145 150 155 160

Glu Glu His Pro Gln Cys Leu Asn Ser Gln Pro His Ala Arg Gly Ser

165 170 175

Ser Arg Ala Ile Phe Ser Val Gly Pro Val Ser Pro Asn Arg Arg Trp

180 185 190

Ser His Arg Cys Tyr Gly Tyr Asp Leu Asn Ser Pro Tyr Val Trp Ser

195 200 205

Ser Pro Ser Asp Leu Leu Glu Leu Leu Val Pro Gly Val Ser Lys Lys

210 215 220

Pro Ser Leu Ser Val Gln Pro Gly Pro Val Val Ala Pro Gly Glu Ser

225 230 235 240

Leu Thr Leu Gln Cys Val Ser Asp Val Gly Tyr Asp Arg Phe Val Leu

245 250 255

Tyr Lys Glu Gly Glu Arg Asp Leu Arg Gln Leu Pro Gly Arg Gln Pro

260 265 270

Gln Ala Gly Leu Ser Gln Ala Asn Phe Thr Leu Gly Pro Val Ser Arg

275 280 285

Ser Tyr Gly Gly Gln Tyr Arg Cys Tyr Gly Ala His Asn Leu Ser Ser

290 295 300

Glu Cys Ser Ala Pro Ser Asp Pro Leu Asp Ile Leu Ile Thr Gly Gln

305 310 315 320

Ile Arg Gly Thr Pro Phe Ile Ser Val Gln Pro Gly Pro Thr Val Ala

325 330 335

Ser Gly Glu Asn Val Thr Leu Leu Cys Gln Ser Trp Arg Gln Phe His

340 345 350

Thr Phe Leu Leu Thr Lys Ala Gly Ala Ala Asp Ala Pro Leu Arg Leu

355 360 365

Arg Ser Ile His Glu Tyr Pro Lys Tyr Gln Ala Glu Phe Pro Met Ser

370 375 380

Pro Val Thr Ser Ala His Ala Gly Thr Tyr Arg Cys Tyr Gly Ser Leu

385 390 395 400

Asn Ser Asp Pro Tyr Leu Leu Ser His Pro Ser Glu Pro Leu Glu Leu

405 410 415

Val Val Ser Gly Pro Ser Met Gly Ser Ser Pro Pro Pro Thr Gly Pro

420 425 430

Ile Ser Thr Pro Ala Gly Pro Glu Asp Gln Pro Leu Thr Pro Thr Gly

435 440 445

Ser Asp Pro Gln Ser Gly Leu Gly Arg His Leu Gly Val Val Ile Gly

450 455 460

Ile Leu Val Ala Val Val Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu Phe

465 470 475 480

Leu Ile Leu Arg His Arg Arg Gln Gly Lys His Trp Thr Ser Thr Gln

485 490 495

Arg Lys Ala Asp Phe Gln His Pro Ala Gly Ala Val Gly Pro Glu Pro

500 505 510

Thr Asp Arg Gly Leu Gln Trp Arg Ser Ser Pro Ala Ala Asp Ala Gln

515 520 525

Glu Glu Asn Leu Tyr Ala Ala Val Lys Asp Thr Gln Pro Glu Asp Gly

530 535 540

Val Glu Met Asp Thr Arg Ala Ala Ala Ser Glu Ala Pro Gln Asp Val

545 550 555 560

Thr Tyr Ala Gln Leu His Ser Leu Thr Leu Arg Arg Lys Ala Thr Glu

565 570 575

Pro Pro Pro Ser Gln Glu Arg Glu Pro Pro Ala Glu Pro Ser Ile Tyr

580 585 590

Ala Thr Leu Ala Ile His

595

<210> 451

<211> 165

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> LY6K__Homo_sapiens__Q17RY6

<400> 451

Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp

1 5 10 15

Thr Asp Ala Asn Leu Thr Ala Arg Gln Arg Asp Pro Glu Asp Ser Gln

20 25 30

Arg Thr Asp Glu Gly Asp Asn Arg Val Trp Cys His Val Cys Glu Arg

35 40 45

Glu Asn Thr Phe Glu Cys Gln Asn Pro Arg Arg Cys Lys Trp Thr Glu

50 55 60

Pro Tyr Cys Val Ile Ala Ala Val Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met

65 70 75 80

Val Ala Lys Gln Cys Ser Ala Gly Cys Ala Ala Met Glu Arg Pro Lys

85 90 95

Pro Glu Glu Lys Arg Phe Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe Tyr

100 105 110

Leu Lys Cys Cys Lys Ile Arg Tyr Cys Asn Leu Glu Gly Pro Pro Ile

115 120 125

Asn Ser Ser Val Phe Lys Glu Tyr Ala Gly Ser Met Gly Glu Ser Cys

130 135 140

Gly Gly Leu Trp Leu Ala Ile Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala

145 150 155 160

Gly Leu Ser Leu Ser

165

<210> 452

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGA5__Homo_sapiens__P43359

<400> 452

Met Ser Leu Glu Gln Lys Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Glu Glu Gln Glu Ala Val Ser Ser Ser Ser Pro Leu Val Pro Gly

35 40 45

Thr Leu Gly Glu Val Pro Ala Ala Gly Ser Pro Gly Pro Leu Lys Ser

50 55 60

Pro Gln Gly Ala Ser Ala Ile Pro Thr Ala Ile Asp Phe Thr Leu Trp

65 70 75 80

Arg Gln Ser Ile Lys Gly Ser Ser Asn Gln Glu Glu Glu Gly Pro Ser

85 90 95

Thr Ser Pro Asp Pro Glu Ser Val Phe Arg Ala Ala Leu Ser Lys Lys

100 105 110

Val Ala Asp Leu Ile His Phe Leu Leu Leu Lys Tyr

115 120

<210> 453

<211> 318

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGA8__Homo_sapiens__P43361

<400> 453

Met Leu Leu Gly Gln Lys Ser Gln Arg Tyr Lys Ala Glu Glu Gly Leu
1 5 10 15
Gln Ala Gln Gly Glu Ala Pro Gly Leu Met Asp Val Gln Ile Pro Thr
20 25 30

Ala Glu Glu Gln Lys Ala Ala Ser Ser Ser Ser Thr Leu Ile Met Gly
35 40 45
Thr Leu Glu Glu Val Thr Asp Ser Gly Ser Pro Ser Pro Pro Gln Ser
50 55 60
Pro Glu Gly Ala Ser Ser Ser Leu Thr Val Thr Asp Ser Thr Leu Trp
65 70 75 80
Ser Gln Ser Asp Glu Gly Ser Ser Ser Asn Glu Glu Glu Gly Pro Ser
85 90 95

Thr Ser Pro Asp Pro Ala His Leu Glu Ser Leu Phe Arg Glu Ala Leu
100 105 110
Asp Glu Lys Val Ala Glu Leu Val Arg Phe Leu Leu Arg Lys Tyr Gln
115 120 125
Ile Lys Glu Pro Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Glu Ser Val Ile Lys
130 135 140
Asn Tyr Lys Asn His Phe Pro Asp Ile Phe Ser Lys Ala Ser Glu Cys
145 150 155 160

Met Gln Val Ile Phe Gly Ile Asp Val Lys Glu Val Asp Pro Ala Gly
165 170 175
His Ser Tyr Ile Leu Val Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu
180 185 190
Leu Gly Asp Asp Gln Ser Thr Pro Lys Thr Gly Leu Leu Ile Ile Val
195 200 205
Leu Gly Met Ile Leu Met Glu Gly Ser Arg Ala Pro Glu Glu Ala Ile
210 215 220

Trp Glu Ala Leu Ser Val Met Gly Leu Tyr Asp Gly Arg Glu His Ser
225 230 235 240
Val Tyr Trp Lys Leu Arg Lys Leu Leu Thr Gln Glu Trp Val Gln Glu

245 250 255

Asn Tyr Leu Glu Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Ser Asp Pro Val Arg Tyr

260 265 270

Glu Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala Leu Ala Glu Thr Ser Tyr Val Lys

275 280 285

Val Leu Glu His Val Val Arg Val Asn Ala Arg Val Arg Ile Ser Tyr

290 295 300

Pro Ser Leu His Glu Glu Ala Leu Gly Glu Glu Lys Gly Val

305 310 315

<210> 454

<211> 429

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGAB__Homo_sapiens__P43364

<400> 454

Met Glu Thr Gln Phe Arg Arg Gly Gly Leu Gly Cys Ser Pro Ala Ser

1 5 10 15

Ile Lys Arg Lys Lys Lys Arg Glu Asp Ser Gly Asp Phe Gly Leu Gln

20 25 30

Val Ser Thr Met Phe Ser Glu Asp Asp Phe Gln Ser Thr Glu Arg Ala

35 40 45

Pro Tyr Gly Pro Gln Leu Gln Trp Ser Gln Asp Leu Pro Arg Val Gln

50 55 60

Val Phe Arg Glu Gln Ala Asn Leu Glu Asp Arg Ser Pro Arg Arg Thr

65 70 75 80

Gln Arg Ile Thr Gly Gly Glu Gln Val Leu Trp Gly Pro Ile Thr Gln

85 90 95

Ile Phe Pro Thr Val Arg Pro Ala Asp Leu Thr Arg Val Ile Met Pro

100 105 110

Leu Glu Gln Arg Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu Gln Ala

115 120 125

Gln Glu Glu Asp Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Leu Gln Ala Glu

130 135 140

Glu Gln Glu Ala Ala Phe Phe Ser Ser Thr Leu Asn Val Gly Thr Leu

145 150 155 160

Glu Glu Leu Pro Ala Ala Glu Ser Pro Ser Pro Pro Gln Ser Pro Gln

165 170 175

Glu Glu Ser Phe Ser Pro Thr Ala Met Asp Ala Ile Phe Gly Ser Leu

180 185 190

Ser Asp Glu Gly Ser Gly Ser Gln Glu Lys Glu Gly Pro Ser Thr Ser

195 200 205

Pro Asp Leu Ile Asp Pro Glu Ser Phe Ser Gln Asp Ile Leu His Asp

210 215 220

Lys Ile Ile Asp Leu Val His Leu Leu Leu Arg Lys Tyr Arg Val Lys

225 230 235 240

Gly Leu Ile Thr Lys Ala Glu Met Leu Gly Ser Val Ile Lys Asn Tyr

245 250 255

Glu Asp Tyr Phe Pro Glu Ile Phe Arg Glu Ala Ser Val Cys Met Gln

260 265 270

Leu Leu Phe Gly Ile Asp Val Lys Glu Val Asp Pro Thr Ser His Ser

275 280 285

Tyr Val Leu Val Thr Ser Leu Asn Leu Ser Tyr Asp Gly Ile Gln Cys

290 295 300

Asn Glu Gln Ser Met Pro Lys Ser Gly Leu Leu Ile Ile Val Leu Gly

305 310 315 320

Val Ile Phe Met Glu Gly Asn Cys Ile Pro Glu Glu Val Met Trp Glu

325 330 335

Val Leu Ser Ile Met Gly Val Tyr Ala Gly Arg Glu His Phe Leu Phe

340 345 350

Gly Glu Pro Lys Arg Leu Leu Thr Gln Asn Trp Val Gln Glu Lys Tyr

355 360 365

Leu Val Tyr Arg Gln Val Pro Gly Thr Asp Pro Ala Cys Tyr Glu Phe

370 375 380

Leu Trp Gly Pro Arg Ala His Ala Glu Thr Ser Lys Met Lys Val Leu
385 390 395 400
Glu Tyr Ile Ala Asn Ala Asn Gly Arg Asp Pro Thr Ser Tyr Pro Ser

405 410 415
Leu Tyr Glu Asp Ala Leu Arg Glu Glu Gly Glu Gly Val
420 425

<210> 455
<211> 369
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-A10__Homo_sapiens__A0A024RC14
<400> 455
Met Pro Arg Ala Pro Lys Arg Gln Arg Cys Met Pro Glu Glu Asp Leu
1 5 10 15
Gln Ser Gln Ser Glu Thr Gln Gly Leu Glu Gly Ala Gln Ala Pro Leu
20 25 30

Ala Val Glu Glu Asp Ala Ser Ser Ser Thr Ser Thr Ser Ser Ser Phe
35 40 45
Pro Ser Ser Phe Pro Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Cys Tyr
50 55 60
Pro Leu Ile Pro Ser Thr Pro Glu Glu Val Ser Ala Asp Asp Glu Thr
65 70 75 80
Pro Asn Pro Pro Gln Ser Ala Gln Ile Ala Cys Ser Ser Pro Ser Val
85 90 95

Val Ala Ser Leu Pro Leu Asp Gln Ser Asp Glu Gly Ser Ser Ser Gln
100 105 110
Lys Glu Glu Ser Pro Ser Thr Leu Gln Val Leu Pro Asp Ser Glu Ser
115 120 125
Leu Pro Arg Ser Glu Ile Asp Glu Lys Val Thr Asp Leu Val Gln Phe
130 135 140
Leu Leu Phe Lys Tyr Gln Met Lys Glu Pro Ile Thr Lys Ala Glu Ile

145 150 155 160

Leu Glu Ser Val Ile Lys Asn Tyr Glu Asp His Phe Pro Leu Leu Phe
165 170 175
Ser Glu Ala Ser Glu Cys Met Leu Leu Val Phe Gly Ile Asp Val Lys
180 185 190
Glu Val Asp Pro Thr Gly His Ser Phe Val Leu Val Thr Ser Leu Gly
195 200 205
Leu Thr Tyr Asp Gly Met Leu Ser Asp Val Gln Ser Met Pro Lys Thr
210 215 220

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

Ser Asp Pro Ala Arg Tyr Glu Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala His Ala
290 295 300
Glu Ile Arg Lys Met Ser Leu Leu Lys Phe Leu Ala Lys Val Asn Gly
305 310 315 320
Ser Asp Pro Arg Ser Phe Pro Leu Trp Tyr Glu Glu Ala Leu Lys Asp
325 330 335
Glu Glu Glu Arg Ala Gln Asp Arg Ile Ala Thr Thr Asp Asp Thr Thr
340 345 350

Ala Met Ala Ser Ala Ser Ser Ser Ala Thr Gly Ser Phe Ser Tyr Pro
355 360 365
Glu

<210> 456
<211> 314
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-A12__Homo_sapiens__P43365

<400> 456

Met Pro Leu Glu Gln Arg Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu
1 5 10 15

Glu Ala Gln Gly Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Ala
20 25 30

Thr Glu Glu Gln Glu Thr Ala Ser Ser Ser Ser Thr Leu Val Glu Val
35 40 45

Thr Leu Arg Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Pro Ser Pro Pro His Ser
50 55 60

Pro Gln Gly Ala Ser Thr Leu Pro Thr Thr Ile Asn Tyr Thr Leu Trp
65 70 75 80

Ser Gln Ser Asp Glu Gly Ser Ser Asn Glu Glu Gln Glu Gly Pro Ser
85 90 95

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

Met Ala Glu Leu Val His Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Arg Ala Arg Glu
115 120 125

Pro Phe Thr Lys Ala Glu Met Leu Gly Ser Val Ile Arg Asn Phe Gln
130 135 140

Asp Phe Phe Pro Val Ile Phe Ser Lys Ala Ser Glu Tyr Leu Gln Leu
145 150 155 160

Val Phe Gly Ile Glu Val Val Glu Val Val Arg Ile Gly His Leu Tyr
165 170 175

Ile Leu Val Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly Asp
180 185 190

Asn Gln Ile Val Pro Lys Thr Gly Leu Leu Ile Ile Val Leu Ala Ile
195 200 205

Ile Ala Lys Glu Gly Asp Cys Ala Pro Glu Glu Lys Ile Trp Glu Glu
210 215 220

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

His Leu Leu Lys Ile Ser Gly Gly Pro His Ile Ser Tyr Pro Pro Leu
290 295 300
His Glu Trp Ala Phe Arg Glu Gly Glu Glu
305 310

<210> 457
<211> 309
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-A1__Homo_sapiens__P43355
<400> 457
Met Ser Leu Glu Gln Arg Ser Leu His Cys Lys Pro Glu Glu Ala Leu
1 5 10 15
Glu Ala Gln Gln Glu Ala Leu Gly Leu Val Cys Val Gln Ala Ala Thr
20 25 30
Ser Ser Ser Ser Pro Leu Val Leu Gly Thr Leu Glu Glu Val Pro Thr
35 40 45
Ala Gly Ser Thr Asp Pro Pro Gln Ser Pro Gln Gly Ala Ser Ala Phe
50 55 60
Pro Thr Thr Ile Asn Phe Thr Arg Gln Arg Gln Pro Ser Glu Gly Ser
65 70 75 80
Ser Ser Arg Glu Glu Glu Gly Pro Ser Thr Ser Cys Ile Leu Glu Ser
85 90 95
Leu Phe Arg Ala Val Ile Thr Lys Lys Val Ala Asp Leu Val Gly Phe
100 105 110

Leu Leu Leu Lys Tyr Arg Ala Arg Glu Pro Val Thr Lys Ala Glu Met
115 120 125
Leu Glu Ser Val Ile Lys Asn Tyr Lys His Cys Phe Pro Glu Ile Phe
130 135 140
Gly Lys Ala Ser Glu Ser Leu Gln Leu Val Phe Gly Ile Asp Val Lys

145 150 155 160
Glu Ala Asp Pro Thr Gly His Ser Tyr Val Leu Val Thr Cys Leu Gly
165 170 175
Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly Asp Asn Gln Ile Met Pro Lys Thr
180 185 190
Gly Phe Leu Ile Ile Val Leu Val Met Ile Ala Met Glu Gly Gly His
195 200 205
Ala Pro Glu Glu Glu Ile Trp Glu Glu Leu Ser Val Met Glu Val Tyr

210 215 220
Asp Gly Arg Glu His Ser Ala Tyr Gly Glu Pro Arg Lys Leu Leu Thr
225 230 235 240
Gln Asp Leu Val Gln Glu Lys Tyr Leu Glu Tyr Arg Gln Val Pro Asp
245 250 255
Ser Asp Pro Ala Arg Tyr Glu Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala Leu Ala
260 265 270
Glu Thr Ser Tyr Val Lys Val Leu Glu Tyr Val Ile Lys Val Ser Ala

275 280 285
Arg Val Arg Phe Phe Phe Pro Ser Leu Arg Glu Ala Ala Leu Arg Glu
290 295 300
Glu Glu Glu Gly Val
305
<210> 458
<211> 314
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-A2__Homo_sapiens__P43356
<400> 458

Met Pro Leu Glu Gln Arg Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu
1 5 10 15
Glu Ala Arg Gly Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Ala

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

85 90 95
Met Phe Pro Asp Leu Glu Ser Glu Phe Gln Ala Ala Ile Ser Arg Lys
100 105 110
Met Val Glu Leu Val His Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Arg Ala Arg Glu
115 120 125
Pro Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Glu Ser Val Leu Arg Asn Cys Gln
130 135 140
Asp Phe Phe Pro Val Ile Phe Ser Lys Ala Ser Glu Tyr Leu Gln Leu

145 150 155 160
Val Phe Gly Ile Glu Val Val Glu Val Val Pro Ile Ser His Leu Tyr
165 170 175
Ile Leu Val Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly Asp
180 185 190
Asn Gln Val Met Pro Lys Thr Gly Leu Leu Ile Ile Val Leu Ala Ile
195 200 205
Ile Ala Ile Glu Gly Asp Cys Ala Pro Glu Glu Lys Ile Trp Glu Glu

210 215 220
Leu Ser Met Leu Glu Val Phe Glu Gly Arg Glu Asp Ser Val Phe Ala
225 230 235 240
His Pro Arg Lys Leu Leu Met Gln Asp Leu Val Gln Glu Asn Tyr Leu

245 250 255

Glu Tyr Arg Gln Val Pro Gly Ser Asp Pro Ala Cys Tyr Glu Phe Leu

260 265 270

Trp Gly Pro Arg Ala Leu Ile Glu Thr Ser Tyr Val Lys Val Leu His

275 280 285

His Thr Leu Lys Ile Gly Gly Glu Pro His Ile Ser Tyr Pro Pro Leu

290 295 300

His Glu Arg Ala Leu Arg Glu Gly Glu Glu

305 310

<210> 459

<211> 314

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-A3__Homo_sapiens__P43357

<400> 459

Met Pro Leu Glu Gln Arg Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu

1 5 10 15

Glu Ala Arg Gly Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Ala

20 25 30

Thr Glu Glu Gln Glu Ala Ala Ser Ser Ser Ser Thr Leu Val Glu Val

35 40 45

Thr Leu Gly Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Pro Asp Pro Pro Gln Ser

50 55 60

Pro Gln Gly Ala Ser Ser Leu Pro Thr Thr Met Asn Tyr Pro Leu Trp

65 70 75 80

Ser Gln Ser Tyr Glu Asp Ser Ser Asn Gln Glu Glu Glu Gly Pro Ser

85 90 95

Thr Phe Pro Asp Leu Glu Ser Glu Phe Gln Ala Ala Leu Ser Arg Lys

100 105 110

Val Ala Glu Leu Val His Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Arg Ala Arg Glu

115 120 125

Pro Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Gly Ser Val Val Gly Asn Trp Gln

130 135 140

Tyr Phe Phe Pro Val Ile Phe Ser Lys Ala Ser Ser Ser Leu Gln Leu
145 150 155 160
Val Phe Gly Ile Glu Leu Met Glu Val Asp Pro Ile Gly His Leu Tyr
165 170 175
Ile Phe Ala Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly Asp
180 185 190
Asn Gln Ile Met Pro Lys Ala Gly Leu Leu Ile Ile Val Leu Ala Ile
195 200 205

Ile Ala Arg Glu Gly Asp Cys Ala Pro Glu Glu Lys Ile Trp Glu Glu
210 215 220
Leu Ser Val Leu Glu Val Phe Glu Gly Arg Glu Asp Ser Ile Leu Gly
225 230 235 240
Asp Pro Lys Lys Leu Leu Thr Gln His Phe Val Gln Glu Asn Tyr Leu
245 250 255
Glu Tyr Arg Gln Val Pro Gly Ser Asp Pro Ala Cys Tyr Glu Phe Leu
260 265 270

Trp Gly Pro Arg Ala Leu Val Glu Thr Ser Tyr Val Lys Val Leu His
275 280 285
His Met Val Lys Ile Ser Gly Gly Pro His Ile Ser Tyr Pro Pro Leu
290 295 300
His Glu Trp Val Leu Arg Glu Gly Glu Glu
305 310

<210> 460
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-A4__Homo_sapiens__A0A024RC12
<400> 460
Met Ser Ser Glu Gln Lys Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Val

1 5 10 15

Glu Ala Gln Glu Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Thr
20 25 30
Thr Glu Glu Gln Glu Ala Ala Val Ser Ser Ser Ser Pro Leu Val Pro
35 40 45
Gly Thr Leu Glu Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Ala Gly Pro Pro Gln
50 55 60
Ser Pro Gln Gly Ala Ser Ala Leu Pro Thr Thr Ile Ser Phe Thr Cys

65 70 75 80
Trp Arg Gln Pro Asn Glu Gly Ser Ser Ser Gln Glu Glu Glu Gly Pro
85 90 95
Ser Thr Ser Pro Asp Ala Glu Ser Leu Phe Arg Glu Ala Leu Ser Asn
100 105 110
Lys Val Asp Glu Leu Ala His Phe Leu Leu Arg Lys Tyr Arg Ala Lys
115 120 125
Glu Leu Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Glu Arg Val Ile Lys Asn Tyr

130 135 140
Lys Arg Cys Phe Pro Val Ile Phe Gly Lys Ala Ser Glu Ser Leu Lys
145 150 155 160
Met Ile Phe Gly Ile Asp Val Lys Glu Val Asp Pro Ala Ser Asn Thr
165 170 175
Tyr Thr Leu Val Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly
180 185 190
Asn Asn Gln Ile Phe Pro Lys Thr Gly Leu Leu Ile Ile Val Leu Gly

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

260 265 270

Leu Trp Gly Pro Arg Ala Leu Ala Glu Thr Ser Tyr Val Lys Val Leu

275 280 285

Glu His Val Val Arg Val Asn Ala Arg Val Arg Ile Ala Tyr Pro Ser

290 295 300

Leu Arg Glu Ala Ala Leu Leu Glu Glu Glu Glu Gly Val

305 310 315

<210> 461

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-A4__Homo_sapiens__P43358

<400> 461

Met Ser Ser Glu Gln Lys Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Val

1 5 10 15

Glu Ala Gln Glu Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Thr

20 25 30

Thr Glu Glu Gln Glu Ala Ala Val Ser Ser Ser Ser Pro Leu Val Pro

35 40 45

Gly Thr Leu Glu Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Ala Gly Pro Pro Gln

50 55 60

Ser Pro Gln Gly Ala Ser Ala Leu Pro Thr Thr Ile Ser Phe Thr Cys

65 70 75 80

Trp Arg Gln Pro Asn Glu Gly Ser Ser Ser Gln Glu Glu Glu Gly Pro

85 90 95

Ser Thr Ser Pro Asp Ala Glu Ser Leu Phe Arg Glu Ala Leu Ser Asn

100 105 110

Lys Val Asp Glu Leu Ala His Phe Leu Leu Arg Lys Tyr Arg Ala Lys

115 120 125

Glu Leu Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Glu Arg Val Ile Lys Asn Tyr

130 135 140

Lys Arg Cys Phe Pro Val Ile Phe Gly Lys Ala Ser Glu Ser Leu Lys

145 150 155 160

Met Ile Phe Gly Ile Asp Val Lys Glu Val Asp Pro Ala Ser Asn Thr

165 170 175

Tyr Thr Leu Val Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly

180 185 190

Asn Asn Gln Ile Phe Pro Lys Thr Gly Leu Leu Ile Ile Val Leu Gly

195 200 205

Thr Ile Ala Met Glu Gly Asp Ser Ala Ser Glu Glu Glu Ile Trp Glu

210 215 220

Glu Leu Gly Val Met Gly Val Tyr Asp Gly Arg Glu His Thr Val Tyr

225 230 235 240

Gly Glu Pro Arg Lys Leu Leu Thr Gln Asp Trp Val Gln Glu Asn Tyr

245 250 255

Leu Glu Tyr Arg Gln Val Pro Gly Ser Asn Pro Ala Arg Tyr Glu Phe

260 265 270

Leu Trp Gly Pro Arg Ala Leu Ala Glu Thr Ser Tyr Val Lys Val Leu

275 280 285

Glu His Val Val Arg Val Asn Ala Arg Val Arg Ile Ala Tyr Pro Ser

290 295 300

Leu Arg Glu Ala Ala Leu Leu Glu Glu Glu Glu Gly Val

305 310 315

<210> 462

<

211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-A4__Homo_sapiens__Q1RN33

<400> 462

Met Ser Ser Glu Gln Lys Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Val

1 5 10 15

Glu Ala Gln Glu Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Thr

20 25 30

Thr Glu Glu Gln Glu Ala Ala Val Ser Ser Ser Ser Pro Leu Val Pro

35 40 45

Gly Thr Leu Glu Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Ala Gly Pro Pro Gln

50 55 60

Ser Pro Gln Gly Ala Ser Ala Leu Pro Thr Thr Ile Ser Phe Thr Cys

65 70 75 80

Trp Arg Gln Pro Asn Glu Gly Ser Ser Ser Gln Glu Glu Glu Gly Pro

85 90 95

Ser Thr Ser Pro Asp Ala Glu Ser Leu Phe Arg Glu Ala Leu Ser Asn

100 105 110

Lys Val Asp Glu Leu Ala His Phe Leu Leu Arg Lys Tyr Arg Ala Lys

115 120 125

Glu Leu Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Glu Arg Val Ile Lys Asn Tyr

130 135 140

Lys Arg Cys Phe Pro Val Ile Phe Gly Lys Ala Ser Glu Ser Leu Lys

145 150 155 160

Met Ile Phe Gly Ile Asp Val Lys Glu Val Asp Pro Thr Ser Asn Thr

165 170 175

Tyr Thr Leu Val Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly

180 185 190

Asn Asn Gln Ile Phe Pro Lys Thr Gly Leu Leu Ile Ile Val Leu Gly

195 200 205

Thr Ile Ala Met Glu Gly Asp Ser Ala Ser Glu Glu Glu Ile Trp Glu

210 215 220

Glu Leu Gly Val Met Gly Val Tyr Asp Gly Arg Glu His Thr Val Tyr

225 230 235 240

Gly Glu Pro Arg Lys Leu Leu Thr Gln Asp Trp Val Gln Glu Asn Tyr

245 250 255

Leu Glu Tyr Arg Gln Val Pro Gly Ser Asn Pro Ala Arg Tyr Glu Phe

260 265 270

Leu Trp Gly Pro Arg Ala Leu Ala Glu Thr Ser Tyr Val Lys Val Leu

275 280 285

Glu His Val Val Arg Val Asn Ala Arg Val Arg Ile Ala Tyr Pro Ser
290 295 300
Leu Arg Glu Ala Ala Leu Leu Glu Glu Glu Glu Gly Val

305 310 315
<210> 463
<211> 314
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-A6__Homo_sapiens__A8K072
<400> 463
Met Pro Leu Glu Gln Arg Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu
1 5 10 15
Glu Ala Arg Gly Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Ala
20 25 30
Thr Glu Glu Gln Glu Ala Ala Ser Ser Ser Ser Thr Leu Val Glu Val
35 40 45

Thr Leu Gly Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Pro Asp Pro Pro Gln Ser
50 55 60
Pro Gln Gly Ala Ser Ser Leu Pro Thr Thr Met Asn Tyr Pro Leu Trp
65 70 75 80
Ser Gln Ser Tyr Glu Asp Ser Ser Asn Gln Glu Glu Glu Gly Pro Ser
85 90 95
Thr Phe Pro Asp Leu Glu Ser Glu Phe Gln Ala Ala Leu Ser Arg Lys
100 105 110

Leu Ala Lys Leu Val His Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Arg Ala Arg Glu
115 120 125
Pro Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Gly Ser Val Val Gly Asn Trp Gln
130 135 140
Tyr Phe Phe Pro Val Ile Phe Ser Lys Ala Ser Asp Ser Leu Gln Leu
145 150 155 160
Val Phe Gly Ile Glu Leu Met Glu Val Asp Pro Ile Gly His Val Tyr

165 170 175

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

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

His Glu Trp Ala Leu Arg Glu Gly Glu Glu
305 310

<210> 464
<211> 314
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-A6__Homo_sapiens__P43360
<400> 464
Met Pro Leu Glu Gln Arg Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu
1 5 10 15
Glu Ala Arg Gly Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Ala
20 25 30
Thr Glu Glu Gln Glu Ala Ala Ser Ser Ser Ser Thr Leu Val Glu Val

35 40 45

Thr Leu Gly Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Pro Asp Pro Pro Gln Ser
50 55 60
Pro Gln Gly Ala Ser Ser Leu Pro Thr Thr Met Asn Tyr Pro Leu Trp
65 70 75 80
Ser Gln Ser Tyr Glu Asp Ser Ser Asn Gln Glu Glu Glu Gly Pro Ser
85 90 95
Thr Phe Pro Asp Leu Glu Ser Glu Phe Gln Ala Ala Leu Ser Arg Lys

100 105 110
Val Ala Lys Leu Val His Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Arg Ala Arg Glu
115 120 125
Pro Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Gly Ser Val Val Gly Asn Trp Gln
130 135 140
Tyr Phe Phe Pro Val Ile Phe Ser Lys Ala Ser Asp Ser Leu Gln Leu
145 150 155 160
Val Phe Gly Ile Glu Leu Met Glu Val Asp Pro Ile Gly His Val Tyr

165 170 175
Ile Phe Ala Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly Asp
180 185 190
Asn Gln Ile Met Pro Lys Thr Gly Phe Leu Ile Ile Ile Leu Ala Ile
195 200 205
Ile Ala Lys Glu Gly Asp Cys Ala Pro Glu Glu Lys Ile Trp Glu Glu
210 215 220
Leu Ser Val Leu Glu Val Phe Glu Gly Arg Glu Asp Ser Ile Phe Gly

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

290 295 300

His Glu Trp Ala Leu Arg Glu Gly Glu Glu

305 310

<210> 465

<211> 314

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-A6__Homo_sapiens__Q6FHI5

<400> 465

Met Pro Leu Glu Gln Arg Ser Gln His Cys Lys Pro Glu Glu Gly Leu

1 5 10 15

Glu Ala Arg Gly Glu Ala Leu Gly Leu Val Gly Ala Gln Ala Pro Ala

20 25 30

Thr Glu Glu Gln Glu Ala Ala Ser Ser Ser Ser Thr Leu Val Glu Val

35 40 45

Thr Leu Gly Glu Val Pro Ala Ala Glu Ser Pro Asp Pro Pro Gln Ser

50 55 60

Pro Gln Gly Ala Ser Ser Leu Pro Thr Thr Met Asn Tyr Pro Leu Trp

65 70 75 80

Ser Gln Ser Tyr Glu Asp Ser Ser Asn Gln Glu Glu Glu Gly Pro Ser

85 90 95

Thr Phe Pro Asp Leu Glu Ser Glu Phe Gln Ala Ala Leu Ser Arg Lys

100 105 110

Val Ala Lys Leu Val His Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Arg Ala Arg Glu

115 120 125

Pro Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Gly Ser Val Val Gly Asn Trp Gln

130 135 140

Tyr Phe Phe Pro Val Ile Phe Ser Lys Ala Ser Asp Ser Leu Gln Leu

145 150 155 160

Val Phe Gly Ile Glu Leu Met Glu Val Asp Pro Ile Gly His Val Tyr

165 170 175

Ile Phe Ala Thr Cys Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Gly Leu Leu Gly Asp

180 185 190

Asn Gln Ile Met Pro Lys Thr Gly Phe Leu Ile Ile Ile Leu Ala Ile

195 200 205

Ile Ala Lys Glu Gly Asp Cys Ala Pro Glu Glu Lys Ile Trp Glu Glu

210 215 220

Leu Ser Val Leu Glu Val Phe Glu Gly Arg Glu Asp Ser Ile Phe Gly

225 230 235 240

Asp Pro Lys Lys Leu Leu Thr Gln Tyr Phe Val Gln Glu Asn Tyr Leu

245 250 255

Glu Tyr Arg Gln Val Pro Gly Ser Asp Pro Ala Cys Tyr Glu Phe Leu

260 265 270

Trp Gly Pro Arg Ala Leu Ile Glu Thr Ser Tyr Val Lys Val Leu His

275 280 285

His Met Val Lys Ile Ser Gly Gly Pro Arg Ile Ser Tyr Pro Leu Leu

290 295 300

His Glu Trp Ala Phe Arg Glu Gly Glu Glu

305 310

<210> 466

<211> 315

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-A9__Homo_sapiens__P43362

<400> 466

Met Ser Leu Glu Gln Arg Ser Pro His Cys Lys Pro Asp Glu Asp Leu

1 5 10 15

Glu Ala Gln Gly Glu Asp Leu Gly Leu Met Gly Ala Gln Glu Pro Thr

20 25 30

Gly Glu Glu Glu Glu Thr Thr Ser Ser Ser Asp Ser Lys Glu Glu Glu

35 40 45

Val Ser Ala Ala Gly Ser Ser Ser Pro Pro Gln Ser Pro Gln Gly Gly

50 55 60

Ala Ser Ser Ser Ile Ser Val Tyr Tyr Thr Leu Trp Ser Gln Phe Asp

65 70 75 80

Glu Gly Ser Ser Ser Gln Glu Glu Glu Glu Pro Ser Ser Ser Val Asp

85 90 95

Pro Ala Gln Leu Glu Phe Met Phe Gln Glu Ala Leu Lys Leu Lys Val

100 105 110

Ala Glu Leu Val His Phe Leu Leu His Lys Tyr Arg Val Lys Glu Pro

115 120 125

Val Thr Lys Ala Glu Met Leu Glu Ser Val Ile Lys Asn Tyr Lys Arg

130 135 140

Tyr Phe Pro Val Ile Phe Gly Lys Ala Ser Glu Phe Met Gln Val Ile

145 150 155 160

Phe Gly Thr Asp Val Lys Glu Val Asp Pro Ala Gly His Ser Tyr Ile

165 170 175

Leu Val Thr Ala Leu Gly Leu Ser Cys Asp Ser Met Leu Gly Asp Gly

180 185 190

His Ser Met Pro Lys Ala Ala Leu Leu Ile Ile Val Leu Gly Val Ile

195 200 205

Leu Thr Lys Asp Asn Cys Ala Pro Glu Glu Val Ile Trp Glu Ala Leu

210 215 220

Ser Val Met Gly Val Tyr Val Gly Lys Glu His Met Phe Tyr Gly Glu

225 230 235 240

Pro Arg Lys Leu Leu Thr Gln Asp Trp Val Gln Glu Asn Tyr Leu Glu

245 250 255

Tyr Arg Gln Val Pro Gly Ser Asp Pro Ala His Tyr Glu Phe Leu Trp

260 265 270

Gly Ser Lys Ala His Ala Glu Thr Ser Tyr Glu Lys Val Ile Asn Tyr

275 280 285

Leu Val Met Leu Asn Ala Arg Glu Pro Ile Cys Tyr Pro Ser Leu Tyr

290 295 300

Glu Glu Val Leu Gly Glu Glu Gln Glu Gly Val

305 310 315

<210> 467

<211> 347

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-B10__Homo_sapiens__Q96LZ2

<400> 467

Met Pro Arg Gly Gln Lys Ser Lys Leu Arg Ala Arg Glu Lys Arg Arg
1 5 10 15

Gln Ala Arg Gly Gly Leu Glu Asp Leu Ile Asp Ala Leu Asp Ile Leu
20 25 30

Glu Glu Glu Glu Glu Ser Pro Pro Ser Ala Ser Ala Cys Leu Lys Asp
35 40 45

Val Phe Gln Ser Ser Leu Asp Gly Ala Ser Asn Asn Pro His Gly Leu
50 55 60

Arg Glu Ala Gln Ser Thr Ser Thr Ser Ala Thr Ala Ala Ser His Thr
65 70 75 80

Arg His Pro Glu Gly Val Asn Asp Gln Met Glu Glu Arg Pro Ile Cys
85 90 95

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

Glu Lys Val Ile Ile Leu Val His Tyr Leu Leu Tyr Lys Tyr Gln Met
115 120 125

Lys Glu Pro Ile Thr Lys Ala Asp Met Leu Arg Asn Val Thr Gln Met
130 135 140

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

Glu Leu Ile Phe Gly Leu Asp Leu Lys Glu Val Glu Pro Asn Lys His
165 170 175

Ile Tyr Val Leu Val Asn Lys Leu Asp Leu Gly Cys Asp Ala Lys Leu
180 185 190

Ser Asp Glu Thr Gly Val Pro Lys Thr Gly Leu Leu Met Thr Val Leu

195 200 205

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

Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala His Ala Glu Thr Ser Lys Met Lys Val
275 280 285
Leu Glu Phe Leu Ala Lys Val Asn Asp Thr Ala Pro Ser Glu Phe Ser
290 295 300
Asn Trp Tyr Thr Glu Ala Leu Gln Asp Glu Glu Glu Arg Ala Arg Ala
305 310 315 320
Arg Val Ala Ala Lys Ala Arg Val Ser Ala Thr Ala Gly Ala Arg Ser
325 330 335

Lys Val Lys Ser Ser Lys Ser Ser Gln Leu Gln
340 345

<210> 468
<211> 324
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-B16__Homo_sapiens__A2A368
<400> 468
Met Ser Gln Asp Gln Glu Ser Pro Arg Cys Thr His Asp Gln His Leu
1 5 10 15
Gln Thr Phe Ser Glu Thr Gln Ser Leu Glu Val Ala Gln Val Ser Lys
20 25 30
Ala Leu Glu Lys Thr Leu Leu Ser Ser Ser His Pro Leu Val Pro Gly

35 40 45

Lys Leu Lys Glu Ala Pro Ala Ala Lys Ala Glu Ser Pro Leu Glu Val
50 55 60
Pro Gln Ser Phe Cys Ser Ser Ser Ile Ala Val Thr Thr Thr Ser Ser
65 70 75 80
Ser Glu Ser Asp Glu Ala Ser Ser Asn Gln Glu Glu Glu Asp Ser Pro
85 90 95
Ser Ser Ser Glu Asp Thr Ser Asp Pro Arg Asn Val Pro Ala Asp Ala

100 105 110
Leu Asp Gln Lys Val Ala Phe Leu Val Asn Phe Met Leu His Lys Cys
115 120 125
Gln Met Lys Lys Pro Ile Thr Lys Ala Asp Met Leu Lys Ile Ile Ile
130 135 140
Lys Asp Asp Glu Ser His Phe Ser Glu Ile Leu Leu Arg Ala Ser Glu
145 150 155 160
His Leu Glu Met Ile Phe Gly Leu Asp Val Val Glu Val Asp Pro Thr

165 170 175
Thr His Cys Tyr Gly Leu Phe Ile Lys Leu Gly Leu Thr Tyr Asp Gly
180 185 190
Met Leu Ser Gly Glu Lys Gly Val Pro Lys Thr Gly Leu Leu Ile Ile
195 200 205
Val Leu Gly Val Ile Phe Met Lys Gly Asn Arg Ala Thr Glu Glu Glu
210 215 220
Val Trp Glu Val Leu Asn Leu Thr Gly Val Tyr Ser Gly Lys Lys His

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

290 295 300

Phe Pro Ser Gln Tyr Ala Glu Ala Leu Lys Glu Glu Glu Glu Arg Ala

305 310 315 320

Arg Ala Arg Ile

<210> 469

<211> 336

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-B17__Homo_sapiens__A8MXT2

<400> 469

Met Pro Arg Gly Gln Ala Ser Lys Arg Arg Ala Arg Glu Lys Arg Arg

1 5 10 15

Gln Ala Arg Gly Glu Asp Gln Cys Leu Gly Gly Ala Gln Ala Thr Ala

20 25 30

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

35 40 45

Pro Pro Gln Ser Phe Pro Asn Ala Gly Ile Pro Gln Glu Ser Gln Arg

50 55 60

Ala Ser Tyr Pro Ser Ser Pro Ala Ser Ala Val Ser Leu Thr Ser Ser

65 70 75 80

Asp Glu Gly Ala Lys Gly Gln Lys Gly Glu Ser Pro Asn Ser Phe His

85 90 95

Gly Pro Ser Ser Ser Glu Ser Thr Gly Arg Asp Leu Leu Asn Thr Lys

100 105 110

Thr Gly Glu Leu Val Gln Phe Leu Leu Asn Lys Tyr Ile Arg Lys Glu

115 120 125

Pro Ile Thr Arg Glu Ala Met Leu Lys Val Ile Asn Arg Lys Tyr Lys

130 135 140

Gln His Phe Pro Glu Ile Leu Arg Arg Ser Thr Glu Asn Val Glu Val

145 150 155 160

Val Phe Gly Leu Tyr Leu Lys Glu Met Asp Pro Ser Arg Gln Ser Tyr

165 170 175

Val Leu Val Gly Lys Leu Asp Phe Pro Asn Gln Gly Ser Leu Ser Asp
180 185 190
Gly Gly Gly Phe Pro Leu Ser Gly Leu Leu Met Val Leu Leu Ser Thr
195 200 205
Ile Phe Met His Gly Asn Arg Ala Thr Glu Glu Glu Met Trp Glu Cys

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

275 280 285
Phe Val Ala Lys Leu Asn Asp Thr Val Ala Ser Thr Tyr Lys Ser Arg
290 295 300
Tyr Glu Glu Ala Leu Arg Glu Glu Glu Glu Gln Ala Arg Ala Arg Ala
305 310 315 320
Val Ala Arg Asp Ser Ala Arg Ala Arg Ala Ser Arg Ser Phe Gln Pro
325 330 335

<210> 470
<211> 347
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-_B1__Homo_sapiens__Q96TG1
<400> 470
Met Pro Arg Gly Gln Lys Ser Lys Leu Arg Ala Arg Glu Lys Arg Arg
1 5 10 15
Lys Ala Arg Glu Glu Thr Gln Gly Leu Lys Val Arg His Ala Thr Ala
20 25 30
Ala Glu Lys Glu Glu Cys Pro Ser Ser Ser Pro Val Leu Gly Asp Thr
35 40 45

Pro Thr Ser Ser Pro Ala Ala Gly Ile Pro Gln Lys Pro Gln Gly Ala

50 55 60

Pro Pro Thr Thr Thr Ala Ala Ala Ala Val Ser Cys Thr Glu Ser Asp

65 70 75 80

Glu Gly Ala Lys Cys Gln Gly Glu Glu Asn Ala Ser Phe Ser Gln Ala

85 90 95

Thr Thr Ser Thr Glu Ser Ser Val Lys Asp Pro Val Ala Trp Glu Ala

100 105 110

Gly Met Leu Met His Phe Ile Leu Arg Lys Tyr Lys Met Arg Glu Pro

115 120 125

Ile Met Lys Ala Asp Met Leu Lys Val Val Asp Glu Lys Tyr Lys Asp

130 135 140

His Phe Thr Glu Ile Leu Asn Gly Ala Ser Arg Arg Leu Glu Leu Val

145 150 155 160

Phe Gly Leu Asp Leu Lys Glu Asp Asn Pro Ser Ser His Thr Tyr Thr

165 170 175

Leu Val Ser Lys Leu Asn Leu Thr Asn Asp Gly Asn Leu Ser Asn Asp

180 185 190

Trp Asp Phe Pro Arg Asn Gly Leu Leu Met Pro Leu Leu Gly Val Ile

195 200 205

Phe Leu Lys Gly Asn Ser Ala Thr Glu Glu Glu Ile Trp Lys Phe Met

210 215 220

Asn Val Leu Gly Ala Tyr Asp Gly Glu Glu His Leu Ile Tyr Gly Glu

225 230 235 240

Pro Arg Lys Phe Ile Thr Gln Asp Leu Val Gln Glu Lys Tyr Leu Lys

245 250 255

Tyr Glu Gln Val Pro Asn Ser Asp Pro Pro Arg Tyr Gln Phe Leu Trp

260 265 270

Gly Pro Arg Ala Tyr Ala Glu Thr Thr Lys Met Lys Val Leu Glu Phe

275 280 285

Leu Ala Lys Met Asn Gly Ala Thr Pro Arg Asp Phe Pro Ser His Tyr

290 295 300

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

305 310 315 320

Val Arg Ala Arg Arg Arg Thr Thr Ala Thr Thr Phe Arg Ala Arg Ser

325 330 335

Arg Ala Pro Phe Ser Arg Ser Ser His Pro Met

340 345

<210> 471

<211> 319

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-B2__Homo_sapiens__O15479

<400> 471

Met Pro Arg Gly Gln Lys Ser Lys Leu Arg Ala Arg Glu Lys Arg Arg

1 5 10 15

Lys Ala Arg Asp Glu Thr Arg Gly Leu Asn Val Pro Gln Val Thr Glu

20 25 30

Ala Glu Glu Glu Glu Ala Pro Cys Cys Ser Ser Ser Val Ser Gly Gly

35 40 45

Ala Ala Ser Ser Ser Pro Ala Ala Gly Ile Pro Gln Glu Pro Gln Arg

50 55 60

Ala Pro Thr Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gly Val Ser Ser Thr Lys

65 70 75 80

Ser Lys Lys Gly Ala Lys Ser His Gln Gly Glu Lys Asn Ala Ser Ser

85 90 95

Ser Gln Ala Ser Thr Ser Thr Lys Ser Pro Ser Glu Asp Pro Leu Thr

100 105 110

Arg Lys Ser Gly Ser Leu Val Gln Phe Leu Leu Tyr Lys Tyr Lys Ile

115 120 125

Lys Lys Ser Val Thr Lys Gly Glu Met Leu Lys Ile Val Gly Lys Arg

130 135 140

Phe Arg Glu His Phe Pro Glu Ile Leu Lys Lys Ala Ser Glu Gly Leu
145 150 155 160
Ser Val Val Phe Gly Leu Glu Leu Asn Lys Val Asn Pro Asn Gly His
165 170 175
Thr Tyr Thr Phe Ile Asp Lys Val Asp Leu Thr Asp Glu Glu Ser Leu
180 185 190
Leu Ser Ser Trp Asp Phe Pro Arg Arg Lys Leu Leu Met Pro Leu Leu
195 200 205

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

Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala Tyr Ala Glu Thr Ser Lys Met Lys Val
275 280 285
Leu Glu Phe Leu Ala Lys Val Asn Gly Thr Thr Pro Cys Ala Phe Pro
290 295 300
Thr His Tyr Glu Glu Ala Leu Lys Asp Glu Glu Lys Ala Gly Val
305 310 315
<210> 472
<211> 346
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-B3__Homo_sapiens__O15480
<400> 472
Met Pro Arg Gly Gln Lys Ser Thr Leu His Ala Arg Glu Lys Arg Gln

1 5 10 15
Gln Thr Arg Gly Gln Thr Gln Asp His Gln Gly Ala Gln Ile Thr Ala
20 25 30

Thr Asn Lys Lys Lys Val Ser Phe Ser Ser Pro Leu Ile Leu Gly Ala

35 40 45

Thr Ile Gln Lys Lys Ser Ala Gly Arg Ser Arg Ser Ala Leu Lys Lys

50 55 60

Pro Gln Arg Ala Leu Ser Thr Thr Thr Ser Val Asp Val Ser Tyr Lys

65 70 75 80

Lys Ser Tyr Lys Gly Ala Asn Ser Lys Ile Glu Lys Lys Gln Ser Phe

85 90 95

Ser Gln Gly Leu Ser Ser Thr Val Gln Ser Arg Thr Asp Pro Leu Ile

100 105 110

Met Lys Thr Asn Met Leu Val Gln Phe Leu Met Glu Met Tyr Lys Met

115 120 125

Lys Lys Pro Ile Met Lys Ala Asp Met Leu Lys Ile Val Gln Lys Ser

130 135 140

His Lys Asn Cys Phe Pro Glu Ile Leu Lys Lys Ala Ser Phe Asn Met

145 150 155 160

Glu Val Val Phe Gly Val Asp Leu Lys Lys Val Asp Ser Thr Lys Asp

165 170 175

Ser Tyr Val Leu Val Ser Lys Met Asp Leu Pro Asn Asn Gly Thr Val

180 185 190

Thr Arg Gly Arg Gly Phe Pro Lys Thr Gly Leu Leu Leu Asn Leu Leu

195 200 205

Gly Val Ile Phe Met Lys Gly Asn Cys Ala Thr Glu Glu Lys Ile Trp

210 215 220

Glu Phe Leu Asn Lys Met Arg Ile Tyr Asp Gly Lys Lys His Phe Ile

225 230 235 240

Phe Gly Glu Pro Arg Lys Leu Ile Thr Gln Asp Leu Val Lys Leu Lys

245 250 255

Tyr Leu Glu Tyr Arg Gln Val Pro Asn Ser Asn Pro Ala Arg Tyr Glu

260 265 270

Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala His Ala Glu Thr Ser Lys Met Lys Val

275 280 285

Leu Glu Phe Trp Ala Lys Val Asn Lys Thr Val Pro Ser Ala Phe Gln

290 295 300

Phe Trp Tyr Glu Glu Ala Leu Arg Asp Glu Glu Glu Arg Val Gln Ala

305 310 315 320

Ala Ala Met Leu Asn Asp Gly Ser Ser Ala Met Gly Arg Lys Cys Ser

325 330 335

Lys Ala Lys Ala Ser Ser Ser Ser His Ala

340 345

<210> 473

<211> 346

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-B4__Homo_sapiens__O15481

<400> 473

Met Pro Arg Gly Gln Lys Ser Lys Leu Arg Ala Arg Glu Lys Arg Gln

1 5 10 15

Arg Thr Arg Gly Gln Thr Gln Asp Leu Lys Val Gly Gln Pro Thr Ala

20 25 30

Ala Glu Lys Glu Glu Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Val Leu Arg Asp

35 40 45

Thr Ala Ser Ser Ser Leu Ala Phe Gly Ile Pro Gln Glu Pro Gln Arg

50 55 60

Glu Pro Pro Thr Thr Ser Ala Ala Ala Ala Met Ser Cys Thr Gly Ser

65 70 75 80

Asp Lys Gly Asp Glu Ser Gln Asp Glu Glu Asn Ala Ser Ser Ser Gln

85 90 95

Ala Ser Thr Ser Thr Glu Arg Ser Leu Lys Asp Ser Leu Thr Arg Lys

100 105 110

Thr Lys Met Leu Val Gln Phe Leu Leu Tyr Lys Tyr Lys Met Lys Glu

115 120 125

Pro Thr Thr Lys Ala Glu Met Leu Lys Ile Ile Ser Lys Lys Tyr Lys

130 135 140

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

Val Phe Gly Leu Ala Leu Lys Glu Val Asn Pro Thr Thr His Ser Tyr
165 170 175

Ile Leu Val Ser Met Leu Gly Pro Asn Asp Gly Asn Gln Ser Ser Ala
180 185 190

Trp Thr Leu Pro Arg Asn Gly Leu Leu Met Pro Leu Leu Ser Val Ile
195 200 205

Phe Leu Asn Gly Asn Cys Ala Arg Glu Glu Glu Ile Trp Glu Phe Leu
210 215 220

Asn Met Leu Gly Ile Tyr Asp Gly Lys Arg His Leu Ile Phe Gly Glu
225 230 235 240

Pro Arg Lys Leu Ile Thr Gln Asp Leu Val Gln Glu Lys Tyr Leu Glu
245 250 255

Tyr Gln Gln Val Pro Asn Ser Asp Pro Pro Arg Tyr Gln Phe Leu Trp
260 265 270

Gly Pro Arg Ala His Ala Glu Thr Ser Lys Met Lys Val Leu Glu Phe
275 280 285

Leu Ala Lys Val Asn Asp Thr Thr Pro Asn Asn Phe Pro Leu Leu Tyr
290 295 300

Glu Glu Ala Leu Arg Asp Glu Glu Glu Arg Ala Gly Ala Arg Pro Arg
305 310 315 320

Val Ala Ala Arg Arg Gly Thr Thr Ala Met Thr Ser Ala Tyr Ser Arg
325 330 335

Ala Thr Ser Ser Ser Ser Ser Gln Pro Met
340 345

<210> 474

<211> 275

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-B5__Homo_sapiens__Q9BZ81

<400> 474

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

50 55 60
Asp Met Leu Lys Ile Val Asn Pro Arg Tyr Gln Asn Gln Phe Ala Glu
65 70 75 80
Ile His Arg Arg Ala Ser Glu His Ile Glu Val Val Phe Ala Val Asp
85 90 95
Leu Lys Glu Val Asn Pro Thr Cys His Leu Tyr Asp Leu Val Ser Lys
100 105 110
Leu Lys Leu Pro Asn Asn Gly Arg Ile His Val Gly Lys Val Leu Pro

115 120 125
Lys Thr Gly Leu Leu Met Thr Phe Leu Val Val Ile Phe Leu Lys Gly
130 135 140
Asn Cys Ala Asn Lys Glu Asp Thr Trp Lys Phe Leu Asp Met Met Gln
145 150 155 160
Ile Tyr Asp Gly Lys Lys Tyr Tyr Ile Tyr Gly Glu Pro Arg Lys Leu
165 170 175
Ile Thr Gln Asp Phe Val Arg Leu Thr Tyr Leu Glu Tyr His Gln Val

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

Gln Asp Glu Glu Glu Ser Pro Ser Gln Arg Cys Ser Arg Asn Trp His

245 250 255

Tyr Cys Ser Gly Gln Asp Cys Leu Arg Ala Lys Phe Ser Ser Phe Ser

260 265 270

Gln Pro Tyr

275

<210> 475

<211> 407

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-B6__Homo_sapiens__Q8N7X4

<400> 475

Met Pro Arg Gly His Lys Ser Lys Leu Arg Thr Cys Glu Lys Arg Gln

1 5 10 15

Glu Thr Asn Gly Gln Pro Gln Gly Leu Thr Gly Pro Gln Ala Thr Ala

20 25 30

Glu Lys Gln Glu Glu Ser His Ser Ser Ser Ser Ser Ser Arg Ala Cys

35 40 45

Leu Gly Asp Cys Arg Arg Ser Ser Asp Ala Ser Ile Pro Gln Glu Ser

50 55 60

Gln Gly Val Ser Pro Thr Gly Ser Pro Asp Ala Val Val Ser Tyr Ser

65 70 75 80

Lys Ser Asp Val Ala Ala Asn Gly Gln Asp Glu Lys Ser Pro Ser Thr

85 90 95

Ser Arg Asp Ala Ser Val Pro Gln Glu Ser Gln Gly Ala Ser Pro Thr

100 105 110

Gly Ser Pro Asp Ala Gly Val Ser Gly Ser Lys Tyr Asp Val Ala Ala

115 120 125

Asn Gly Gln Asp Glu Lys Ser Pro Ser Thr Ser His Asp Val Ser Val

130 135 140

Pro Gln Glu Ser Gln Gly Ala Ser Pro Thr Gly Ser Pro Asp Ala Gly

145 150 155 160

Val Ser Gly Ser Lys Tyr Asp Val Ala Ala Glu Gly Glu Asp Glu Glu

165 170 175

Ser Val Ser Ala Ser Gln Lys Ala Ile Ile Phe Lys Arg Leu Ser Lys

180 185 190

Asp Ala Val Lys Lys Lys Ala Cys Thr Leu Ala Gln Phe Leu Gln Lys

195 200 205

Lys Phe Glu Lys Lys Glu Ser Ile Leu Lys Ala Asp Met Leu Lys Cys

210 215 220

Val Arg Arg Glu Tyr Lys Pro Tyr Phe Pro Gln Ile Leu Asn Arg Thr

225 230 235 240

Ser Gln His Leu Val Val Ala Phe Gly Val Glu Leu Lys Glu Met Asp

245 250 255

Ser Ser Gly Glu Ser Tyr Thr Leu Val Ser Lys Leu Gly Leu Pro Ser

260 265 270

Glu Gly Ile Leu Ser Gly Asp Asn Ala Leu Pro Lys Ser Gly Leu Leu

275 280 285

Met Ser Leu Leu Val Val Ile Phe Met Asn Gly Asn Cys Ala Thr Glu

290 295 300

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

305 310 315 320

Leu His Ser Ile Tyr Gly Asp Ala Arg Lys Ile Ile Thr Glu Asp Leu

325 330 335

Val Gln Asp Lys Tyr Val Val Tyr Arg Gln Val Cys Asn Ser Asp Pro

340 345 350

Pro Cys Tyr Glu Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala Tyr Ala Glu Thr Thr

355 360 365

Lys Met Arg Val Leu Arg Val Leu Ala Asp Ser Ser Asn Thr Ser Pro

370 375 380

Gly Leu Tyr Pro His Leu Tyr Glu Asp Ala Leu Ile Asp Glu Val Glu

385 390 395 400

Arg Ala Leu Arg Leu Arg Ala

405

<210> 476

<211> 1142

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-C1__Homo_sapiens__O60732

<400> 476

Met Gly Asp Lys Asp Met Pro Thr Ala Gly Met Pro Ser Leu Leu Gln
1 5 10 15

Ser Ser Ser Glu Ser Pro Gln Ser Cys Pro Glu Gly Glu Asp Ser Gln
20 25 30

Ser Pro Leu Gln Ile Pro Gln Ser Ser Pro Glu Ser Asp Asp Thr Leu
35 40 45

Tyr Pro Leu Gln Ser Pro Gln Ser Arg Ser Glu Gly Glu Asp Ser Ser
50 55 60

Asp Pro Leu Gln Arg Pro Pro Glu Gly Lys Asp Ser Gln Ser Pro Leu
65 70 75 80

Gln Ile Pro Gln Ser Ser Pro Glu Gly Asp Asp Thr Gln Ser Pro Leu
85 90 95

Gln Asn Ser Gln Ser Ser Pro Glu Gly Lys Asp Ser Leu Ser Pro Leu
100 105 110

Glu Ile Ser Gln Ser Pro Pro Glu Gly Glu Asp Val Gln Ser Pro Leu
115 120 125

Gln Asn Pro Ala Ser Ser Phe Phe Ser Ser Ala Leu Leu Ser Ile Phe
130 135 140

Gln Ser Ser Pro Glu Ser Thr Gln Ser Pro Phe Glu Gly Phe Pro Gln
145 150 155 160

Ser Val Leu Gln Ile Pro Val Ser Ala Ala Ser Ser Ser Thr Leu Val
165 170 175

Ser Ile Phe Gln Ser Ser Pro Glu Ser Thr Gln Ser Pro Phe Glu Gly
180 185 190

Phe Pro Gln Ser Pro Leu Gln Ile Pro Val Ser Arg Ser Phe Ser Ser
195 200 205

Thr Leu Leu Ser Ile Phe Gln Ser Ser Pro Glu Arg Thr Gln Ser Thr
210 215 220

Phe Glu Gly Phe Ala Gln Ser Pro Leu Gln Ile Pro Val Ser Pro Ser
225 230 235 240

Ser Ser Ser Thr Leu Leu Ser Leu Phe Gln Ser Phe Ser Glu Arg Thr
245 250 255

Gln Ser Thr Phe Glu Gly Phe Ala Gln Ser Ser Leu Gln Ile Pro Val
260 265 270

Ser Pro Ser Phe Ser Ser Thr Leu Val Ser Leu Phe Gln Ser Ser Pro
275 280 285

Glu Arg Thr Gln Ser Thr Phe Glu Gly Phe Pro Gln Ser Pro Leu Gln
290 295 300

Ile Pro Val Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Leu Leu Ser Leu Phe Gln
305 310 315 320

Ser Ser Pro Glu Arg Thr His Ser Thr Phe Glu Gly Phe Pro Gln Ser
325 330 335

Leu Leu Gln Ile Pro Met Thr Ser Ser Phe Ser Ser Thr Leu Leu Ser
340 345 350

Ile Phe Gln Ser Ser Pro Glu Ser Ala Gln Ser Thr Phe Glu Gly Phe
355 360 365

Pro Gln Ser Pro Leu Gln Ile Pro Gly Ser Pro Ser Phe Ser Ser Thr
370 375 380

Leu Leu Ser Leu Phe Gln Ser Ser Pro Glu Arg Thr His Ser Thr Phe
385 390 395 400

Glu Gly Phe Pro Gln Ser Pro Leu Gln Ile Pro Met Thr Ser Ser Phe
405 410 415

Ser Ser Thr Leu Leu Ser Ile Leu Gln Ser Ser Pro Glu Ser Ala Gln
420 425 430

Ser Ala Phe Glu Gly Phe Pro Gln Ser Pro Leu Gln Ile Pro Val Ser

435 440 445

Ser Ser Phe Ser Tyr Thr Leu Leu Ser Leu Phe Gln Ser Ser Pro Glu

450 455 460

Arg Thr His Ser Thr Phe Glu Gly Phe Pro Gln Ser Pro Leu Gln Ile

465 470 475 480

Pro Val Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Leu Leu Ser Leu Phe Gln

485 490 495

Ser Ser Pro Glu Cys Thr Gln Ser Thr Phe Glu Gly Phe Pro Gln Ser

500 505 510

Pro Leu Gln Ile Pro Gln Ser Pro Pro Glu Gly Glu Asn Thr His Ser

515 520 525

Pro Leu Gln Ile Val Pro Ser Leu Pro Glu Trp Glu Asp Ser Leu Ser

530 535 540

Pro His Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Pro Gln Gly Glu Asp Ser Leu Ser

545 550 555 560

Pro His Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Pro Gln Gly Glu Asp Ser Leu Ser

565 570 575

Pro His Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Gln Gly Glu Asp Ser Leu Ser Pro

580 585 590

His Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Pro Gln Gly Glu Asp Ser Met Ser Pro

595 600 605

Leu Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Leu Gln Gly Glu Glu Phe Gln Ser Ser

610 615 620

Leu Gln Ser Pro Val Ser Ile Cys Ser Ser Ser Thr Pro Ser Ser Leu

625 630 635 640

Pro Gln Ser Phe Pro Glu Ser Ser Gln Ser Pro Pro Glu Gly Pro Val

645 650 655

Gln Ser Pro Leu His Ser Pro Gln Ser Pro Pro Glu Gly Met His Ser

660 665 670

Gln Ser Pro Leu Gln Ser Pro Glu Ser Ala Pro Glu Gly Glu Asp Ser

675 680 685

Leu Ser Pro Leu Gln Ile Pro Gln Ser Pro Leu Glu Gly Glu Asp Ser
690 695 700

Leu Ser Ser Leu His Phe Pro Gln Ser Pro Pro Glu Trp Glu Asp Ser
705 710 715 720

Leu Ser Pro Leu His Phe Pro Gln Phe Pro Pro Gln Gly Glu Asp Phe
725 730 735

Gln Ser Ser Leu Gln Ser Pro Val Ser Ile Cys Ser Ser Ser Thr Ser
740 745 750

Leu Ser Leu Pro Gln Ser Phe Pro Glu Ser Pro Gln Ser Pro Pro Glu
755 760 765

Gly Pro Ala Gln Ser Pro Leu Gln Arg Pro Val Ser Ser Phe Phe Ser
770 775 780

Tyr Thr Leu Ala Ser Leu Leu Gln Ser Ser His Glu Ser Pro Gln Ser
785 790 795 800

Pro Pro Glu Gly Pro Ala Gln Ser Pro Leu Gln Ser Pro Val Ser Ser
805 810 815

Phe Pro Ser Ser Thr Ser Ser Ser Leu Ser Gln Ser Ser Pro Val Ser
820 825 830

Ser Phe Pro Ser Ser Thr Ser Ser Ser Leu Ser Lys Ser Ser Pro Glu
835 840 845

Ser Pro Leu Gln Ser Pro Val Ile Ser Phe Ser Ser Ser Thr Ser Leu
850 855 860

Ser Pro Phe Ser Glu Glu Ser Ser Ser Pro Val Asp Glu Tyr Thr Ser
865 870 875 880

Ser Ser Asp Thr Leu Leu Glu Ser Asp Ser Leu Thr Asp Ser Glu Ser
885 890 895

Leu Ile Glu Ser Glu Pro Leu Phe Thr Tyr Thr Leu Asp Glu Lys Val
900 905 910

Asp Glu Leu Ala Arg Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Gln Val Lys Gln Pro
915 920 925

Ile Thr Lys Ala Glu Met Leu Thr Asn Val Ile Ser Arg Tyr Thr Gly

930 935 940

Tyr Phe Pro Val Ile Phe Arg Lys Ala Arg Glu Phe Ile Glu Ile Leu
945 950 955 960
Phe Gly Ile Ser Leu Arg Glu Val Asp Pro Asp Asp Ser Tyr Val Phe
965 970 975
Val Asn Thr Leu Asp Leu Thr Ser Glu Gly Cys Leu Ser Asp Glu Gln
980 985 990
Gly Met Ser Gln Asn Arg Leu Leu Ile Leu Ile Leu Ser Ile Ile Phe
995 1000 1005

Ile Lys Gly Thr Tyr Ala Ser Glu Glu Val Ile Trp Asp Val Leu
1010 1015 1020
Ser Gly Ile Gly Val Arg Ala Gly Arg Glu His Phe Ala Phe Gly
1025 1030 1035
Glu Pro Arg Glu Leu Leu Thr Lys Val Trp Val Gln Glu His Tyr
1040 1045 1050
Leu Glu Tyr Arg Glu Val Pro Asn Ser Ser Pro Pro Arg Tyr Glu
1055 1060 1065

Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala His Ser Glu Val Ile Lys Arg Lys
1070 1075 1080
Val Val Glu Phe Leu Ala Met Leu Lys Asn Thr Val Pro Ile Thr
1085 1090 1095
Phe Pro Ser Ser Tyr Lys Asp Ala Leu Lys Asp Val Glu Glu Arg
1100 1105 1110
Ala Gln Ala Ile Ile Asp Thr Thr Asp Asp Ser Thr Ala Thr Glu
1115 1120 1125

Ser Ala Ser Ser Ser Val Met Ser Pro Ser Phe Ser Ser Glu
1130 1135 1140

<210> 477
<211> 373
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-C2__Homo_sapiens__Q9UBF1

<400> 477

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

225 230 235 240

Gly Asn Cys Ala Ser Glu Glu Val Ile Trp Glu Val Leu Asn Ala Val

245 250 255

Gly Val Tyr Ala Gly Arg Glu His Phe Val Tyr Gly Glu Pro Arg Glu

260 265 270

Leu Leu Thr Lys Val Trp Val Gln Gly His Tyr Leu Glu Tyr Arg Glu

275 280 285

Val Pro His Ser Ser Pro Pro Tyr Tyr Glu Phe Leu Trp Gly Pro Arg

290 295 300

Ala His Ser Glu Ser Ile Lys Lys Lys Val Leu Glu Phe Leu Ala Lys

305 310 315 320

Leu Asn Asn Thr Val Pro Ser Ser Phe Pro Ser Trp Tyr Lys Asp Ala

325 330 335

Leu Lys Asp Val Glu Glu Arg Val Gln Ala Thr Ile Asp Thr Ala Asp

340 345 350

Asp Ala Thr Val Met Ala Ser Glu Ser Leu Ser Val Met Ser Ser Asn

355 360 365

Val Ser Phe Ser Glu

370

<210> 478

<211> 643

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-C3__Homo_sapiens__Q8TD91

<400> 478

Met Leu Leu Pro Cys His Trp Val Leu Asp Ala Thr Phe Ser Asp Gly

1 5 10 15

Ser Leu Gly Gln Trp Val Lys Asn Thr Cys Ala Thr Tyr Ala Leu Ser

20 25 30

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

35 40 45

Lys Asp Tyr Ser Ala Phe His Leu Gly His Leu Arg Glu Val Arg Leu

50 55 60

Phe Leu Arg Gly Gly Thr Ser Asp Gln Arg Met Asp Ser Leu Val Leu

65 70 75 80

Cys Pro Thr Tyr Phe Lys Leu Trp Arg Thr Leu Ser Gly Ser Pro Gly

85 90 95

Leu Gln Leu Ser Asp Leu His Phe Gly Ser Gln Pro Glu Gly Lys Phe

100 105 110

Ser Leu Arg Arg Ala Val Ser Val Lys Gln Arg Glu Glu Pro Gln Asp

115 120 125

Trp Pro Leu Asn Glu Lys Arg Thr Leu Trp Lys Asp Ser Asp Leu Pro

130 135 140

Thr Trp Arg Arg Gly Thr Gly Tyr Thr Leu Ser Leu Pro Ala Val Ser

145 150 155 160

Pro Gly Lys Arg Leu Trp Gly Glu Lys Ala Gly Ser Leu Pro Glu Ser

165 170 175

Glu Pro Leu Phe Thr Tyr Thr Leu Asp Glu Lys Val Asp Lys Leu Val

180 185 190

Gln Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Gln Ala Lys Glu Pro Leu Thr Arg Ala

195 200 205

Glu Met Gln Met Asn Val Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Tyr Phe Pro Met

210 215 220

Ile Phe Arg Lys Ala Arg Glu Phe Ile Glu Ile Leu Phe Gly Ile Ser

225 230 235 240

Leu Thr Glu Val Asp Pro Asp His Phe Tyr Val Phe Val Asn Thr Leu

245 250 255

Asp Leu Thr Cys Glu Gly Ser Leu Ser Asp Glu Gln Gly Met Pro Gln

260 265 270

Asn Arg Leu Leu Ile Leu Ile Leu Ser Val Ile Phe Ile Lys Gly Asn

275 280 285

Cys Ala Ser Glu Glu Val Ile Trp Glu Val Leu Asn Ala Ile Gly Pro

290 295 300

Trp Ser Ala Leu Ala Gly Phe Ala Asp Val Leu Ser Arg Leu Ala Leu
305 310 315 320
Trp Glu Ser Glu Gly Pro Glu Ala Phe Cys Glu Glu Ser Gly Leu Arg
325 330 335
Ser Ala Glu Gly Ser Val Leu Asp Leu Ala Asn Pro Gln Gly Leu Ala
340 345 350
Gly His Arg Gln Glu Asp Gly Arg Arg Gly Leu Thr Glu Ala Ser Pro

355 360 365
Gln Gln Lys Lys Gly Gly Glu Asp Glu Asp Met Pro Ala Ala Gly Met
370 375 380
Pro Pro Leu Pro Gln Ser Pro Pro Glu Ile Pro Pro Gln Gly Pro Pro
385 390 395 400
Lys Ile Ser Pro Gln Gly Pro Pro Gln Ser Pro Pro Gln Ser Pro Leu
405 410 415
Asp Ser Cys Ser Ser Pro Leu Leu Trp Thr Arg Leu Asp Glu Glu Ser

420 425 430
Ser Ser Glu Glu Glu Asp Thr Ala Thr Trp His Ala Leu Pro Glu Ser
435 440 445
Glu Ser Leu Pro Arg Tyr Ala Leu Asp Glu Lys Val Ala Glu Leu Val
450 455 460
Gln Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Gln Thr Lys Glu Pro Val Thr Lys Ala
465 470 475 480
Glu Met Leu Thr Thr Val Ile Lys Lys Tyr Lys Asp Tyr Phe Pro Met

485 490 495
Ile Phe Gly Lys Ala His Glu Phe Ile Glu Leu Ile Phe Gly Ile Ala
500 505 510
Leu Thr Asp Met Asp Pro Asp Asn His Ser Tyr Phe Phe Glu Asp Thr
515 520 525
Leu Asp Leu Thr Tyr Glu Gly Ser Leu Ile Asp Asp Gln Gly Met Pro
530 535 540
Lys Asn Cys Leu Leu Ile Leu Ile Leu Ser Met Ile Phe Ile Lys Gly

545 550 555 560

Ser Cys Val Pro Glu Glu Val Ile Trp Glu Val Leu Ser Ala Ile Gly

565 570 575

Pro Ile Gln Arg Pro Ala Arg Glu Val Leu Glu Phe Leu Ser Lys Leu

580 585 590

Ser Ser Ile Ile Pro Ser Ala Phe Pro Ser Trp Tyr Met Asp Ala Leu

595 600 605

Lys Asp Met Glu Asp Arg Ala Gln Ala Ile Ile Asp Thr Thr Asp Asp

610 615 620

Ala Thr Ala Met Ala Ser Ala Ser Pro Ser Val Met Ser Thr Asn Phe

625 630 635 640

Cys Pro Glu

<210> 479

<211> 778

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-D1__Homo_sapiens__Q9Y5V3

<400> 479

Met Ala Gln Lys Met Asp Cys Gly Ala Gly Leu Leu Gly Phe Gln Ala

1 5 10 15

Glu Ala Ser Val Glu Asp Ser Ala Leu Leu Met Gln Thr Leu Met Glu

20 25 30

Ala Ile Gln Ile Ser Glu Ala Pro Pro Thr Asn Gln Ala Thr Ala Ala

35 40 45

Ala Ser Pro Gln Ser Ser Gln Pro Pro Thr Ala Asn Glu Met Ala Asp

50 55 60

Ile Gln Val Ser Ala Ala Ala Ala Arg Pro Lys Ser Ala Phe Lys Val

65 70 75 80

Gln Asn Ala Thr Thr Lys Gly Pro Asn Gly Val Tyr Asp Phe Ser Gln

85 90 95

Ala His Asn Ala Lys Asp Val Pro Asn Thr Gln Pro Lys Ala Ala Phe

100 105 110

Lys Ser Gln Asn Ala Thr Pro Lys Gly Pro Asn Ala Ala Tyr Asp Phe
115 120 125
Ser Gln Ala Ala Thr Thr Gly Glu Leu Ala Ala Asn Lys Ser Glu Met
130 135 140
Ala Phe Lys Ala Gln Asn Ala Thr Thr Lys Val Gly Pro Asn Ala Thr

145 150 155 160
Tyr Asn Phe Ser Gln Ser Leu Asn Ala Asn Asp Leu Ala Asn Ser Arg
165 170 175
Pro Lys Thr Pro Phe Lys Ala Trp Asn Asp Thr Thr Lys Ala Pro Thr
180 185 190
Ala Asp Thr Gln Thr Gln Asn Val Asn Gln Ala Lys Met Ala Thr Ser
195 200 205
Gln Ala Asp Ile Glu Thr Asp Pro Gly Ile Ser Glu Pro Asp Gly Ala

210 215 220
Thr Ala Gln Thr Ser Ala Asp Gly Ser Gln Ala Gln Asn Leu Glu Ser
225 230 235 240
Arg Thr Ile Ile Arg Gly Lys Arg Thr Arg Lys Ile Asn Asn Leu Asn
245 250 255
Val Glu Glu Asn Ser Ser Gly Asp Gln Arg Arg Ala Pro Leu Ala Ala
260 265 270
Gly Thr Trp Arg Ser Ala Pro Val Pro Val Thr Thr Gln Asn Pro Pro

275 280 285
Gly Ala Pro Pro Asn Val Leu Trp Gln Thr Pro Leu Ala Trp Gln Asn
290 295 300
Pro Ser Gly Trp Gln Asn Gln Thr Ala Arg Gln Thr Pro Pro Ala Arg
305 310 315 320
Gln Ser Pro Pro Ala Arg Gln Thr Pro Pro Ala Trp Gln Asn Pro Val
325 330 335
Ala Trp Gln Asn Pro Val Ile Trp Pro Asn Pro Val Ile Trp Gln Asn

340 345 350
Pro Val Ile Trp Pro Asn Pro Ile Val Trp Pro Gly Pro Val Val Trp

355 360 365

Pro Asn Pro Leu Ala Trp Gln Asn Pro Pro Gly Trp Gln Thr Pro Pro

370 375 380

Gly Trp Gln Thr Pro Pro Gly Trp Gln Gly Pro Pro Asp Trp Gln Gly

385 390 395 400

Pro Pro Asp Trp Pro Leu Pro Pro Asp Trp Pro Leu Pro Pro Asp Trp

405 410 415

Pro Leu Pro Thr Asp Trp Pro Leu Pro Pro Asp Trp Ile Pro Ala Asp

420 425 430

Trp Pro Ile Pro Pro Asp Trp Gln Asn Leu Arg Pro Ser Pro Asn Leu

435 440 445

Arg Pro Ser Pro Asn Ser Arg Ala Ser Gln Asn Pro Gly Ala Ala Gln

450 455 460

Pro Arg Asp Val Ala Leu Leu Gln Glu Arg Ala Asn Lys Leu Val Lys

465 470 475 480

Tyr Leu Met Leu Lys Asp Tyr Thr Lys Val Pro Ile Lys Arg Ser Glu

485 490 495

Met Leu Arg Asp Ile Ile Arg Glu Tyr Thr Asp Val Tyr Pro Glu Ile

500 505 510

Ile Glu Arg Ala Cys Phe Val Leu Glu Lys Lys Phe Gly Ile Gln Leu

515 520 525

Lys Glu Ile Asp Lys Glu Glu His Leu Tyr Ile Leu Ile Ser Thr Pro

530 535 540

Glu Ser Leu Ala Gly Ile Leu Gly Thr Thr Lys Asp Thr Pro Lys Leu

545 550 555 560

Gly Leu Leu Leu Val Ile Leu Gly Val Ile Phe Met Asn Gly Asn Arg

565 570 575

Ala Ser Glu Ala Val Leu Trp Glu Ala Leu Arg Lys Met Gly Leu Arg

580 585 590

Pro Gly Val Arg His Pro Leu Leu Gly Asp Leu Arg Lys Leu Leu Thr

595 600 605

Tyr Glu Phe Val Lys Gln Lys Tyr Leu Asp Tyr Arg Arg Val Pro Asn
610 615 620
Ser Asn Pro Pro Glu Tyr Glu Phe Leu Trp Gly Leu Arg Ser Tyr His
625 630 635 640
Glu Thr Ser Lys Met Lys Val Leu Arg Phe Ile Ala Glu Val Gln Lys
645 650 655
Arg Asp Pro Arg Asp Trp Thr Ala Gln Phe Met Glu Ala Ala Asp Glu

660 665 670
Ala Leu Asp Ala Leu Asp Ala Ala Ala Ala Glu Ala Glu Ala Arg Ala
675 680 685
Glu Ala Arg Thr Arg Met Gly Ile Gly Asp Glu Ala Val Ser Gly Pro
690 695 700
Trp Ser Trp Asp Asp Ile Glu Phe Glu Leu Leu Thr Trp Asp Glu Glu
705 710 715 720
Gly Asp Phe Gly Asp Pro Trp Ser Arg Ile Pro Phe Thr Phe Trp Ala

725 730 735
Arg Tyr His Gln Asn Ala Arg Ser Arg Phe Pro Gln Thr Phe Ala Gly
740 745 750
Pro Ile Ile Gly Pro Gly Gly Thr Ala Ser Ala Asn Phe Ala Ala Asn
755 760 765
Phe Gly Ala Ile Gly Phe Phe Trp Val Glu
770 775

<210> 480
<211> 606
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-D2__Homo_sapiens__Q9UNF1

<400> 480
Met Ser Asp Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Leu Thr Arg Phe Gln Ala
1 5 10 15
Glu Ala Ser Glu Lys Asp Ser Ser Ser Met Met Gln Thr Leu Leu Thr
20 25 30

Val Thr Gln Asn Val Glu Val Pro Glu Thr Pro Lys Ala Ser Lys Ala
35 40 45
Leu Glu Val Ser Glu Asp Val Lys Val Ser Lys Ala Ser Gly Val Ser
50 55 60

Lys Ala Thr Glu Val Ser Lys Thr Pro Glu Ala Arg Glu Ala Pro Ala
65 70 75 80
Thr Gln Ala Ser Ser Thr Thr Gln Leu Thr Asp Thr Gln Val Leu Ala
85 90 95
Ala Glu Asn Lys Ser Leu Ala Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asn Ala Asp
100 105 110
Pro Gln Ala Val Thr Met Pro Ala Thr Glu Thr Lys Lys Val Ser His
115 120 125

Val Ala Asp Thr Lys Val Asn Thr Lys Ala Gln Glu Thr Glu Ala Ala
130 135 140
Pro Ser Gln Ala Pro Ala Asp Glu Pro Glu Pro Glu Ser Ala Ala Ala
145 150 155 160
Gln Ser Gln Glu Asn Gln Asp Thr Arg Pro Lys Val Lys Ala Lys Lys
165 170 175
Ala Arg Lys Val Lys His Leu Asp Gly Glu Glu Asp Gly Ser Ser Asp
180 185 190

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

Arg Arg Ala Ala Lys Leu Gln Ser Ser Gln Glu Pro Glu Ala Pro Pro
260 265 270
Pro Arg Asp Val Ala Leu Leu Gln Gly Arg Ala Asn Asp Leu Val Lys

275 280 285

Tyr Leu Leu Ala Lys Asp Gln Thr Lys Ile Pro Ile Lys Arg Ser Asp

290 295 300

Met Leu Lys Asp Ile Ile Lys Glu Tyr Thr Asp Val Tyr Pro Glu Ile

305 310 315 320

Ile Glu Arg Ala Gly Tyr Ser Leu Glu Lys Val Phe Gly Ile Gln Leu

325 330 335

Lys Glu Ile Asp Lys Asn Asp His Leu Tyr Ile Leu Leu Ser Thr Leu

340 345 350

Glu Pro Thr Asp Ala Gly Ile Leu Gly Thr Thr Lys Asp Ser Pro Lys

355 360 365

Leu Gly Leu Leu Met Val Leu Leu Ser Ile Ile Phe Met Asn Gly Asn

370 375 380

Arg Ser Ser Glu Ala Val Ile Trp Glu Val Leu Arg Lys Leu Gly Leu

385 390 395 400

Arg Pro Gly Ile His His Ser Leu Phe Gly Asp Val Lys Lys Leu Ile

405 410 415

Thr Asp Glu Phe Val Lys Gln Lys Tyr Leu Asp Tyr Ala Arg Val Pro

420 425 430

Asn Ser Asn Pro Pro Glu Tyr Glu Phe Phe Trp Gly Leu Arg Ser Tyr

435 440 445

Tyr Glu Thr Ser Lys Met Lys Val Leu Lys Phe Ala Cys Lys Val Gln

450 455 460

Lys Lys Asp Pro Lys Glu Trp Ala Ala Gln Tyr Arg Glu Ala Met Glu

465 470 475 480

Ala Asp Leu Lys Ala Ala Ala Glu Ala Ala Ala Glu Ala Lys Ala Arg

485 490 495

Ala Glu Ile Arg Ala Arg Met Gly Ile Gly Leu Gly Ser Glu Asn Ala

500 505 510

Ala Gly Pro Cys Asn Trp Asp Glu Ala Asp Ile Gly Pro Trp Ala Lys

515 520 525

Ala Arg Ile Gln Ala Gly Ala Glu Ala Lys Ala Lys Ala Gln Glu Ser
530 535 540
Gly Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Thr Ser Thr Asn Asn Ser Ala Ser
545 550 555 560
Ala Ser Ala Ser Thr Ser Gly Gly Phe Ser Ala Gly Ala Ser Leu Thr
565 570 575

Ala Thr Leu Thr Phe Gly Leu Phe Ala Gly Leu Gly Gly Ala Gly Ala
580 585 590
Ser Thr Ser Gly Ser Ser Gly Ala Cys Gly Phe Ser Tyr Lys
595 600 605

<210> 481
<211> 741
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-D4__Homo_sapiens__Q96JG8
<400> 481
Met Ala Glu Gly Ser Phe Ser Val Gln Ser Glu Ser Tyr Ser Val Glu
1 5 10 15
Asp Met Asp Glu Gly Ser Asp Glu Val Gly Glu Glu Glu Met Val Glu

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

85 90 95
Ala Asn Glu Thr Ala Ala Arg Ala Ala Asn Val Ala Arg Ala Ala Ala
100 105 110
Ser Asn Arg Ala Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Ala Arg Thr Ala Phe
115 120 125

Ser Gln Val Val Ala Ser His Arg Val Ala Thr Pro Gln Val Ser Gly
130 135 140
Glu Asp Thr Gln Pro Thr Thr Tyr Ala Ala Glu Ala Gln Gly Pro Thr

145 150 155 160
Pro Glu Pro Pro Leu Ala Ser Pro Gln Thr Ser Gln Met Leu Val Thr
165 170 175
Ser Lys Met Ala Ala Pro Glu Ala Pro Ala Thr Ser Ala Gln Ser Gln
180 185 190
Thr Gly Ser Pro Ala Gln Glu Ala Ala Thr Glu Gly Pro Ser Ser Ala
195 200 205
Cys Ala Phe Ser Gln Ala Pro Cys Ala Arg Glu Val Asp Ala Asn Arg

210 215 220
Pro Ser Thr Ala Phe Leu Gly Gln Asn Asp Val Phe Asp Phe Thr Gln
225 230 235 240
Pro Ala Gly Val Ser Gly Met Ala Phe Pro Arg Pro Lys Arg Pro Ala
245 250 255
Pro Ala Gln Glu Ala Ala Thr Glu Gly Pro Ser Ala Ala Ser Gly Val
260 265 270
Pro Gln Thr Gly Pro Gly Arg Glu Val Ala Ala Thr Arg Pro Lys Thr

275 280 285
Thr Lys Ser Gly Lys Ala Leu Ala Lys Thr Arg Trp Val Glu Pro Gln
290 295 300
Asn Val Val Ala Ala Ala Ala Ala Lys Ala Lys Met Ala Thr Ser Ile
305 310 315 320
Pro Glu Pro Glu Gly Ala Ala Ala Ala Thr Ala Gln His Ser Ala Glu
325 330 335
Pro Trp Ala Arg Met Gly Gly Lys Arg Thr Lys Lys Ser Lys His Leu

340 345 350
Asp Asp Glu Tyr Glu Ser Ser Glu Glu Glu Arg Glu Thr Pro Ala Val
355 360 365
Pro Pro Thr Trp Arg Ala Ser Gln Pro Ser Leu Thr Val Arg Ala Gln

370 375 380

Leu Ala Pro Arg Pro Pro Met Ala Pro Arg Ser Gln Ile Pro Ser Arg

385 390 395 400

His Val Leu Cys Leu Pro Pro Arg Asn Val Thr Leu Leu Gln Glu Arg

405 410 415

Ala Asn Lys Leu Val Lys Tyr Leu Met Ile Lys Asp Tyr Lys Lys Ile

420 425 430

Pro Ile Lys Arg Ala Asp Met Leu Lys Asp Val Ile Arg Glu Tyr Asp

435 440 445

Glu His Phe Pro Glu Ile Ile Glu Arg Ala Thr Tyr Thr Leu Glu Lys

450 455 460

Lys Phe Gly Ile His Leu Lys Glu Ile Asp Lys Glu Glu His Leu Tyr

465 470 475 480

Ile Leu Val Cys Thr Arg Asp Ser Ser Ala Arg Leu Leu Gly Lys Thr

485 490 495

Lys Asp Thr Pro Arg Leu Ser Leu Leu Leu Val Ile Leu Gly Val Ile

500 505 510

Phe Met Asn Gly Asn Arg Ala Ser Glu Ala Val Leu Trp Glu Ala Leu

515 520 525

Arg Lys Met Gly Leu Arg Pro Gly Val Arg His Pro Phe Leu Gly Asp

530 535 540

Leu Arg Lys Leu Ile Thr Asp Asp Phe Val Lys Gln Lys Tyr Leu Glu

545 550 555 560

Tyr Lys Lys Ile Pro Asn Ser Asn Pro Pro Glu Tyr Glu Phe Leu Trp

565 570 575

Gly Leu Arg Ala Arg His Glu Thr Ser Lys Met Arg Val Leu Arg Phe

580 585 590

Ile Ala Gln Asn Gln Asn Arg Asp Pro Arg Glu Trp Lys Ala His Phe

595 600 605

Leu Glu Ala Val Asp Asp Ala Phe Lys Thr Met Asp Val Asp Met Ala

610 615 620

Glu Glu His Ala Arg Ala Gln Met Arg Ala Gln Met Asn Ile Gly Asp
625 630 635 640
Glu Ala Leu Ile Gly Arg Trp Ser Trp Asp Asp Ile Gln Val Glu Leu
645 650 655
Leu Thr Trp Asp Glu Asp Gly Asp Phe Gly Asp Ala Trp Ala Arg Ile

660 665 670
Pro Phe Ala Phe Trp Ala Arg Tyr His Gln Tyr Ile Leu Asn Ser Asn
675 680 685
Arg Ala Asn Arg Arg Ala Thr Trp Arg Ala Gly Val Ser Ser Gly Thr
690 695 700
Asn Gly Gly Ala Ser Thr Ser Val Leu Asp Gly Pro Ser Thr Ser Ser
705 710 715 720
Thr Ile Arg Thr Arg Asn Ala Ala Arg Ala Gly Ala Ser Phe Phe Ser

725 730 735
Trp Ile Gln His Arg
740

<210> 482
<211> 373
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-_E1__Homo_sapiens__Q6IAI7
<400> 482
Met Pro Pro Val Pro Gly Val Pro Phe Arg Asn Val Asp Asn Asp Ser
1 5 10 15
Pro Thr Ser Val Glu Leu Glu Asp Trp Val Asp Ala Gln His Pro Thr
20 25 30
Asp Glu Glu Glu Glu Glu Ala Ser Ser Ala Ser Ser Thr Leu Tyr Leu

35 40 45
Val Phe Ser Pro Ser Ser Phe Ser Thr Ser Ser Ser Leu Ile Leu Gly
50 55 60
Gly Pro Glu Glu Glu Glu Val Pro Ser Gly Val Ile Pro Asn Leu Thr
65 70 75 80

Glu Ser Ile Pro Ser Ser Pro Pro Gln Gly Pro Pro Gln Gly Pro Ser
85 90 95
Gln Ser Pro Leu Ser Ser Cys Cys Ser Ser Phe Ser Trp Ser Ser Phe

100 105 110
Ser Glu Glu Ser Ser Ser Gln Lys Gly Glu Asp Thr Gly Thr Cys Gln
115 120 125
Gly Leu Pro Asp Ser Glu Ser Ser Phe Thr Tyr Thr Leu Asp Glu Lys
130 135 140
Val Ala Glu Leu Val Glu Phe Leu Leu Leu Lys Tyr Glu Ala Glu Glu
145 150 155 160
Pro Val Thr Glu Ala Glu Met Leu Met Ile Val Ile Lys Tyr Lys Asp

165 170 175
Tyr Phe Pro Val Ile Leu Lys Arg Ala Arg Glu Phe Met Glu Leu Leu
180 185 190
Phe Gly Leu Ala Leu Ile Glu Val Gly Pro Asp His Phe Cys Val Phe
195 200 205
Ala Asn Thr Val Gly Leu Thr Asp Glu Gly Ser Asp Asp Glu Gly Met
210 215 220
Pro Glu Asn Ser Leu Leu Ile Ile Ile Leu Ser Val Ile Phe Ile Lys

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

290 295 300
Ala His Ser Glu Ser Ile Lys Lys Lys Val Leu Glu Phe Leu Ala Lys
305 310 315 320
Leu Asn Asn Thr Val Pro Ser Ser Phe Pro Ser Trp Tyr Lys Asp Ala

325 330 335

Leu Lys Asp Val Glu Glu Arg Val Gln Ala Thr Ile Asp Thr Ala Asp

340 345 350

Asp Ala Thr Val Met Ala Ser Glu Ser Leu Ser Val Met Ser Ser Asn

355 360 365

Val Ser Phe Ser Asp

370

<210> 483

<211> 957

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-E1_(MAGE1)__Homo_sapiens__Q9HCI5

<400> 483

Met Ser Leu Val Ser Gln Asn Ser Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Ala

1 5 10 15

Lys Ala Thr Ala His Asn Ser Ser Trp Gly Glu Met Gln Ala Pro Asn

20 25 30

Ala Pro Gly Leu Pro Ala Asp Val Pro Gly Ser Asp Val Pro Gln Gly

35 40 45

Pro Ser Asp Ser Gln Ile Leu Gln Gly Leu Cys Ala Ser Glu Gly Pro

50 55 60

Ser Thr Ser Val Leu Pro Thr Ser Ala Glu Gly Pro Ser Thr Phe Val

65 70 75 80

Pro Pro Thr Ile Ser Glu Ala Ser Ser Ala Ser Gly Gln Pro Thr Ile

85 90 95

Ser Glu Gly Pro Gly Thr Ser Val Leu Pro Thr Pro Ser Glu Gly Leu

100 105 110

Ser Thr Ser Gly Pro Pro Thr Ile Ser Lys Gly Leu Cys Thr Ser Val

115 120 125

Thr Leu Ala Ala Ser Glu Gly Arg Asn Thr Ser Arg Pro Pro Thr Ser

130 135 140

Ser Glu Glu Pro Ser Thr Ser Val Pro Pro Thr Ala Ser Glu Val Pro

145 150 155 160

Ser Thr Ser Leu Pro Pro Thr Pro Gly Glu Gly Thr Ser Thr Ser Val

165 170 175

Pro Pro Thr Ala Tyr Glu Gly Pro Ser Thr Ser Val Val Pro Thr Pro

180 185 190

Asp Glu Gly Pro Ser Thr Ser Val Leu Pro Thr Pro Gly Glu Gly Pro

195 200 205

Gly Thr Ser Val Pro Leu Ala Ala Thr Glu Gly Leu Ser Thr Ser Val

210 215 220

Gln Ala Thr Pro Asp Glu Gly Pro Ser Thr Ser Val Pro Pro Thr Ala

225 230 235 240

Thr Glu Gly Leu Ser Thr Pro Val Pro Pro Thr Arg Asp Glu Gly Pro

245 250 255

Ser Thr Ser Val Pro Ala Thr Pro Gly Glu Gly Pro Ser Thr Ser Val

260 265 270

Leu Pro Ala Ala Ser Asp Gly Gln Ser Ile Ser Leu Val Pro Thr Arg

275 280 285

Gly Lys Gly Ser Ser Thr Ser Val Pro Pro Thr Ala Thr Glu Gly Leu

290 295 300

Ser Thr Ser Val Gln Pro Thr Ala Gly Glu Gly Ser Ser Thr Ser Val

305 310 315 320

Pro Pro Thr Pro Gly Gly Gly Leu Ser Thr Ser Val Pro Pro Thr Ala

325 330 335

Thr Glu Glu Leu Ser Thr Ser Val Pro Pro Thr Pro Gly Glu Gly Pro

340 345 350

Ser Thr Ser Val Leu Pro Ile Pro Gly Glu Gly Leu Ser Thr Ser Val

355 360 365

Pro Pro Thr Ala Ser Asp Gly Ser Asp Thr Ser Val Pro Pro Thr Pro

370 375 380

Gly Glu Gly Ala Ser Thr Leu Val Gln Pro Thr Ala Pro Asp Gly Pro

385 390 395 400

Gly Ser Ser Val Leu Pro Asn Pro Gly Glu Gly Pro Ser Thr Leu Phe
405 410 415
Ser Ser Ser Ala Ser Val Asp Arg Asn Pro Ser Lys Cys Ser Leu Val

420 425 430
Leu Pro Ser Pro Arg Val Thr Lys Ala Ser Val Asp Ser Asp Ser Glu
435 440 445
Gly Pro Lys Gly Ala Glu Gly Pro Ile Glu Phe Glu Val Leu Arg Asp
450 455 460
Cys Glu Ser Pro Asn Ser Ile Ser Ile Met Gly Leu Asn Thr Ser Arg
465 470 475 480
Val Ala Ile Thr Leu Lys Pro Gln Asp Pro Met Glu Gln Asn Val Ala

485 490 495
Glu Leu Leu Gln Phe Leu Leu Val Lys Asp Gln Ser Lys Tyr Pro Ile
500 505 510
Arg Glu Ser Glu Met Arg Glu Tyr Ile Val Lys Glu Tyr Arg Asn Gln
515 520 525
Phe Pro Glu Ile Leu Arg Arg Ala Ala Ala His Leu Glu Cys Ile Phe
530 535 540
Arg Phe Glu Leu Arg Glu Leu Asp Pro Glu Ala His Thr Tyr Ile Leu

545 550 555 560
Leu Asn Lys Leu Gly Pro Val Pro Phe Glu Gly Leu Glu Glu Ser Pro
565 570 575
Asn Gly Pro Lys Met Gly Leu Leu Met Met Ile Leu Gly Gln Ile Phe
580 585 590
Leu Asn Gly Asn Gln Ala Lys Glu Ala Glu Ile Trp Glu Met Leu Trp
595 600 605
Arg Met Gly Val Gln Arg Glu Arg Arg Leu Ser Ile Phe Gly Asn Pro

610 615 620
Lys Arg Leu Leu Ser Val Glu Phe Val Trp Gln Arg Tyr Leu Asp Tyr
625 630 635 640
Arg Pro Val Thr Asp Cys Lys Pro Val Glu Tyr Glu Phe Phe Trp Gly

645 650 655

Pro Arg Ser His Leu Glu Thr Thr Lys Met Lys Ile Leu Lys Phe Met

660 665 670

Ala Lys Ile Tyr Asn Lys Asp Pro Met Asp Trp Pro Glu Lys Tyr Asn

675 680 685

Glu Ala Leu Glu Glu Asp Ala Ala Arg Ala Phe Ala Glu Gly Trp Gln

690 695 700

Ala Leu Pro His Phe Arg Arg Pro Phe Phe Glu Glu Ala Ala Ala Glu

705 710 715 720

Val Pro Ser Pro Asp Ser Glu Val Ser Ser Tyr Ser Ser Lys Tyr Ala

725 730 735

Pro His Ser Trp Pro Glu Ser Arg Leu Glu Ser Lys Ala Arg Lys Leu

740 745 750

Val Gln Leu Phe Leu Leu Met Asp Ser Thr Lys Leu Pro Ile Pro Lys

755 760 765

Lys Gly Ile Leu Tyr Tyr Ile Gly Arg Glu Cys Ser Lys Val Phe Pro

770 775 780

Asp Leu Leu Asn Arg Ala Ala Arg Thr Leu Asn His Val Tyr Gly Thr

785 790 795 800

Glu Leu Val Val Leu Asp Pro Arg Asn His Ser Tyr Thr Leu Tyr Asn

805 810 815

Arg Arg Glu Met Glu Glu Thr Glu Glu Ile Val Asp Ser Pro Asn Arg

820 825 830

Pro Gly Asn Asn Phe Leu Met Gln Val Leu Ser Phe Ile Phe Ile Met

835 840 845

Gly Asn His Ala Arg Glu Ser Ala Val Trp Ala Phe Leu Arg Gly Leu

850 855 860

Gly Val Gln Ala Gly Arg Lys His Val Ile Thr Cys Arg Tyr Leu Ser

865 870 875 880

Gln Arg Tyr Ile Asp Ser Leu Arg Val Pro Asp Ser Asp Pro Val Gln

885 890 895

Tyr Glu Phe Val Trp Gly Pro Arg Ala Arg Leu Glu Thr Ser Lys Met
900 905 910
Lys Ala Leu Arg Tyr Val Ala Arg Ile His Arg Lys Glu Pro Gln Asp
915 920 925
Trp Pro Gln Gln Tyr Arg Glu Ala Met Glu Asp Glu Ala Asn Arg Ala

930 935 940
Asp Val Gly His Arg Gln Ile Phe Val His Asn Phe Arg
945 950 955
<210> 484
<211> 523
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MAGE-E2__Homo_sapiens__Q8TD90
<400> 484
Met Ser Leu Val Ser Gln Asn Ala Arg His Cys Ser Ala Glu Ile Thr
1 5 10 15
Ala Asp Tyr Gly Asp Gly Arg Gly Glu Ile Gln Ala Thr Asn Ala Ser
20 25 30

Gly Ser Pro Thr Ser Met Leu Val Val Asp Ala Pro Gln Cys Pro Gln
35 40 45
Ala Pro Ile Asn Ser Gln Cys Val Asn Thr Ser Gln Ala Val Gln Asp
50 55 60
Pro Asn Asp Leu Glu Val Leu Ile Asp Glu Gln Ser Arg Arg Leu Gly
65 70 75 80
Ala Leu Arg Val His Asp Pro Leu Glu Asp Arg Ser Ile Ala Leu Val
85 90 95

Asn Phe Met Arg Met Lys Ser Gln Thr Glu Gly Ser Ile Gln Gln Ser
100 105 110
Glu Met Leu Glu Phe Leu Arg Glu Tyr Ser Asp Gln Phe Pro Glu Ile
115 120 125
Leu Arg Arg Ala Ser Ala His Leu Asp Gln Val Phe Gly Leu Asn Leu
130 135 140

Arg Val Ile Asp Pro Gln Ala Asp Thr Tyr Asn Leu Val Ser Lys Arg
145 150 155 160

Gly Phe Gln Ile Thr Asp Arg Ile Ala Glu Ser Leu Asp Met Pro Lys
165 170 175

Ala Ser Leu Leu Ala Leu Val Leu Gly His Ile Leu Leu Asn Gly Asn
180 185 190

Arg Ala Arg Glu Ala Ser Ile Trp Asp Leu Leu Leu Lys Val Asp Met
195 200 205

Trp Asp Lys Pro Gln Arg Ile Asn Asn Leu Phe Gly Asn Thr Arg Asn
210 215 220

Leu Leu Thr Thr Asp Phe Val Cys Met Arg Phe Leu Glu Tyr Trp Pro
225 230 235 240

Val Tyr Gly Thr Asn Pro Leu Glu Phe Glu Phe Leu Trp Gly Ser Arg
245 250 255

Ala His Arg Glu Ile Thr Lys Met Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser Asp
260 265 270

Ala His Asp Glu Glu Pro Trp Ser Trp Pro Glu Glu Tyr Asn Lys Ala
275 280 285

Leu Glu Gly Asp Lys Thr Lys Glu Arg Ser Leu Thr Ala Gly Leu Glu
290 295 300

Phe Trp Ser Glu Asp Thr Met Asn Asp Lys Ala Asn Asp Leu Val Gln
305 310 315 320

Leu Ala Ile Ser Val Thr Glu Glu Met Leu Pro Ile His Gln Asp Glu
325 330 335

Leu Leu Ala His Thr Gly Lys Glu Phe Glu Asp Val Phe Pro Asn Ile
340 345 350

Leu Asn Arg Ala Thr Leu Ile Leu Asp Met Phe Tyr Gly Leu Ser Leu
355 360 365

Ile Glu Val Asp Thr Ser Glu His Ile Tyr Leu Leu Val Gln Gln Pro
370 375 380

Glu Ser Glu Glu Glu Gln Val Met Leu Glu Ser Leu Gly Arg Pro Thr

385 390 395 400

Gln Glu Tyr Val Met Pro Ile Leu Gly Leu Ile Phe Leu Met Gly Asn

405 410 415

Arg Val Lys Glu Ala Asn Val Trp Asn Leu Leu Arg Arg Phe Ser Val

420 425 430

Asp Val Gly Arg Lys His Ser Ile Thr Arg Lys Leu Met Arg Gln Arg

435 440 445

Tyr Leu Glu Cys Arg Pro Leu Ser Tyr Ser Asn Pro Val Glu Tyr Glu

450 455 460

Leu Leu Trp Gly Pro Arg Ala His His Glu Thr Ile Lys Met Lys Val

465 470 475 480

Leu Glu Tyr Met Ala Arg Leu Tyr Arg Lys Arg Pro Gln Asn Trp Pro

485 490 495

Glu Gln Tyr Arg Glu Ala Val Glu Asp Glu Glu Ala Arg Ala Lys Ser

500 505 510

Glu Ala Thr Ile Met Phe Phe Leu Asp Pro Thr

515 520

<210> 485

<211> 307

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-F1__Homo_sapiens__Q9HAY2

<400> 485

Met Leu Gln Thr Pro Glu Ser Arg Gly Leu Pro Val Pro Gln Ala Glu

1 5 10 15

Gly Glu Lys Asp Gly Gly His Asp Gly Glu Thr Arg Ala Pro Thr Ala

20 25 30

Ser Gln Glu Arg Pro Lys Glu Glu Leu Gly Ala Gly Arg Glu Glu Gly

35 40 45

Ala Ala Glu Pro Ala Leu Thr Arg Lys Gly Ala Arg Ala Leu Ala Ala

50 55 60

Lys Ala Leu Ala Arg Arg Arg Ala Tyr Arg Arg Leu Asn Arg Thr Val

65 70 75 80

Ala Glu Leu Val Gln Phe Leu Leu Val Lys Asp Lys Lys Lys Ser Pro

85 90 95

Ile Thr Arg Ser Glu Met Val Lys Tyr Val Ile Gly Asp Leu Lys Ile

100 105 110

Leu Phe Pro Asp Ile Ile Ala Arg Ala Ala Glu His Leu Arg Tyr Val

115 120 125

Phe Gly Phe Glu Leu Lys Gln Phe Asp Arg Lys His His Thr Tyr Ile

130 135 140

Leu Ile Asn Lys Leu Lys Pro Leu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Asp Leu

145 150 155 160

Gly Gly Asp Gly Pro Arg Leu Gly Leu Leu Met Met Ile Leu Gly Leu

165 170 175

Ile Tyr Met Arg Gly Asn Ser Ala Arg Glu Ala Gln Val Trp Glu Met

180 185 190

Leu Arg Arg Leu Gly Val Gln Pro Ser Lys Tyr His Phe Leu Phe Gly

195 200 205

Tyr Pro Lys Arg Leu Ile Met Glu Asp Phe Val Gln Gln Arg Tyr Leu

210 215 220

Ser Tyr Arg Arg Val Pro His Thr Asn Pro Pro Glu Tyr Glu Phe Ser

225 230 235 240

Trp Gly Pro Arg Ser Asn Leu Glu Ile Ser Lys Met Glu Val Leu Gly

245 250 255

Phe Val Ala Lys Leu His Lys Lys Glu Pro Gln His Trp Pro Val Gln

260 265 270

Tyr Arg Glu Ala Leu Ala Asp Glu Ala Asp Arg Ala Arg Ala Lys Ala

275 280 285

Arg Ala Glu Ala Ser Met Arg Ala Arg Ala Ser Ala Arg Ala Gly Ile

290 295 300

His Leu Trp

305

<210> 486

<211> 219

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGE-H1__Homo_sapiens__Q9H213

<400> 486

Met Pro Arg Gly Arg Lys Ser Arg Arg Arg Arg Asn Ala Arg Ala Ala

1 5 10 15

Glu Glu Asn Arg Asn Asn Arg Lys Ile Gln Ala Ser Glu Ala Ser Glu

20 25 30

Thr Pro Met Ala Ala Ser Val Val Ala Ser Thr Pro Glu Asp Asp Leu

35 40 45

Ser Gly Pro Glu Glu Asp Pro Ser Thr Pro Glu Glu Ala Ser Thr Thr

50 55 60

Pro Glu Glu Ala Ser Ser Thr Ala Gln Ala Gln Lys Pro Ser Val Pro

65 70 75 80

Arg Ser Asn Phe Gln Gly Thr Lys Lys Ser Leu Leu Met Ser Ile Leu

85 90 95

Ala Leu Ile Phe Ile Met Gly Asn Ser Ala Lys Glu Ala Leu Val Trp

100 105 110

Lys Val Leu Gly Lys Leu Gly Met Gln Pro Gly Arg Gln His Ser Ile

115 120 125

Phe Gly Asp Pro Lys Lys Ile Val Thr Glu Glu Phe Val Arg Arg Gly

130 135 140

Tyr Leu Ile Tyr Lys Pro Val Pro Arg Ser Ser Pro Val Glu Tyr Glu

145 150 155 160

Phe Phe Trp Gly Pro Arg Ala His Val Glu Ser Ser Lys Leu Lys Val

165 170 175

Met His Phe Val Ala Arg Val Arg Asn Arg Cys Ser Lys Asp Trp Pro

180 185 190

Cys Asn Tyr Asp Trp Asp Ser Asp Asp Asp Ala Glu Val Glu Ala Ile

195 200 205

Leu Asn Ser Gly Ala Arg Gly Tyr Ser Ala Pro

210 215

<210> 487

<211> 1249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MAGEL2__Homo_sapiens__Q9UJ55

<400> 487

Met Ser Gln Leu Ser Lys Asn Leu Gly Asp Ser Ser Pro Pro Ala Glu

1 5 10 15

Ala Pro Lys Pro Pro Val Tyr Ser Arg Pro Thr Val Leu Met Arg Ala

20 25 30

Pro Pro Ala Ser Ser Arg Ala Pro Pro Val Pro Trp Asp Pro Pro Pro

35 40 45

Ile Asp Leu Gln Ala Ser Leu Ala Ala Trp Gln Ala Pro Gln Pro Ala

50 55 60

Trp Glu Ala Pro Gln Gly Gln Leu Pro Ala Pro Val Val Pro Met Thr

65 70 75 80

Gln Pro Pro Ala Leu Gly Gly Pro Ile Val Pro Ala Pro Pro Leu Gly

85 90 95

Gly Pro Met Gly Lys Pro Pro Thr Pro Gly Val Leu Met Val His Pro

100 105 110

Pro Pro Pro Gly Ala Pro Met Ala Gln Pro Pro Thr Pro Gly Val Leu

115 120 125

Met Val His Pro Ser Ala Pro Gly Ala Pro Met Ala His Pro Pro Pro

130 135 140

Pro Gly Thr Pro Met Ser His Pro Pro Pro Pro Gly Thr Pro Met Ala

145 150 155 160

His Pro Pro Pro Pro Gly Thr Pro Met Ala His Pro Pro Pro Pro Gly

165 170 175

Thr Pro Met Val His Pro Pro Pro Pro Gly Thr Pro Met Ala His Pro

180 185 190

Pro Pro Pro Gly Thr Pro Met Ala His Pro Pro Pro Pro Gly Thr Pro

195 200 205

Met Ala His Pro Pro Pro Pro Gly Thr Pro Met Ala His Pro Pro Pro

210 215 220

Pro Gly Thr Pro Met Ala Gln Pro Pro Ala Pro Gly Val Leu Met Ala

225 230 235 240

Gln Pro Leu Thr Pro Gly Val Leu Met Val Gln Pro Ala Ala Pro Gly

245 250 255

Ala Pro Met Val Gln Pro Pro Pro Ala Ala Met Met Thr Gln Pro Gln

260 265 270

Pro Ser Gly Ala Pro Met Ala Lys Pro Pro Gly Pro Gly Val Leu Met

275 280 285

Ile His Pro Pro Gly Ala Arg Ala Pro Met Thr Gln Pro Pro Ala Ser

290 295 300

Gly Ala Pro Met Ala Gln Pro Ala Ala Pro Pro Ala Gln Pro Met Ala

305 310 315 320

Pro Pro Ala Gln Pro Met Ala Ser Trp Ala Pro Gln Ala Gln Pro Leu

325 330 335

Ile Leu Gln Ile Gln Ser Gln Val Ile Arg Ala Pro Pro Gln Val Pro

340 345 350

Gln Gly Pro Gln Ala Pro Pro Ala Gln Leu Ala Thr Pro Pro Gly Trp

355 360 365

Gln Ala Thr Ser Pro Gly Trp Gln Ala Thr Gln Gln Gly Trp Gln Ala

370 375 380

Thr Pro Leu Thr Trp Gln Thr Thr Gln Val Thr Trp Gln Ala Pro Ala

385 390 395 400

Val Thr Trp Gln Val Pro Pro Pro Met Arg Gln Gly Pro Pro Pro Ile

405 410 415

Arg Pro Gly Pro Pro Pro Ile Arg Pro Gly Pro Pro Pro Val Arg Gln
420 425 430

Ala Pro Pro Leu Ile Arg Gln Ala Pro Pro Val Ile Arg Gln Ala Pro
435 440 445

Pro Val Ile Arg Gln Ala Pro Pro Val Ile Arg Gln Ala Pro Ala Val
450 455 460

Ile Arg Gln Ala Pro Pro Val Ile Arg Gln Ala Pro Pro Val Ile Arg
465 470 475 480

Gln Ala Pro Pro Val Ile Arg Gln Ala Pro Pro Leu Ile Arg Gln Ala
485 490 495

Pro Pro Pro Ile Arg Pro Ala Pro Gln Val Leu Ala Thr Gln Pro Pro
500 505 510

Leu Trp Gln Ala Leu Pro Pro Pro Pro Pro Leu Arg Gln Ala Pro Gln
515 520 525

Ala Arg Leu Pro Ala Pro Gln Val Gln Ala Ala Pro Gln Val Pro Thr
530 535 540

Ala Pro Pro Ala Thr Gln Val Pro Ala Ala Pro Pro Ala Gly Pro Gln
545 550 555 560

Val Pro Gln Pro Val Leu Pro Ala Pro Leu Ser Ala Pro Leu Ser Ala
565 570 575

Pro Gln Ala Val His Cys Pro Ser Ile Ile Trp Gln Ala Pro Lys Gly
580 585 590

Gln Pro Pro Val Pro His Glu Ile Pro Thr Ser Met Glu Phe Gln Glu
595 600 605

Val Gln Gln Thr Gln Ala Leu Ala Trp Gln Ala Gln Lys Ala Pro Thr
610 615 620

His Ile Trp Gln Pro Leu Pro Ala Gln Glu Ala Gln Arg Gln Ala Pro
625 630 635 640

Pro Leu Val Gln Leu Glu Gln Pro Phe Gln Gly Ala Pro Pro Ser Gln
645 650 655

Lys Ala Val Gln Ile Gln Leu Pro Pro Gln Gln Ala Gln Ala Ser Gly

660 665 670

Pro Gln Ala Glu Val Pro Thr Leu Pro Leu Gln Pro Ser Trp Gln Ala
675 680 685
Pro Pro Ala Val Leu Gln Ala Gln Pro Gly Pro Pro Val Ala Ala Ala
690 695 700
Asn Phe Pro Leu Gly Ser Ala Lys Ser Leu Met Thr Pro Ser Gly Glu
705 710 715 720
Cys Arg Ala Ser Ser Ile Asp Arg Arg Gly Ser Ser Lys Glu Arg Arg
725 730 735

Thr Ser Ser Lys Glu Arg Arg Ala Pro Ser Lys Asp Arg Met Ile Phe
740 745 750
Ala Ala Thr Phe Cys Ala Pro Lys Ala Val Ser Ala Ala Arg Ala His
755 760 765
Leu Pro Ala Ala Trp Lys Asn Leu Pro Ala Thr Pro Glu Thr Phe Ala
770 775 780
Pro Ser Ser Ser Val Phe Pro Ala Thr Ser Gln Phe Gln Pro Ala Ser
785 790 795 800

Leu Asn Ala Phe Lys Gly Pro Ser Ala Ala Ser Glu Thr Pro Lys Ser
805 810 815
Leu Pro Tyr Ala Leu Gln Asp Pro Phe Ala Cys Val Glu Ala Leu Pro
820 825 830
Ala Val Pro Trp Val Pro Gln Pro Asn Met Asn Ala Ser Lys Ala Ser
835 840 845
Gln Ala Val Pro Thr Phe Leu Met Ala Thr Ala Ala Ala Pro Gln Ala
850 855 860

Thr Ala Thr Thr Gln Glu Ala Ser Lys Thr Ser Val Glu Pro Pro Arg
865 870 875 880
Arg Ser Gly Lys Ala Thr Arg Lys Lys Lys His Leu Glu Ala Gln Glu
885 890 895
Asp Ser Arg Gly His Thr Leu Ala Phe His Asp Trp Gln Gly Pro Arg
900 905 910

Pro Trp Glu Asn Leu Asn Leu Ser Asp Trp Glu Val Gln Ser Pro Ile
915 920 925

Gln Val Ser Gly Asp Trp Glu His Pro Asn Thr Pro Arg Gly Leu Ser
930 935 940
Gly Trp Glu Gly Pro Ser Thr Ser Arg Ile Leu Ser Gly Trp Glu Gly
945 950 955 960
Pro Ser Ala Ser Trp Ala Leu Ser Ala Trp Glu Gly Pro Ser Thr Ser
965 970 975
Arg Ala Leu Gly Leu Ser Glu Ser Pro Gly Ser Ser Leu Pro Val Val
980 985 990

Val Ser Glu Val Ala Ser Val Ser Pro Gly Ser Ser Ala Thr Gln Asp
995 1000 1005
Asn Ser Lys Val Glu Ala Gln Pro Leu Ser Pro Leu Asp Glu Arg
1010 1015 1020
Ala Asn Ala Leu Val Gln Phe Leu Leu Val Lys Asp Gln Ala Lys
1025 1030 1035
Val Pro Val Gln Arg Ser Glu Met Val Lys Val Ile Leu Arg Glu
1040 1045 1050

Tyr Lys Asp Glu Cys Leu Asp Ile Ile Asn Arg Ala Asn Asn Lys
1055 1060 1065
Leu Glu Cys Ala Phe Gly Tyr Gln Leu Lys Glu Ile Asp Thr Lys
1070 1075 1080
Asn His Ala Tyr Ile Ile Ile Asn Lys Leu Gly Tyr His Thr Gly
1085 1090 1095
Asn Leu Val Ala Ser Tyr Leu Asp Arg Pro Lys Phe Gly Leu Leu
1100 1105 1110

Met Val Val Leu Ser Leu Ile Phe Met Lys Gly Asn Cys Val Arg
1115 1120 1125
Glu Asp Leu Ile Phe Asn Phe Leu Phe Lys Leu Gly Leu Asp Val
1130 1135 1140
Arg Glu Thr Asn Gly Leu Phe Gly Asn Thr Lys Lys Leu Ile Thr

1145 1150 1155

Glu Val Phe Val Arg Gln Lys Tyr Leu Glu Tyr Arg Arg Ile Pro

1160 1165 1170

Tyr Thr Glu Pro Ala Glu Tyr Glu Phe Leu Trp Gly Pro Arg Ala

1175 1180 1185

Phe Leu Glu Thr Ser Lys Met Leu Val Leu Arg Phe Leu Ala Lys

1190 1195 1200

Leu His Lys Lys Asp Pro Gln Ser Trp Pro Phe His Tyr Leu Glu

1205 1210 1215

Ala Leu Ala Glu Cys Glu Trp Glu Asp Thr Asp Glu Asp Glu Pro

1220 1225 1230

Asp Thr Gly Asp Ser Ala His Gly Pro Thr Ser Arg Pro Pro Pro

1235 1240 1245

Arg

<210> 488

<211> 93

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> mammaglobin_A__Homo_sapiens__Q13296

<400> 488

Met Lys Leu Leu Met Val Leu Met Leu Ala Ala Leu Ser Gln His Cys

1 5 10 15

Tyr Ala Gly Ser Gly Cys Pro Leu Leu Glu Asn Val Ile Ser Lys Thr

20 25 30

Ile Asn Pro Gln Val Ser Lys Thr Glu Tyr Lys Glu Leu Leu Gln Glu

35 40 45

Phe Ile Asp Asp Asn Ala Thr Thr Asn Ala Ile Asp Glu Leu Lys Glu

50 55 60

Cys Phe Leu Asn Gln Thr Asp Glu Thr Leu Ser Asn Val Glu Val Phe

65 70 75 80

Met Gln Leu Ile Tyr Asp Ser Ser Leu Cys Asp Leu Phe

85 90

<210> 489

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> mammaglobin_A__Homo_sapiens__Q6NX70

<400> 489

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

50 55 60
Cys Phe Leu Asn Gln Thr Asp Glu Thr Leu Ser Asn Val Glu Val Phe
65 70 75 80
Met Val Ile Ser Phe Ser Ser Tyr Lys Leu Phe Lys Ser Pro Asp Gln
85 90 95
Gly Gln Val Gly Ser Ser Phe Leu Thr Asp Asn Ala Lys Ala Thr Ser
100 105 110
Glu Gln Ala Phe Ser Tyr Ile Gly
115 120

<210> 490

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MART-1/melan-A__Homo_sapiens__Q16655

<400> 490

Met Pro Arg Glu Asp Ala His Phe Ile Tyr Gly Tyr Pro Lys Lys Gly
1 5 10 15
His Gly His Ser Tyr Thr Thr Ala Glu Glu Ala Ala Gly Ile Gly Ile
20 25 30

Leu Thr Val Ile Leu Gly Val Leu Leu Leu Ile Gly Cys Trp Tyr Cys
35 40 45

Arg Arg Arg Asn Gly Tyr Arg Ala Leu Met Asp Lys Ser Leu His Val
50 55 60
Gly Thr Gln Cys Ala Leu Thr Arg Arg Cys Pro Gln Glu Gly Phe Asp
65 70 75 80
His Arg Asp Ser Lys Val Ser Leu Gln Glu Lys Asn Cys Glu Pro Val
85 90 95
Val Pro Asn Ala Pro Pro Ala Tyr Glu Lys Leu Ser Ala Glu Gln Ser
100 105 110

Pro Pro Pro Tyr Ser Pro
115

<210> 491
<211> 493
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MART-2__Homo_sapiens__Q5VTY9
<400> 491
Met Leu Pro Arg Trp Glu Leu Ala Leu Tyr Leu Leu Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15
Phe His Phe Tyr Ser Phe Tyr Glu Val Tyr Lys Val Ser Arg Glu His
20 25 30
Glu Glu Glu Leu Asp Gln Glu Phe Glu Leu Glu Thr Asp Thr Leu Phe
35 40 45

Gly Gly Leu Lys Lys Asp Ala Thr Asp Phe Glu Trp Ser Phe Trp Met
50 55 60
Glu Trp Gly Lys Gln Trp Leu Val Trp Leu Leu Leu Gly His Met Val
65 70 75 80
Val Ser Gln Met Ala Thr Leu Leu Ala Arg Lys His Arg Pro Trp Ile
85 90 95
Leu Met Leu Tyr Gly Met Trp Ala Cys Trp Cys Val Leu Gly Thr Pro

100 105 110

Gly Val Ala Met Val Leu Leu His Thr Thr Ile Ser Phe Cys Val Ala
115 120 125
Gln Phe Arg Ser Gln Leu Leu Thr Trp Leu Cys Ser Leu Leu Leu Leu
130 135 140
Ser Thr Leu Arg Leu Gln Gly Val Glu Glu Val Lys Arg Arg Trp Tyr
145 150 155 160
Lys Thr Glu Asn Glu Tyr Tyr Leu Leu Gln Phe Thr Leu Thr Val Arg
165 170 175

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

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

Gly Val Pro Ala Leu Leu Met Arg Leu Asp Gly Leu Thr Pro Pro Ala
305 310 315 320
Leu Pro Arg Cys Val Ser Thr Met Phe Ser Phe Thr Gly Met Trp Arg
325 330 335
Tyr Phe Asp Val Gly Leu His Asn Phe Leu Ile Arg Tyr Val Tyr Ile
340 345 350

Pro Val Gly Gly Ser Gln His Gly Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ser Thr
355 360 365

Ala Met Thr Phe Ala Phe Val Ser Tyr Trp His Gly Gly Tyr Asp Tyr
370 375 380
Leu Trp Cys Trp Ala Ala Leu Asn Trp Leu Gly Val Thr Val Glu Asn
385 390 395 400
Gly Val Arg Arg Leu Val Glu Thr Pro Cys Ile Gln Asp Ser Leu Ala
405 410 415
Arg Tyr Phe Ser Pro Gln Ala Arg Arg Arg Phe His Ala Ala Leu Ala
420 425 430

Ser Cys Ser Thr Ser Met Leu Ile Leu Ser Asn Leu Val Phe Leu Gly
435 440 445
Gly Asn Glu Val Gly Lys Thr Tyr Trp Asn Arg Ile Phe Ile Gln Gly
450 455 460
Trp Pro Trp Val Thr Leu Ser Val Leu Gly Phe Leu Tyr Cys Tyr Ser
465 470 475 480
His Val Gly Ile Ala Trp Ala Gln Thr Tyr Ala Thr Asp
485 490

<210> 492
<211> 317

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q01726
<400> 492
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15
Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30
Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45
Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 493

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUL4

<400> 493

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 494

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUL6

<400> 494

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Gln Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 495

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUL8

<400> 495

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Thr Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220

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

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu
290 295 300
Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315
<210> 496
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUL9
<400> 496
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15
Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

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

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 497

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUM0

<400> 497

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60

Lys Asn Gln Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Gln Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255
Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr
260 265 270

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

<210> 498
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUM2
<400> 498
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

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

65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160
Ala Arg Gln Ala Val Gly Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

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

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

<210> 499
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUM3

<400> 499

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

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Thr Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Thr Arg
145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205
His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

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

<210> 500

<

211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUM4

<400> 500

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

50 55 60
Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Met Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Ile Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 501

<211> 316

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q1JUM5

<400> 501

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30
Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60
Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg Ala
145 150 155 160
Arg Gln Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser Thr
165 170 175

Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu Val
180 185 190
Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val His
195 200 205
Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu His
210 215 220
Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala Val
225 230 235 240

Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro Phe
245 250 255
Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr Cys

260 265 270

Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile Cys

275 280 285

Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu Leu

290 295 300

Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 502

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q6UR92

<400> 502

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Ile Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 503

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q6UR94

<400> 503

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45
Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60
Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Val Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205
His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255
Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr
260 265 270
Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu
290 295 300
Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315

<210> 504
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q6UR95
<400> 504

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15
Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

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

85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205
His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255
Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr
260 265 270
Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

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

<210> 505
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q6UR96
<400> 505
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30
Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60
Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255
Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr
260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile
275 280 285
Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Met Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 506

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q6UR97

<400> 506

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Trp Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 507

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q6UR98

<400> 507

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Gln
145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190

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

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

<210> 508

<

211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q6UR99

<400> 508

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Leu Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 509

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q6URA0

<400> 509

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Leu Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 510

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__Q86YW1

<400> 510

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Arg Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 511

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9Q5S2

<400> 511

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Pro Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 512

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9Q671

<400> 512

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15
Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

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

85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Met Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205
His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255
Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr
260 265 270
Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285
Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu
290 295 300
Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315
<210> 513
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9Q783
<400> 513
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

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

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Thr Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255
Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr
260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile
275 280 285
Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu
290 295 300
Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315
<210> 514
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9Q7F1
<400> 514
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Thr Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 515

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9Q8N1

<400> 515

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

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

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 516

<

211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9Q977

<400> 516

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Leu Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

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

305 310 315

<210> 517
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9Q9P5
<400> 517
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15
Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30
Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60
Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Pro Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205
His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240

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

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315
<210> 518
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9Q9R8
<400> 518
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15
Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30
Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Ser Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 519

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QAE0

<400> 519

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile His Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 520

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QAR2

<400> 520

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile His Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315

<210> 521

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QAW3

<400> 521

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln His Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255
Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr
260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile
275 280 285
Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu
290 295 300
Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315
<210> 522
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QB02
<400> 522
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

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

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Thr Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 523

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QB58

<400> 523

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp His Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr
260 265 270
Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile
275 280 285
Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu
290 295 300
Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315
<210> 524
<
211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QBY6
<400> 524
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15
Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30
Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45
Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60
Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205
His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

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

305 310 315
<210> 525
<211> 317
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QC17

<400> 525

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Met Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

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

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315

<210> 526
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QC66
<400> 526

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

35 40 45
Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60
Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205
His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

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

290 295 300
Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315
<210> 527
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QCQ4
<400> 527

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser
1 5 10 15
Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly
20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu
35 40 45
Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala
50 55 60
Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu
65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140
Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Trp
145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205
His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 528

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QDF4

<400> 528

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

Thr Pro Thr Ala Ile Pro Gln Leu Gly Leu Ala Ala Asn Gln Thr Gly

20 25 30

Ala Arg Cys Leu Glu Val Ser Ile Ser Asp Gly Leu Phe Leu Ser Leu

35 40 45

Gly Leu Val Ser Leu Val Glu Asn Ala Leu Val Val Ala Thr Ile Ala

50 55 60

Lys Asn Arg Asn Leu His Ser Pro Met Tyr Cys Phe Ile Cys Cys Leu

65 70 75 80

Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala

85 90 95

Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val

100 105 110

Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met

115 120 125

Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg

145 150 155 160

Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser

165 170 175

Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu

180 185 190

Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu

210 215 220

His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala

225 230 235 240

Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro

245 250 255

Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Glu

260 265 270

Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile

275 280 285

Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp

305 310 315

<210> 529

<211> 317

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QDN7

<400> 529

Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

1 5 10 15

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

Ala Leu Ser Glu Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile
130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Arg Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val
195 200 205

His Met Leu Ala Arg Ala Cys Gln His Ala Gln Gly Ile Ala Arg Leu
210 215 220
His Lys Arg Gln Arg Pro Val His Gln Gly Phe Gly Leu Lys Gly Ala
225 230 235 240
Val Thr Leu Thr Ile Leu Leu Gly Ile Phe Phe Leu Cys Trp Gly Pro
245 250 255
Phe Phe Leu His Leu Thr Leu Ile Val Leu Cys Pro Glu His Pro Thr

260 265 270

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

<210> 530
<211> 317
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MC1_R__Homo_sapiens__V9QDQ6
<400> 530
Met Ala Val Gln Gly Ser Gln Arg Arg Leu Leu Gly Ser Leu Asn Ser

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

65 70 75 80
Ala Leu Ser Asp Leu Leu Val Ser Gly Ser Asn Val Leu Glu Thr Ala
85 90 95
Val Ile Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Ala Arg Ala Ala Val
100 105 110
Leu Gln Gln Leu Asp Asn Val Ile Asp Val Ile Thr Cys Ser Ser Met
115 120 125
Leu Ser Ser Leu Cys Phe Leu Gly Ala Ile Ala Val Asp Arg Tyr Ile

130 135 140

Ser Ile Phe Tyr Ala Leu Cys Tyr His Ser Ile Val Thr Leu Pro Arg
145 150 155 160
Ala Arg Arg Ala Val Ala Ala Ile Trp Val Ala Ser Val Val Phe Ser
165 170 175
Thr Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Asp His Val Ala Val Leu Leu Cys Leu
180 185 190
Val Val Phe Phe Leu Ala Met Leu Val Leu Met Ala Val Leu Tyr Val

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

260 265 270
Cys Gly Cys Ile Phe Lys Asn Phe Asn Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ile
275 280 285
Cys Asn Ala Ile Ile Asp Pro Leu Ile Tyr Ala Phe His Ser Gln Glu
290 295 300
Leu Arg Arg Thr Leu Lys Glu Val Leu Thr Cys Ser Trp
305 310 315
<210> 531
<211> 630
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> mesothelin__Homo_sapiens__Q13421

<400> 531
Met Ala Leu Pro Thr Ala Arg Pro Leu Leu Gly Ser Cys Gly Thr Pro
1 5 10 15
Ala Leu Gly Ser Leu Leu Phe Leu Leu Phe Ser Leu Gly Trp Val Gln
20 25 30

Pro Ser Arg Thr Leu Ala Gly Glu Thr Gly Gln Glu Ala Ala Pro Leu
35 40 45
Asp Gly Val Leu Ala Asn Pro Pro Asn Ile Ser Ser Leu Ser Pro Arg
50 55 60

Gln Leu Leu Gly Phe Pro Cys Ala Glu Val Ser Gly Leu Ser Thr Glu
65 70 75 80
Arg Val Arg Glu Leu Ala Val Ala Leu Ala Gln Lys Asn Val Lys Leu
85 90 95
Ser Thr Glu Gln Leu Arg Cys Leu Ala His Arg Leu Ser Glu Pro Pro
100 105 110
Glu Asp Leu Asp Ala Leu Pro Leu Asp Leu Leu Leu Phe Leu Asn Pro
115 120 125

Asp Ala Phe Ser Gly Pro Gln Ala Cys Thr Arg Phe Phe Ser Arg Ile
130 135 140
Thr Lys Ala Asn Val Asp Leu Leu Pro Arg Gly Ala Pro Glu Arg Gln
145 150 155 160
Arg Leu Leu Pro Ala Ala Leu Ala Cys Trp Gly Val Arg Gly Ser Leu
165 170 175
Leu Ser Glu Ala Asp Val Arg Ala Leu Gly Gly Leu Ala Cys Asp Leu
180 185 190

Pro Gly Arg Phe Val Ala Glu Ser Ala Glu Val Leu Leu Pro Arg Leu
195 200 205
Val Ser Cys Pro Gly Pro Leu Asp Gln Asp Gln Gln Glu Ala Ala Arg
210 215 220
Ala Ala Leu Gln Gly Gly Gly Pro Pro Tyr Gly Pro Pro Ser Thr Trp
225 230 235 240
Ser Val Ser Thr Met Asp Ala Leu Arg Gly Leu Leu Pro Val Leu Gly
245 250 255

Gln Pro Ile Ile Arg Ser Ile Pro Gln Gly Ile Val Ala Ala Trp Arg
260 265 270
Gln Arg Ser Ser Arg Asp Pro Ser Trp Arg Gln Pro Glu Arg Thr Ile

275 280 285

Leu Arg Pro Arg Phe Arg Arg Glu Val Glu Lys Thr Ala Cys Pro Ser

290 295 300

Gly Lys Lys Ala Arg Glu Ile Asp Glu Ser Leu Ile Phe Tyr Lys Lys

305 310 315 320

Trp Glu Leu Glu Ala Cys Val Asp Ala Ala Leu Leu Ala Thr Gln Met

325 330 335

Asp Arg Val Asn Ala Ile Pro Phe Thr Tyr Glu Gln Leu Asp Val Leu

340 345 350

Lys His Lys Leu Asp Glu Leu Tyr Pro Gln Gly Tyr Pro Glu Ser Val

355 360 365

Ile Gln His Leu Gly Tyr Leu Phe Leu Lys Met Ser Pro Glu Asp Ile

370 375 380

Arg Lys Trp Asn Val Thr Ser Leu Glu Thr Leu Lys Ala Leu Leu Glu

385 390 395 400

Val Asn Lys Gly His Glu Met Ser Pro Gln Ala Pro Arg Arg Pro Leu

405 410 415

Pro Gln Val Ala Thr Leu Ile Asp Arg Phe Val Lys Gly Arg Gly Gln

420 425 430

Leu Asp Lys Asp Thr Leu Asp Thr Leu Thr Ala Phe Tyr Pro Gly Tyr

435 440 445

Leu Cys Ser Leu Ser Pro Glu Glu Leu Ser Ser Val Pro Pro Ser Ser

450 455 460

Ile Trp Ala Val Arg Pro Gln Asp Leu Asp Thr Cys Asp Pro Arg Gln

465 470 475 480

Leu Asp Val Leu Tyr Pro Lys Ala Arg Leu Ala Phe Gln Asn Met Asn

485 490 495

Gly Ser Glu Tyr Phe Val Lys Ile Gln Ser Phe Leu Gly Gly Ala Pro

500 505 510

Thr Glu Asp Leu Lys Ala Leu Ser Gln Gln Asn Val Ser Met Asp Leu

515 520 525

Ala Thr Phe Met Lys Leu Arg Thr Asp Ala Val Leu Pro Leu Thr Val
530 535 540
Ala Glu Val Gln Lys Leu Leu Gly Pro His Val Glu Gly Leu Lys Ala
545 550 555 560
Glu Glu Arg His Arg Pro Val Arg Asp Trp Ile Leu Arg Gln Arg Gln
565 570 575

Asp Asp Leu Asp Thr Leu Gly Leu Gly Leu Gln Gly Gly Ile Pro Asn
580 585 590
Gly Tyr Leu Val Leu Asp Leu Ser Met Gln Glu Ala Leu Ser Gly Thr
595 600 605
Pro Cys Leu Leu Gly Pro Gly Pro Val Leu Thr Val Leu Ala Leu Leu
610 615 620
Leu Ala Ser Thr Leu Ala
625 630

<210> 532
<211> 504
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> MITF__Homo_sapiens__O75030-8
<400> 532
Met Glu Ala Leu Arg Val Gln Met Phe Met Pro Cys Ser Phe Glu Ser
1 5 10 15
Leu Tyr Leu Ser Ser Ala Glu His Pro Gly Ala Ser Lys Pro Pro Ile
20 25 30
Ser Ser Ser Ser Met Thr Ser Arg Ile Leu Leu Arg Gln Gln Leu Met
35 40 45
Arg Glu Gln Met Gln Glu Gln Glu Arg Arg Glu Gln Gln Gln Lys Leu

50 55 60
Gln Ala Ala Gln Phe Met Gln Gln Arg Val Pro Val Ser Gln Thr Pro
65 70 75 80
Ala Ile Asn Val Ser Val Pro Thr Thr Leu Pro Ser Ala Thr Gln Val
85 90 95

Pro Met Glu Val Leu Lys Val Gln Thr His Leu Glu Asn Pro Thr Lys
100 105 110
Tyr His Ile Gln Gln Ala Gln Arg Gln Gln Val Lys Gln Tyr Leu Ser

115 120 125
Thr Thr Leu Ala Asn Lys His Ala Asn Gln Val Leu Ser Leu Pro Cys
130 135 140
Pro Asn Gln Pro Gly Asp His Val Met Pro Pro Val Pro Gly Ser Ser
145 150 155 160
Ala Pro Asn Ser Pro Met Ala Met Leu Thr Leu Asn Ser Asn Cys Glu
165 170 175
Lys Glu Gly Phe Tyr Lys Phe Glu Glu Gln Asn Arg Ala Glu Ser Glu

180 185 190
Cys Pro Gly Met Asn Thr His Ser Arg Ala Ser Cys Met Gln Met Asp
195 200 205
Asp Val Ile Asp Asp Ile Ile Ser Leu Glu Ser Ser Tyr Asn Glu Glu
210 215 220
Ile Leu Gly Leu Met Asp Pro Ala Leu Gln Met Ala Asn Thr Leu Pro
225 230 235 240
Val Ser Gly Asn Leu Ile Asp Leu Tyr Gly Asn Gln Gly Leu Pro Pro

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

305 310 315 320
Asp Pro Asp Met Arg Trp Asn Lys Gly Thr Ile Leu Lys Ala Ser Val
325 330 335
Asp Tyr Ile Arg Lys Leu Gln Arg Glu Gln Gln Arg Ala Lys Glu Leu

340 345 350

Glu Asn Arg Gln Lys Lys Leu Glu His Ala Asn Arg His Leu Leu Leu

355 360 365

Arg Ile Gln Glu Leu Glu Met Gln Ala Arg Ala His Gly Leu Ser Leu

370 375 380

Ile Pro Ser Thr Gly Leu Cys Ser Pro Asp Leu Val Asn Arg Ile Ile

385 390 395 400

Lys Gln Glu Pro Val Leu Glu Asn Cys Ser Gln Asp Leu Leu Gln His

405 410 415

His Ala Asp Leu Thr Cys Thr Thr Thr Leu Asp Leu Thr Asp Gly Thr

420 425 430

Ile Thr Phe Asn Asn Asn Leu Gly Thr Gly Thr Glu Ala Asn Gln Ala

435 440 445

Tyr Ser Val Pro Thr Lys Met Gly Ser Lys Leu Glu Asp Ile Leu Met

450 455 460

Asp Asp Thr Leu Ser Pro Val Gly Val Thr Asp Pro Leu Leu Ser Ser

465 470 475 480

Val Ser Pro Gly Ala Ser Lys Thr Ser Ser Arg Arg Ser Ser Met Ser

485 490 495

Met Glu Glu Thr Glu His Thr Cys

500

<210> 533

<211> 419

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MITF__Homo_sapiens__O75030-9

<400> 533

Met Leu Glu Met Leu Glu Tyr Asn His Tyr Gln Val Gln Thr His Leu

1 5 10 15

Glu Asn Pro Thr Lys Tyr His Ile Gln Gln Ala Gln Arg Gln Gln Val

20 25 30

Lys Gln Tyr Leu Ser Thr Thr Leu Ala Asn Lys His Ala Asn Gln Val

35 40 45

Leu Ser Leu Pro Cys Pro Asn Gln Pro Gly Asp His Val Met Pro Pro
50 55 60
Val Pro Gly Ser Ser Ala Pro Asn Ser Pro Met Ala Met Leu Thr Leu
65 70 75 80
Asn Ser Asn Cys Glu Lys Glu Gly Phe Tyr Lys Phe Glu Glu Gln Asn
85 90 95
Arg Ala Glu Ser Glu Cys Pro Gly Met Asn Thr His Ser Arg Ala Ser
100 105 110

Cys Met Gln Met Asp Asp Val Ile Asp Asp Ile Ile Ser Leu Glu Ser
115 120 125
Ser Tyr Asn Glu Glu Ile Leu Gly Leu Met Asp Pro Ala Leu Gln Met
130 135 140
Ala Asn Thr Leu Pro Val Ser Gly Asn Leu Ile Asp Leu Tyr Gly Asn
145 150 155 160
Gln Gly Leu Pro Pro Pro Gly Leu Thr Ile Ser Asn Ser Cys Pro Ala
165 170 175

Asn Leu Pro Asn Ile Lys Arg Glu Leu Thr Ala Cys Ile Phe Pro Thr
180 185 190
Glu Ser Glu Ala Arg Ala Leu Ala Lys Glu Arg Gln Lys Lys Asp Asn
195 200 205
His Asn Leu Ile Glu Arg Arg Arg Arg Phe Asn Ile Asn Asp Arg Ile
210 215 220
Lys Glu Leu Gly Thr Leu Ile Pro Lys Ser Asn Asp Pro Asp Met Arg
225 230 235 240

Trp Asn Lys Gly Thr Ile Leu Lys Ala Ser Val Asp Tyr Ile Arg Lys
245 250 255
Leu Gln Arg Glu Gln Gln Arg Ala Lys Glu Leu Glu Asn Arg Gln Lys
260 265 270
Lys Leu Glu His Ala Asn Arg His Leu Leu Leu Arg Ile Gln Glu Leu
275 280 285

Glu Met Gln Ala Arg Ala His Gly Leu Ser Leu Ile Pro Ser Thr Gly
290 295 300

Leu Cys Ser Pro Asp Leu Val Asn Arg Ile Ile Lys Gln Glu Pro Val
305 310 315 320
Leu Glu Asn Cys Ser Gln Asp Leu Leu Gln His His Ala Asp Leu Thr
325 330 335
Cys Thr Thr Thr Leu Asp Leu Thr Asp Gly Thr Ile Thr Phe Asn Asn
340 345 350
Asn Leu Gly Thr Gly Thr Glu Ala Asn Gln Ala Tyr Ser Val Pro Thr
355 360 365

Lys Met Gly Ser Lys Leu Glu Asp Ile Leu Met Asp Asp Thr Leu Ser
370 375 380
Pro Val Gly Val Thr Asp Pro Leu Leu Ser Ser Val Ser Pro Gly Ala
385 390 395 400
Ser Lys Thr Ser Ser Arg Arg Ser Ser Met Ser Met Glu Glu Thr Glu
405 410 415
His Thr Cys

<210> 534
<211> 526
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MITF__Homo_sapiens__O75030

<400> 534
Met Gln Ser Glu Ser Gly Ile Val Pro Asp Phe Glu Val Gly Glu Glu
1 5 10 15
Phe His Glu Glu Pro Lys Thr Tyr Tyr Glu Leu Lys Ser Gln Pro Leu
20 25 30
Lys Ser Ser Ser Ser Ala Glu His Pro Gly Ala Ser Lys Pro Pro Ile
35 40 45
Ser Ser Ser Ser Met Thr Ser Arg Ile Leu Leu Arg Gln Gln Leu Met
50 55 60

Arg Glu Gln Met Gln Glu Gln Glu Arg Arg Glu Gln Gln Gln Lys Leu
65 70 75 80
Gln Ala Ala Gln Phe Met Gln Gln Arg Val Pro Val Ser Gln Thr Pro
85 90 95
Ala Ile Asn Val Ser Val Pro Thr Thr Leu Pro Ser Ala Thr Gln Val
100 105 110
Pro Met Glu Val Leu Lys Val Gln Thr His Leu Glu Asn Pro Thr Lys
115 120 125

Tyr His Ile Gln Gln Ala Gln Arg Gln Gln Val Lys Gln Tyr Leu Ser
130 135 140
Thr Thr Leu Ala Asn Lys His Ala Asn Gln Val Leu Ser Leu Pro Cys
145 150 155 160
Pro Asn Gln Pro Gly Asp His Val Met Pro Pro Val Pro Gly Ser Ser
165 170 175
Ala Pro Asn Ser Pro Met Ala Met Leu Thr Leu Asn Ser Asn Cys Glu
180 185 190

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

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

305 310 315 320

Arg Arg Arg Arg Phe Asn Ile Asn Asp Arg Ile Lys Glu Leu Gly Thr
325 330 335
Leu Ile Pro Lys Ser Asn Asp Pro Asp Met Arg Trp Asn Lys Gly Thr
340 345 350
Ile Leu Lys Ala Ser Val Asp Tyr Ile Arg Lys Leu Gln Arg Glu Gln
355 360 365
Gln Arg Ala Lys Glu Leu Glu Asn Arg Gln Lys Lys Leu Glu His Ala
370 375 380

Asn Arg His Leu Leu Leu Arg Ile Gln Glu Leu Glu Met Gln Ala Arg
385 390 395 400
Ala His Gly Leu Ser Leu Ile Pro Ser Thr Gly Leu Cys Ser Pro Asp
405 410 415
Leu Val Asn Arg Ile Ile Lys Gln Glu Pro Val Leu Glu Asn Cys Ser
420 425 430
Gln Asp Leu Leu Gln His His Ala Asp Leu Thr Cys Thr Thr Thr Leu
435 440 445

Asp Leu Thr Asp Gly Thr Ile Thr Phe Asn Asn Asn Leu Gly Thr Gly
450 455 460
Thr Glu Ala Asn Gln Ala Tyr Ser Val Pro Thr Lys Met Gly Ser Lys
465 470 475 480
Leu Glu Asp Ile Leu Met Asp Asp Thr Leu Ser Pro Val Gly Val Thr
485 490 495
Asp Pro Leu Leu Ser Ser Val Ser Pro Gly Ala Ser Lys Thr Ser Ser
500 505 510

Arg Arg Ser Ser Met Ser Met Glu Glu Thr Glu His Thr Cys
515 520 525

<210> 535

<211> 354

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MMP1_1__Homo_sapiens__B3KQS8

<400> 535

Met Ala Pro Ala Ala Trp Leu Arg Ser Ala Ala Ala Arg Ala Leu Leu
1 5 10 15

Pro Pro Met Leu Leu Leu Leu Leu Gln Pro Pro Pro Leu Leu Ala Arg
20 25 30

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

Gln Pro Trp His Ala Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Pro Ala Pro Ala
50 55 60

Thr Gln Glu Ala Pro Arg Pro Ala Ser Ser Leu Arg Pro Pro Arg Cys
65 70 75 80

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

Arg Ile Leu Arg Phe Pro Trp Gln Leu Val Gln Glu Gln Val Arg Gln
100 105 110

Thr Met Ala Glu Ala Leu Lys Val Trp Ser Asp Val Thr Pro Leu Thr
115 120 125

Phe Thr Glu Val His Glu Gly Arg Ala Asp Ile Met Ile Asp Phe Ala
130 135 140

Arg Tyr Trp His Gly Asp Asp Leu Pro Phe Asp Gly Pro Gly Gly Ile
145 150 155 160

Leu Ala His Ala Phe Phe Pro Lys Thr His Arg Glu Gly Asp Val His
165 170 175

Phe Asp Tyr Asp Glu Thr Trp Thr Ile Gly Asp Asp Gln Gly Thr Asp
180 185 190

Leu Leu Gln Val Ala Ala His Glu Phe Gly His Val Leu Gly Leu Gln
195 200 205

His Thr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Met Ser Ala Phe Tyr Thr Phe Arg
210 215 220

Tyr Pro Leu Ser Leu Ser Pro Asp Asp Cys Arg Gly Val Gln His Leu

225 230 235 240

Tyr Gly Gln Pro Trp Pro Thr Val Thr Ser Arg Thr Pro Ala Leu Gly

245 250 255

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

260 265 270

Ala Pro Pro Asp Ala Cys Glu Ala Ser Phe Asp Ala Val Ser Thr Ile

275 280 285

Arg Gly Glu Leu Phe Phe Phe Lys Ala Gly Phe Val Trp Arg Leu Arg

290 295 300

Gly Gly Gln Leu Gln Pro Gly Tyr Pro Ala Leu Ala Ser Arg His Trp

305 310 315 320

Gln Gly Leu Pro Ser Pro Val Asp Ala Ala Phe Glu Asp Ala Gln Gly

325 330 335

His Ile Trp Phe Phe Gln Gly Thr Thr Gly Val Ser Thr Pro Ala Pro

340 345 350

Gly Val

<210> 536

<211> 267

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MMP7__Homo_sapiens__P09237

<400> 536

Met Arg Leu Thr Val Leu Cys Ala Val Cys Leu Leu Pro Gly Ser Leu

1 5 10 15

Ala Leu Pro Leu Pro Gln Glu Ala Gly Gly Met Ser Glu Leu Gln Trp

20 25 30

Glu Gln Ala Gln Asp Tyr Leu Lys Arg Phe Tyr Leu Tyr Asp Ser Glu

35 40 45

Thr Lys Asn Ala Asn Ser Leu Glu Ala Lys Leu Lys Glu Met Gln Lys

50 55 60

Phe Phe Gly Leu Pro Ile Thr Gly Met Leu Asn Ser Arg Val Ile Glu

65 70 75 80

Ile Met Gln Lys Pro Arg Cys Gly Val Pro Asp Val Ala Glu Tyr Ser
85 90 95
Leu Phe Pro Asn Ser Pro Lys Trp Thr Ser Lys Val Val Thr Tyr Arg
100 105 110
Ile Val Ser Tyr Thr Arg Asp Leu Pro His Ile Thr Val Asp Arg Leu

115 120 125
Val Ser Lys Ala Leu Asn Met Trp Gly Lys Glu Ile Pro Leu His Phe
130 135 140
Arg Lys Val Val Trp Gly Thr Ala Asp Ile Met Ile Gly Phe Ala Arg
145 150 155 160
Gly Ala His Gly Asp Ser Tyr Pro Phe Asp Gly Pro Gly Asn Thr Leu
165 170 175
Ala His Ala Phe Ala Pro Gly Thr Gly Leu Gly Gly Asp Ala His Phe

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

245 250 255
Leu Tyr Gly Lys Arg Ser Asn Ser Arg Lys Lys
260 265

<210> 537
<211> 1255
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MUC-1__Homo_sapiens__AAA60019
<400> 537
Met Thr Pro Gly Thr Gln Ser Pro Phe Phe Leu Leu Leu Leu Leu Thr
1 5 10 15

Val Leu Thr Val Val Thr Gly Ser Gly His Ala Ser Ser Thr Pro Gly
20 25 30

Gly Glu Lys Glu Thr Ser Ala Thr Gln Arg Ser Ser Val Pro Ser Ser
35 40 45
Thr Glu Lys Asn Ala Val Ser Met Thr Ser Ser Val Leu Ser Ser His
50 55 60
Ser Pro Gly Ser Gly Ser Ser Thr Thr Gln Gly Gln Asp Val Thr Leu
65 70 75 80
Ala Pro Ala Thr Glu Pro Ala Ser Gly Ser Ala Ala Thr Trp Gly Gln
85 90 95

Asp Val Thr Ser Val Pro Val Thr Arg Pro Ala Leu Gly Ser Thr Thr
100 105 110
Pro Pro Ala His Asp Val Thr Ser Ala Pro Asp Asn Lys Pro Ala Pro
115 120 125
Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr
130 135 140
Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser
145 150 155 160

Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His
165 170 175
Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala
180 185 190
Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro
195 200 205
Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr
210 215 220

Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser
225 230 235 240
Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His
245 250 255
Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala

260 265 270

Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro

275 280 285

Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr

290 295 300

Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser

305 310 315 320

Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His

325 330 335

Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala

340 345 350

Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro

355 360 365

Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr

370 375 380

Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser

385 390 395 400

Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His

405 410 415

Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala

420 425 430

Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro

435 440 445

Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr

450 455 460

Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser

465 470 475 480

Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His

485 490 495

Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala

500 505 510

Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro
515 520 525
Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr
530 535 540

Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser
545 550 555 560
Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His
565 570 575
Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala
580 585 590
Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro
595 600 605

Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr
610 615 620
Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser
625 630 635 640
Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His
645 650 655
Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala
660 665 670

Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro
675 680 685
Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr
690 695 700
Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser
705 710 715 720
Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His
725 730 735

Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala
740 745 750
Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro

```
        755                 760                 765
Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr
    770                 775                 780
Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser
785                 790                 795                 800

Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His
                805                 810                 815
Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala
            820                 825                 830
Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro
        835                 840                 845
Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr
    850                 855                 860

Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser
865                 870                 875                 880
Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His
                885                 890                 895
Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro Gly Ser Thr Ala
            900                 905                 910
Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Thr Arg Pro Ala Pro
        915                 920                 925

Gly Ser Thr Ala Pro Pro Ala His Gly Val Thr Ser Ala Pro Asp Asn
    930                 935                 940
Arg Pro Ala Leu Gly Ser Thr Ala Pro Pro Val His Asn Val Thr Ser
945                 950                 955                 960
Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Thr Leu Val His Asn Gly
                965                 970                 975
Thr Ser Ala Arg Ala Thr Thr Thr Pro Ala Ser Lys Ser Thr Pro Phe
            980                 985                 990

Ser Ile Pro Ser His His Ser Asp  Thr Pro Thr Thr Leu  Ala Ser His
        995                 1000                1005
```

Ser Thr Lys Thr Asp Ala Ser Ser Thr His His Ser Ser Val Pro
1010 1015 1020
Pro Leu Thr Ser Ser Asn His Ser Thr Ser Pro Gln Leu Ser Thr
1025 1030 1035
Gly Val Ser Phe Phe Phe Leu Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln
1040 1045 1050

Phe Asn Ser Ser Leu Glu Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu
1055 1060 1065
Leu Gln Arg Asp Ile Ser Glu Met Phe Leu Gln Ile Tyr Lys Gln
1070 1075 1080
Gly Gly Phe Leu Gly Leu Ser Asn Ile Lys Phe Arg Pro Gly Ser
1085 1090 1095
Val Val Val Gln Leu Thr Leu Ala Phe Arg Glu Gly Thr Ile Asn
1100 1105 1110

Val His Asp Val Glu Thr Gln Phe Asn Gln Tyr Lys Thr Glu Ala
1115 1120 1125
Ala Ser Arg Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asp Val Ser Val Ser Asp
1130 1135 1140
Val Pro Phe Pro Phe Ser Ala Gln Ser Gly Ala Gly Val Pro Gly
1145 1150 1155
Trp Gly Ile Ala Leu Leu Val Leu Val Cys Val Leu Val Ala Leu
1160 1165 1170

Ala Ile Val Tyr Leu Ile Ala Leu Ala Val Cys Gln Cys Arg Arg
1175 1180 1185
Lys Asn Tyr Gly Gln Leu Asp Ile Phe Pro Ala Arg Asp Thr Tyr
1190 1195 1200
His Pro Met Ser Glu Tyr Pro Thr Tyr His Thr His Gly Arg Tyr
1205 1210 1215
Val Pro Pro Ser Ser Thr Asp Arg Ser Pro Tyr Glu Lys Val Ser
1220 1225 1230

Ala Gly Asn Gly Gly Ser Ser Leu Ser Tyr Thr Asn Pro Ala Val

1235 1240 1245

Ala Ala Ala Ser Ala Asn Leu

1250 1255

<210> 538

<211> 711

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUM-1/m__Homo_sapiens__NP_116242

<400> 538

Met Met Ala Asp Ala Lys Tyr Val Leu Cys Arg Trp Glu Lys Arg Leu

1 5 10 15

Trp Pro Ala Lys Val Leu Ala Arg Thr Ala Thr Ser Thr Lys Asn Lys

20 25 30

Arg Arg Lys Glu Tyr Phe Leu Ala Val Gln Ile Leu Ser Leu Glu Glu

35 40 45

Lys Ile Lys Val Lys Ser Thr Glu Val Glu Ile Leu Glu Lys Ser Gln

50 55 60

Ile Glu Ala Ile Ala Ser Ser Leu Ala Ser Gln Asn Glu Val Pro Ala

65 70 75 80

Ala Pro Leu Glu Glu Leu Ala Tyr Arg Arg Ser Leu Arg Val Ala Leu

85 90 95

Asp Val Leu Ser Glu Gly Ser Ile Trp Ser Gln Glu Ser Ser Ala Gly

100 105 110

Thr Gly Arg Ala Asp Arg Ser Leu Arg Gly Lys Pro Met Glu His Val

115 120 125

Ser Ser Pro Cys Asp Ser Asn Ser Ser Ser Leu Pro Arg Gly Asp Val

130 135 140

Leu Gly Ser Ser Arg Pro His Arg Arg Arg Pro Cys Val Gln Gln Ser

145 150 155 160

Leu Ser Ser Ser Phe Thr Cys Glu Lys Asp Pro Glu Cys Lys Val Asp

165 170 175

His Lys Lys Gly Leu Arg Lys Ser Glu Asn Pro Arg Gly Pro Leu Val

180 185 190

Leu Pro Ala Gly Gly Gly Ala Gln Asp Glu Ser Gly Ser Arg Ile His

195 200 205

His Lys Asn Trp Thr Leu Ala Ser Lys Arg Gly Gly Asn Ser Ala Gln

210 215 220

Lys Ala Ser Leu Cys Leu Asn Gly Ser Ser Leu Ser Glu Asp Asp Thr

225 230 235 240

Glu Arg Asp Met Gly Ser Lys Gly Gly Ser Trp Ala Ala Pro Ser Leu

245 250 255

Pro Ser Gly Val Arg Glu Asp Asp Pro Cys Ala Asn Ala Glu Gly His

260 265 270

Asp Pro Gly Leu Pro Leu Gly Ser Leu Thr Ala Pro Pro Ala Pro Glu

275 280 285

Pro Ser Ala Cys Ser Glu Pro Gly Glu Cys Pro Ala Lys Lys Arg Pro

290 295 300

Arg Leu Asp Gly Ser Gln Arg Pro Pro Ala Val Gln Leu Glu Pro Met

305 310 315 320

Ala Ala Gly Ala Ala Pro Ser Pro Gly Pro Gly Pro Gly Pro Arg Glu

325 330 335

Ser Val Thr Pro Arg Ser Thr Ala Arg Leu Gly Pro Pro Pro Ser His

340 345 350

Ala Ser Ala Asp Ala Thr Arg Cys Leu Pro Cys Pro Asp Ser Gln Lys

355 360 365

Leu Glu Lys Glu Cys Gln Ser Ser Glu Glu Ser Met Gly Ser Asn Ser

370 375 380

Met Arg Ser Ile Leu Glu Glu Asp Glu Glu Asp Glu Glu Pro Pro Arg

385 390 395 400

Val Leu Leu Tyr His Glu Pro Arg Ser Phe Glu Val Gly Met Leu Val

405 410 415

Trp His Lys His Lys Lys Tyr Pro Phe Trp Pro Ala Val Val Lys Ser

420 425 430

Val Arg Gln Arg Asp Lys Lys Ala Ser Val Leu Tyr Ile Glu Gly His
435 440 445
Met Asn Pro Lys Met Lys Gly Phe Thr Val Ser Leu Lys Ser Leu Lys
450 455 460
His Phe Asp Cys Lys Glu Lys Gln Thr Leu Leu Asn Gln Ala Arg Glu

465 470 475 480
Asp Phe Asn Gln Asp Ile Gly Trp Cys Val Ser Leu Ile Thr Asp Tyr
485 490 495
Arg Val Arg Leu Gly Cys Gly Ser Phe Ala Gly Ser Phe Leu Glu Tyr
500 505 510
Tyr Ala Ala Asp Ile Ser Tyr Pro Val Arg Lys Ser Ile Gln Gln Asp
515 520 525
Val Leu Gly Thr Lys Leu Pro Gln Leu Ser Lys Gly Ser Pro Glu Glu

530 535 540
Pro Val Val Gly Cys Pro Leu Gly Gln Arg Gln Pro Cys Arg Lys Met
545 550 555 560
Leu Pro Asp Arg Ser Arg Ala Ala Arg Asp Arg Ala Asn Gln Lys Leu
565 570 575
Val Glu Tyr Ile Val Lys Ala Lys Gly Ala Glu Ser His Leu Arg Ala
580 585 590
Ile Leu Lys Ser Arg Lys Pro Ser Arg Trp Leu Gln Thr Phe Leu Ser

595 600 605
Ser Ser Gln Tyr Val Thr Cys Val Glu Thr Tyr Leu Glu Asp Glu Gly
610 615 620
Gln Leu Asp Leu Val Val Lys Tyr Leu Gln Gly Val Tyr Gln Glu Val
625 630 635 640
Gly Ala Lys Val Leu Gln Arg Thr Asn Gly Asp Arg Ile Arg Phe Ile
645 650 655
Leu Asp Val Leu Leu Pro Glu Ala Ile Ile Cys Ala Ile Ser Ala Val

660 665 670
Asp Glu Val Asp Tyr Lys Thr Ala Glu Glu Lys Tyr Ile Lys Gly Pro

675 680 685

Ser Leu Ser Tyr Arg Glu Lys Glu Ile Phe Asp Asn Gln Leu Leu Glu

690 695 700

Glu Arg Asn Arg Arg Arg Arg

705 710

<210> 539

<211> 145

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUM-2/m__Homo_sapiens__Q9Y5R8

<400> 539

Met Thr Val His Asn Leu Tyr Leu Phe Asp Arg Asn Gly Val Cys Leu

1 5 10 15

His Tyr Ser Glu Trp His Arg Lys Lys Gln Ala Gly Ile Pro Lys Glu

20 25 30

Glu Glu Tyr Lys Leu Met Tyr Gly Met Leu Phe Ser Ile Arg Ser Phe

35 40 45

Val Ser Lys Met Ser Pro Leu Asp Met Lys Asp Gly Phe Leu Ala Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Lys Val Val Met Asn Thr Asp Leu Gly Val Gly Pro Ile Arg Asp Val

85 90 95

Leu His His Ile Tyr Ser Ala Leu Tyr Val Glu Leu Val Val Lys Asn

100 105 110

Pro Leu Cys Pro Leu Gly Gln Thr Val Gln Ser Glu Leu Phe Arg Ser

115 120 125

Arg Leu Asp Ser Tyr Val Arg Ser Leu Pro Phe Phe Ser Ala Arg Ala

130 135 140

Gly

145

<210> 540

<211> 1043

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MYO1A__Homo_sapiens__Q9UBC5

<400> 540

Met Pro Leu Leu Glu Gly Ser Val Gly Val Glu Asp Leu Val Leu Leu
1 5 10 15
Glu Pro Leu Val Glu Glu Ser Leu Leu Lys Asn Leu Gln Leu Arg Tyr
20 25 30

Glu Asn Lys Glu Ile Tyr Thr Tyr Ile Gly Asn Val Val Ile Ser Val
35 40 45
Asn Pro Tyr Gln Gln Leu Pro Ile Tyr Gly Pro Glu Phe Ile Ala Lys
50 55 60
Tyr Gln Asp Tyr Thr Phe Tyr Glu Leu Lys Pro His Ile Tyr Ala Leu
65 70 75 80
Ala Asn Val Ala Tyr Gln Ser Leu Arg Asp Arg Asp Arg Asp Gln Cys
85 90 95

Ile Leu Ile Thr Gly Glu Ser Gly Ser Gly Lys Thr Glu Ala Ser Lys
100 105 110
Leu Val Met Ser Tyr Val Ala Ala Val Cys Gly Lys Gly Glu Gln Val
115 120 125
Asn Ser Val Lys Glu Gln Leu Leu Gln Ser Asn Pro Val Leu Glu Ala
130 135 140
Phe Gly Asn Ala Lys Thr Ile Arg Asn Asn Asn Ser Ser Arg Phe Gly
145 150 155 160

Lys Tyr Met Asp Ile Glu Phe Asp Phe Lys Gly Ser Pro Leu Gly Gly
165 170 175
Val Ile Thr Asn Tyr Leu Leu Glu Lys Ser Arg Leu Val Lys Gln Leu
180 185 190
Lys Gly Glu Arg Asn Phe His Ile Phe Tyr Gln Leu Leu Ala Gly Ala
195 200 205
Asp Glu Gln Leu Leu Lys Ala Leu Lys Leu Glu Arg Asp Thr Thr Gly

210 215 220

Tyr Ala Tyr Leu Asn His Glu Val Ser Arg Val Asp Gly Met Asp Asp
225 230 235 240
Ala Ser Ser Phe Arg Ala Val Gln Ser Ala Met Ala Val Ile Gly Phe
245 250 255
Ser Glu Glu Glu Ile Arg Gln Val Leu Glu Val Thr Ser Met Val Leu
260 265 270
Lys Leu Gly Asn Val Leu Val Ala Asp Glu Phe Gln Ala Ser Gly Ile
275 280 285

Pro Ala Ser Gly Ile Arg Asp Gly Arg Gly Val Arg Glu Ile Gly Glu
290 295 300
Met Val Gly Leu Asn Ser Glu Glu Val Glu Arg Ala Leu Cys Ser Arg
305 310 315 320
Thr Met Glu Thr Ala Lys Glu Lys Val Val Thr Ala Leu Asn Val Met
325 330 335
Gln Ala Gln Tyr Ala Arg Asp Ala Leu Ala Lys Asn Ile Tyr Ser Arg
340 345 350

Leu Phe Asp Trp Ile Val Asn Arg Ile Asn Glu Ser Ile Lys Val Gly
355 360 365
Ile Gly Glu Lys Lys Lys Val Met Gly Val Leu Asp Ile Tyr Gly Phe
370 375 380
Glu Ile Leu Glu Asp Asn Ser Phe Glu Gln Phe Val Ile Asn Tyr Cys
385 390 395 400
Asn Glu Lys Leu Gln Gln Val Phe Ile Glu Met Thr Leu Lys Glu Glu
405 410 415

Gln Glu Glu Tyr Lys Arg Glu Gly Ile Pro Trp Thr Lys Val Asp Tyr
420 425 430
Phe Asp Asn Gly Ile Ile Cys Lys Leu Ile Glu His Asn Gln Arg Gly
435 440 445
Ile Leu Ala Met Leu Asp Glu Glu Cys Leu Arg Pro Gly Val Val Ser
450 455 460

Asp Ser Thr Phe Leu Ala Lys Leu Asn Gln Leu Phe Ser Lys His Gly
465 470 475 480

His Tyr Glu Ser Lys Val Thr Gln Asn Ala Gln Arg Gln Tyr Asp His
485 490 495
Thr Met Gly Leu Ser Cys Phe Arg Ile Cys His Tyr Ala Gly Lys Val
500 505 510
Thr Tyr Asn Val Thr Ser Phe Ile Asp Lys Asn Asn Asp Leu Leu Phe
515 520 525
Arg Asp Leu Leu Gln Ala Met Trp Lys Ala Gln His Pro Leu Leu Arg
530 535 540

Ser Leu Phe Pro Glu Gly Asn Pro Lys Gln Ala Ser Leu Lys Arg Pro
545 550 555 560
Pro Thr Ala Gly Ala Gln Phe Lys Ser Ser Val Ala Ile Leu Met Lys
565 570 575
Asn Leu Tyr Ser Lys Ser Pro Asn Tyr Ile Arg Cys Ile Lys Pro Asn
580 585 590
Glu His Gln Gln Arg Gly Gln Phe Ser Ser Asp Leu Val Ala Thr Gln
595 600 605

Ala Arg Tyr Leu Gly Leu Leu Glu Asn Val Arg Val Arg Arg Ala Gly
610 615 620
Tyr Ala His Arg Gln Gly Tyr Gly Pro Phe Leu Glu Arg Tyr Arg Leu
625 630 635 640
Leu Ser Arg Ser Thr Trp Pro His Trp Asn Gly Gly Asp Arg Glu Gly
645 650 655
Val Glu Lys Val Leu Gly Glu Leu Ser Met Ser Ser Gly Glu Leu Ala
660 665 670

Phe Gly Lys Thr Lys Ile Phe Ile Arg Ser Pro Lys Thr Leu Phe Tyr
675 680 685
Leu Glu Glu Gln Arg Arg Leu Arg Leu Gln Gln Leu Ala Thr Leu Ile
690 695 700
Gln Lys Ile Tyr Arg Gly Trp Arg Cys Arg Thr His Tyr Gln Leu Met

705 710 715 720

Arg Lys Ser Gln Ile Leu Ile Ser Ser Trp Phe Arg Gly Asn Met Gln

725 730 735

Lys Lys Cys Tyr Gly Lys Ile Lys Ala Ser Val Leu Leu Ile Gln Ala

740 745 750

Phe Val Arg Gly Trp Lys Ala Arg Lys Asn Tyr Arg Lys Tyr Phe Arg

755 760 765

Ser Glu Ala Ala Leu Thr Leu Ala Asp Phe Ile Tyr Lys Ser Met Val

770 775 780

Gln Lys Phe Leu Leu Gly Leu Lys Asn Asn Leu Pro Ser Thr Asn Val

785 790 795 800

Leu Asp Lys Thr Trp Pro Ala Ala Pro Tyr Lys Cys Leu Ser Thr Ala

805 810 815

Asn Gln Glu Leu Gln Gln Leu Phe Tyr Gln Trp Lys Cys Lys Arg Phe

820 825 830

Arg Asp Gln Leu Ser Pro Lys Gln Val Glu Ile Leu Arg Glu Lys Leu

835 840 845

Cys Ala Ser Glu Leu Phe Lys Gly Lys Lys Ala Ser Tyr Pro Gln Ser

850 855 860

Val Pro Ile Pro Phe Cys Gly Asp Tyr Ile Gly Leu Gln Gly Asn Pro

865 870 875 880

Lys Leu Gln Lys Leu Lys Gly Gly Glu Glu Gly Pro Val Leu Met Ala

885 890 895

Glu Ala Val Lys Lys Val Asn Arg Gly Asn Gly Lys Thr Ser Ser Arg

900 905 910

Ile Leu Leu Leu Thr Lys Gly His Val Ile Leu Thr Asp Thr Lys Lys

915 920 925

Ser Gln Ala Lys Ile Val Ile Gly Leu Asp Asn Val Ala Gly Val Ser

930 935 940

Val Thr Ser Leu Lys Asp Gly Leu Phe Ser Leu His Leu Ser Glu Met

945 950 955 960

Ser Ser Val Gly Ser Lys Gly Asp Phe Leu Leu Val Ser Glu His Val
965 970 975
Ile Glu Leu Leu Thr Lys Met Tyr Arg Ala Val Leu Asp Ala Thr Gln
980 985 990

Arg Gln Leu Thr Val Thr Val Thr Glu Lys Phe Ser Val Arg Phe Lys
995 1000 1005
Glu Asn Ser Val Ala Val Lys Val Val Gln Gly Pro Ala Gly Gly
1010 1015 1020
Asp Asn Ser Lys Leu Arg Tyr Lys Lys Lys Gly Ser His Cys Leu
1025 1030 1035
Glu Val Thr Val Gln
1040

<210> 541
<211> 1136
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MYO1B__Homo_sapiens__O43795

<400> 541
Met Ala Lys Met Glu Val Lys Thr Ser Leu Leu Asp Asn Met Ile Gly
1 5 10 15
Val Gly Asp Met Val Leu Leu Glu Pro Leu Asn Glu Glu Thr Phe Ile
20 25 30
Asn Asn Leu Lys Lys Arg Phe Asp His Ser Glu Ile Tyr Thr Tyr Ile
35 40 45
Gly Ser Val Val Ile Ser Val Asn Pro Tyr Arg Ser Leu Pro Ile Tyr
50 55 60

Ser Pro Glu Lys Val Glu Glu Tyr Arg Asn Arg Asn Phe Tyr Glu Leu
65 70 75 80
Ser Pro His Ile Phe Ala Leu Ser Asp Glu Ala Tyr Arg Ser Leu Arg
85 90 95
Asp Gln Asp Lys Asp Gln Cys Ile Leu Ile Thr Gly Glu Ser Gly Ala
100 105 110

Gly Lys Thr Glu Ala Ser Lys Leu Val Met Ser Tyr Val Ala Ala Val
115 120 125

Cys Gly Lys Gly Ala Glu Val Asn Gln Val Lys Glu Gln Leu Leu Gln
130 135 140
Ser Asn Pro Val Leu Glu Ala Phe Gly Asn Ala Lys Thr Val Arg Asn
145 150 155 160
Asp Asn Ser Ser Arg Phe Gly Lys Tyr Met Asp Ile Glu Phe Asp Phe
165 170 175
Lys Gly Asp Pro Leu Gly Gly Val Ile Ser Asn Tyr Leu Leu Glu Lys
180 185 190

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

Ala Met Gln Ile Val Gly Phe Met Asp His Glu Ala Glu Ser Val Leu
260 265 270
Ala Val Val Ala Ala Val Leu Lys Leu Gly Asn Ile Glu Phe Lys Pro
275 280 285
Glu Ser Arg Val Asn Gly Leu Asp Glu Ser Lys Ile Lys Asp Lys Asn
290 295 300
Glu Leu Lys Glu Ile Cys Glu Leu Thr Gly Ile Asp Gln Ser Val Leu
305 310 315 320

Glu Arg Ala Phe Ser Phe Arg Thr Val Glu Ala Lys Gln Glu Lys Val
325 330 335
Ser Thr Thr Leu Asn Val Ala Gln Ala Tyr Tyr Ala Arg Asp Ala Leu
340 345 350
Ala Lys Asn Leu Tyr Ser Arg Leu Phe Ser Trp Leu Val Asn Arg Ile

355 360 365

Asn Glu Ser Ile Lys Ala Gln Thr Lys Val Arg Lys Lys Val Met Gly

370 375 380

Val Leu Asp Ile Tyr Gly Phe Glu Ile Phe Glu Asp Asn Ser Phe Glu

385 390 395 400

Gln Phe Ile Ile Asn Tyr Cys Asn Glu Lys Leu Gln Gln Ile Phe Ile

405 410 415

Glu Leu Thr Leu Lys Glu Glu Gln Glu Glu Tyr Ile Arg Glu Asp Ile

420 425 430

Glu Trp Thr His Ile Asp Tyr Phe Asn Asn Ala Ile Ile Cys Asp Leu

435 440 445

Ile Glu Asn Asn Thr Asn Gly Ile Leu Ala Met Leu Asp Glu Glu Cys

450 455 460

Leu Arg Pro Gly Thr Val Thr Asp Glu Thr Phe Leu Glu Lys Leu Asn

465 470 475 480

Gln Val Cys Ala Thr His Gln His Phe Glu Ser Arg Met Ser Lys Cys

485 490 495

Ser Arg Phe Leu Asn Asp Thr Ser Leu Pro His Ser Cys Phe Arg Ile

500 505 510

Gln His Tyr Ala Gly Lys Val Leu Tyr Gln Val Glu Gly Phe Val Asp

515 520 525

Lys Asn Asn Asp Leu Leu Tyr Arg Asp Leu Ser Gln Ala Met Trp Lys

530 535 540

Ala Ser His Ala Leu Ile Lys Ser Leu Phe Pro Glu Gly Asn Pro Ala

545 550 555 560

Lys Ile Asn Leu Lys Arg Pro Pro Thr Ala Gly Ser Gln Phe Lys Ala

565 570 575

Ser Val Ala Thr Leu Met Lys Asn Leu Gln Thr Lys Asn Pro Asn Tyr

580 585 590

Ile Arg Cys Ile Lys Pro Asn Asp Lys Lys Ala Ala His Ile Phe Asn

595 600 605

Glu Ala Leu Val Cys His Gln Ile Arg Tyr Leu Gly Leu Leu Glu Asn
610 615 620
Val Arg Val Arg Arg Ala Gly Tyr Ala Phe Arg Gln Ala Tyr Glu Pro
625 630 635 640

Cys Leu Glu Arg Tyr Lys Met Leu Cys Lys Gln Thr Trp Pro His Trp
645 650 655
Lys Gly Pro Ala Arg Ser Gly Val Glu Val Leu Phe Asn Glu Leu Glu
660 665 670
Ile Pro Val Glu Glu Tyr Ser Phe Gly Arg Ser Lys Ile Phe Ile Arg
675 680 685
Asn Pro Arg Thr Leu Phe Lys Leu Glu Asp Leu Arg Lys Gln Arg Leu
690 695 700

Glu Asp Leu Ala Thr Leu Ile Gln Lys Ile Tyr Arg Gly Trp Lys Cys
705 710 715 720
Arg Thr His Phe Leu Leu Met Lys Lys Ser Gln Ile Val Ile Ala Ala
725 730 735
Trp Tyr Arg Arg Tyr Ala Gln Gln Lys Arg Tyr Gln Gln Thr Lys Ser
740 745 750
Ser Ala Leu Val Ile Gln Ser Tyr Ile Arg Gly Trp Lys Ala Arg Lys
755 760 765

Ile Leu Arg Glu Leu Lys His Gln Lys Arg Cys Lys Glu Ala Val Thr
770 775 780
Thr Ile Ala Ala Tyr Trp His Gly Thr Gln Ala Arg Arg Glu Leu Arg
785 790 795 800
Arg Leu Lys Glu Glu Ala Arg Asn Lys His Ala Ile Ala Val Ile Trp
805 810 815
Ala Tyr Trp Leu Gly Ser Lys Ala Arg Arg Glu Leu Lys Arg Leu Lys
820 825 830

Glu Glu Ala Arg Arg Lys His Ala Val Ala Val Ile Trp Ala Tyr Trp
835 840 845
Leu Gly Leu Lys Val Arg Arg Glu Tyr Arg Lys Phe Phe Arg Ala Asn

850 855 860

Ala Gly Lys Lys Ile Tyr Glu Phe Thr Leu Gln Arg Ile Val Gln Lys

865 870 875 880

Tyr Phe Leu Glu Met Lys Asn Lys Met Pro Ser Leu Ser Pro Ile Asp

885 890 895

Lys Asn Trp Pro Ser Arg Pro Tyr Leu Phe Leu Asp Ser Thr His Lys

900 905 910

Glu Leu Lys Arg Ile Phe His Leu Trp Arg Cys Lys Lys Tyr Arg Asp

915 920 925

Gln Phe Thr Asp Gln Gln Lys Leu Ile Tyr Glu Glu Lys Leu Glu Ala

930 935 940

Ser Glu Leu Phe Lys Asp Lys Lys Ala Leu Tyr Pro Ser Ser Val Gly

945 950 955 960

Gln Pro Phe Gln Gly Ala Tyr Leu Glu Ile Asn Lys Asn Pro Lys Tyr

965 970 975

Lys Lys Leu Lys Asp Ala Ile Glu Glu Lys Ile Ile Ile Ala Glu Val

980 985 990

Val Asn Lys Ile Asn Arg Ala Asn Gly Lys Ser Thr Ser Arg Ile Phe

995 1000 1005

Leu Leu Thr Asn Asn Asn Leu Leu Leu Ala Asp Gln Lys Ser Gly

1010 1015 1020

Gln Ile Lys Ser Glu Val Pro Leu Val Asp Val Thr Lys Val Ser

1025 1030 1035

Met Ser Ser Gln Asn Asp Gly Phe Phe Ala Val His Leu Lys Glu

1040 1045 1050

Gly Ser Glu Ala Ala Ser Lys Gly Asp Phe Leu Phe Ser Ser Asp

1055 1060 1065

His Leu Ile Glu Met Ala Thr Lys Leu Tyr Arg Thr Thr Leu Ser

1070 1075 1080

Gln Thr Lys Gln Lys Leu Asn Ile Glu Ile Ser Asp Glu Phe Leu

1085 1090 1095

Val Gln Phe Arg Gln Asp Lys Val Cys Val Lys Phe Ile Gln Gly
1100 1105 1110
Asn Gln Lys Asn Gly Ser Val Pro Thr Cys Lys Arg Lys Asn Asn
1115 1120 1125
Arg Leu Leu Glu Val Ala Val Pro
1130 1135

<210> 542
<211> 1063
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> MYO1C__Homo_sapiens__O00159
<400> 542
Met Ala Leu Gln Val Glu Leu Val Pro Thr Gly Glu Ile Ile Arg Val
1 5 10 15
Val His Pro His Arg Pro Cys Lys Leu Ala Leu Gly Ser Asp Gly Val
20 25 30
Arg Val Thr Met Glu Ser Ala Leu Thr Ala Arg Asp Arg Val Gly Val
35 40 45
Gln Asp Phe Val Leu Leu Glu Asn Phe Thr Ser Glu Ala Ala Phe Ile

50 55 60
Glu Asn Leu Arg Arg Arg Phe Arg Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Tyr Ile
65 70 75 80
Gly Pro Val Leu Val Ser Val Asn Pro Tyr Arg Asp Leu Gln Ile Tyr
85 90 95
Ser Arg Gln His Met Glu Arg Tyr Arg Gly Val Ser Phe Tyr Glu Val
100 105 110
Pro Pro His Leu Phe Ala Val Ala Asp Thr Val Tyr Arg Ala Leu Arg

115 120 125
Thr Glu Arg Arg Asp Gln Ala Val Met Ile Ser Gly Glu Ser Gly Ala
130 135 140
Gly Lys Thr Glu Ala Thr Lys Arg Leu Leu Gln Phe Tyr Ala Glu Thr
145 150 155 160

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

180 185 190
Asp Asn Ser Ser Arg Phe Gly Lys Tyr Met Asp Val Gln Phe Asp Phe
195 200 205
Lys Gly Ala Pro Val Gly Gly His Ile Leu Ser Tyr Leu Leu Glu Lys
210 215 220
Ser Arg Val Val His Gln Asn His Gly Glu Arg Asn Phe His Ile Phe
225 230 235 240
Tyr Gln Leu Leu Glu Gly Gly Glu Glu Glu Thr Leu Arg Arg Leu Gly

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

305 310 315 320
Ala Asn Glu Glu Ser Asn Ala Gln Val Thr Thr Glu Asn Gln Leu Lys
325 330 335
Tyr Leu Thr Arg Leu Leu Ser Val Glu Gly Ser Thr Leu Arg Glu Ala
340 345 350
Leu Thr His Arg Lys Ile Ile Ala Lys Gly Glu Glu Leu Leu Ser Pro
355 360 365
Leu Asn Leu Glu Gln Ala Ala Tyr Ala Arg Asp Ala Leu Ala Lys Ala

370 375 380
Val Tyr Ser Arg Thr Phe Thr Trp Leu Val Gly Lys Ile Asn Arg Ser
385 390 395 400
Leu Ala Ser Lys Asp Val Glu Ser Pro Ser Trp Arg Ser Thr Thr Val

405 410 415

Leu Gly Leu Leu Asp Ile Tyr Gly Phe Glu Val Phe Gln His Asn Ser

420 425 430

Phe Glu Gln Phe Cys Ile Asn Tyr Cys Asn Glu Lys Leu Gln Gln Leu

435 440 445

Phe Ile Glu Leu Thr Leu Lys Ser Glu Gln Glu Glu Tyr Glu Ala Glu

450 455 460

Gly Ile Ala Trp Glu Pro Val Gln Tyr Phe Asn Asn Lys Ile Ile Cys

465 470 475 480

Asp Leu Val Glu Glu Lys Phe Lys Gly Ile Ile Ser Ile Leu Asp Glu

485 490 495

Glu Cys Leu Arg Pro Gly Glu Ala Thr Asp Leu Thr Phe Leu Glu Lys

500 505 510

Leu Glu Asp Thr Val Lys His His Pro His Phe Leu Thr His Lys Leu

515 520 525

Ala Asp Gln Arg Thr Arg Lys Ser Leu Gly Arg Gly Glu Phe Arg Leu

530 535 540

Leu His Tyr Ala Gly Glu Val Thr Tyr Ser Val Thr Gly Phe Leu Asp

545 550 555 560

Lys Asn Asn Asp Leu Leu Phe Arg Asn Leu Lys Glu Thr Met Cys Ser

565 570 575

Ser Lys Asn Pro Ile Met Ser Gln Cys Phe Asp Arg Ser Glu Leu Ser

580 585 590

Asp Lys Lys Arg Pro Glu Thr Val Ala Thr Gln Phe Lys Met Ser Leu

595 600 605

Leu Gln Leu Val Glu Ile Leu Gln Ser Lys Glu Pro Ala Tyr Val Arg

610 615 620

Cys Ile Lys Pro Asn Asp Ala Lys Gln Pro Gly Arg Phe Asp Glu Val

625 630 635 640

Leu Ile Arg His Gln Val Lys Tyr Leu Gly Leu Leu Glu Asn Leu Arg

645 650 655

Val Arg Arg Ala Gly Phe Ala Tyr Arg Arg Lys Tyr Glu Ala Phe Leu
660 665 670
Gln Arg Tyr Lys Ser Leu Cys Pro Glu Thr Trp Pro Thr Trp Ala Gly
675 680 685
Arg Pro Gln Asp Gly Val Ala Val Leu Val Arg His Leu Gly Tyr Lys

690 695 700
Pro Glu Glu Tyr Lys Met Gly Arg Thr Lys Ile Phe Ile Arg Phe Pro
705 710 715 720
Lys Thr Leu Phe Ala Thr Glu Asp Ala Leu Glu Val Arg Arg Gln Ser
725 730 735
Leu Ala Thr Lys Ile Gln Ala Ala Trp Arg Gly Phe His Trp Arg Gln
740 745 750
Lys Phe Leu Arg Val Lys Arg Ser Ala Ile Cys Ile Gln Ser Trp Trp

755 760 765
Arg Gly Thr Leu Gly Arg Arg Lys Ala Ala Lys Arg Lys Trp Ala Ala
770 775 780
Gln Thr Ile Arg Arg Leu Ile Arg Gly Phe Val Leu Arg His Ala Pro
785 790 795 800
Arg Cys Pro Glu Asn Ala Phe Phe Leu Asp His Val Arg Thr Ser Phe
805 810 815
Leu Leu Asn Leu Arg Arg Gln Leu Pro Gln Asn Val Leu Asp Thr Ser

820 825 830
Trp Pro Thr Pro Pro Pro Ala Leu Arg Glu Ala Ser Glu Leu Leu Arg
835 840 845
Glu Leu Cys Ile Lys Asn Met Val Trp Lys Tyr Cys Arg Ser Ile Ser
850 855 860
Pro Glu Trp Lys Gln Gln Leu Gln Gln Lys Ala Val Ala Ser Glu Ile
865 870 875 880
Phe Lys Gly Lys Lys Asp Asn Tyr Pro Gln Ser Val Pro Arg Leu Phe

885 890 895
Ile Ser Thr Arg Leu Gly Thr Asp Glu Ile Ser Pro Arg Val Leu Gln

900 905 910

Ala Leu Gly Ser Glu Pro Ile Gln Tyr Ala Val Pro Val Val Lys Tyr

915 920 925

Asp Arg Lys Gly Tyr Lys Pro Arg Ser Arg Gln Leu Leu Leu Thr Pro

930 935 940

Asn Ala Val Val Ile Val Glu Asp Ala Lys Val Lys Gln Arg Ile Asp

945 950 955 960

Tyr Ala Asn Leu Thr Gly Ile Ser Val Ser Ser Leu Ser Asp Ser Leu

965 970 975

Phe Val Leu His Val Gln Arg Ala Asp Asn Lys Gln Lys Gly Asp Val

980 985 990

Val Leu Gln Ser Asp His Val Ile Glu Thr Leu Thr Lys Thr Ala Leu

995 1000 1005

Ser Ala Asn Arg Val Asn Ser Ile Asn Ile Asn Gln Gly Ser Ile

1010 1015 1020

Thr Phe Ala Gly Gly Pro Gly Arg Asp Gly Thr Ile Asp Phe Thr

1025 1030 1035

Pro Gly Ser Glu Leu Leu Ile Thr Lys Ala Lys Asn Gly His Leu

1040 1045 1050

Ala Val Val Ala Pro Arg Leu Asn Ser Arg

1055 1060

<210> 543

<211> 1006

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MYO1D__Homo_sapiens__O94832

<400> 543

Met Ala Glu Gln Glu Ser Leu Glu Phe Gly Lys Ala Asp Phe Val Leu

1 5 10 15

Met Asp Thr Val Ser Met Pro Glu Phe Met Ala Asn Leu Arg Leu Arg

20 25 30

Phe Glu Lys Gly Arg Ile Tyr Thr Phe Ile Gly Glu Val Val Val Ser

35 40 45

Val Asn Pro Tyr Lys Leu Leu Asn Ile Tyr Gly Arg Asp Thr Ile Glu

50 55 60

Gln Tyr Lys Gly Arg Glu Leu Tyr Glu Arg Pro Pro His Leu Phe Ala

65 70 75 80

Ile Ala Asp Ala Ala Tyr Lys Ala Met Lys Arg Arg Ser Lys Asp Thr

85 90 95

Cys Ile Val Ile Ser Gly Glu Ser Gly Ala Gly Lys Thr Glu Ala Ser

100 105 110

Lys Tyr Ile Met Gln Tyr Ile Ala Ala Ile Thr Asn Pro Ser Gln Arg

115 120 125

Ala Glu Val Glu Arg Val Lys Asn Met Leu Leu Lys Ser Asn Cys Val

130 135 140

Leu Glu Ala Phe Gly Asn Ala Lys Thr Asn Arg Asn Asp Asn Ser Ser

145 150 155 160

Arg Phe Gly Lys Tyr Met Asp Ile Asn Phe Asp Phe Lys Gly Asp Pro

165 170 175

Ile Gly Gly His Ile Asn Asn Tyr Leu Leu Glu Lys Ser Arg Val Ile

180 185 190

Val Gln Gln Pro Gly Glu Arg Ser Phe His Ser Phe Tyr Gln Leu Leu

195 200 205

Gln Gly Gly Ser Glu Gln Met Leu Arg Ser Leu His Leu Gln Lys Ser

210 215 220

Leu Ser Ser Tyr Asn Tyr Ile His Val Gly Ala Gln Leu Lys Ser Ser

225 230 235 240

Ile Asn Asp Ala Ala Glu Phe Arg Val Val Ala Asp Ala Met Lys Val

245 250 255

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

260 265 270

Ala Ile Leu His Leu Gly Asn Leu Lys Phe Val Val Asp Gly Asp Thr

275 280 285

Pro Leu Ile Glu Asn Gly Lys Val Val Ser Ile Ile Ala Glu Leu Leu
290 295 300
Ser Thr Lys Thr Asp Met Val Glu Lys Ala Leu Leu Tyr Arg Thr Val
305 310 315 320

Ala Thr Gly Arg Asp Ile Ile Asp Lys Gln His Thr Glu Gln Glu Ala
325 330 335
Ser Tyr Gly Arg Asp Ala Phe Ala Lys Ala Ile Tyr Glu Arg Leu Phe
340 345 350
Cys Trp Ile Val Thr Arg Ile Asn Asp Ile Ile Glu Val Lys Asn Tyr
355 360 365
Asp Thr Thr Ile His Gly Lys Asn Thr Val Ile Gly Val Leu Asp Ile
370 375 380

Tyr Gly Phe Glu Ile Phe Asp Asn Asn Ser Phe Glu Gln Phe Cys Ile
385 390 395 400
Asn Tyr Cys Asn Glu Lys Leu Gln Gln Leu Phe Ile Gln Leu Val Leu
405 410 415
Lys Gln Glu Gln Glu Glu Tyr Gln Arg Glu Gly Ile Pro Trp Lys His
420 425 430
Ile Asp Tyr Phe Asn Asn Gln Ile Ile Val Asp Leu Val Glu Gln Gln
435 440 445

His Lys Gly Ile Ile Ala Ile Leu Asp Asp Ala Cys Met Asn Val Gly
450 455 460
Lys Val Thr Asp Glu Met Phe Leu Glu Ala Leu Asn Ser Lys Leu Gly
465 470 475 480
Lys His Ala His Phe Ser Ser Arg Lys Leu Cys Ala Ser Asp Lys Ile
485 490 495
Leu Glu Phe Asp Arg Asp Phe Arg Ile Arg His Tyr Ala Gly Asp Val
500 505 510

Val Tyr Ser Val Ile Gly Phe Ile Asp Lys Asn Lys Asp Thr Leu Phe
515 520 525
Gln Asp Phe Lys Arg Leu Met Tyr Asn Ser Ser Asn Pro Val Leu Lys

530 535 540

Asn Met Trp Pro Glu Gly Lys Leu Ser Ile Thr Glu Val Thr Lys Arg
545 550 555 560

Pro Leu Thr Ala Ala Thr Leu Phe Lys Asn Ser Met Ile Ala Leu Val
565 570 575

Asp Asn Leu Ala Ser Lys Glu Pro Tyr Tyr Val Arg Cys Ile Lys Pro
580 585 590

Asn Asp Lys Lys Ser Pro Gln Ile Phe Asp Asp Glu Arg Cys Arg His
595 600 605

Gln Val Glu Tyr Leu Gly Leu Leu Glu Asn Val Arg Val Arg Arg Ala
610 615 620

Gly Phe Ala Phe Arg Gln Thr Tyr Glu Lys Phe Leu His Arg Tyr Lys
625 630 635 640

Met Ile Ser Glu Phe Thr Trp Pro Asn His Asp Leu Pro Ser Asp Lys
645 650 655

Glu Ala Val Lys Lys Leu Ile Glu Arg Cys Gly Phe Gln Asp Asp Val
660 665 670

Ala Tyr Gly Lys Thr Lys Ile Phe Ile Arg Thr Pro Arg Thr Leu Phe
675 680 685

Thr Leu Glu Glu Leu Arg Ala Gln Met Leu Ile Arg Ile Val Leu Phe
690 695 700

Leu Gln Lys Val Trp Arg Gly Thr Leu Ala Arg Met Arg Tyr Lys Arg
705 710 715 720

Thr Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ile Arg Tyr Tyr Arg Arg Tyr Lys Val
725 730 735

Lys Ser Tyr Ile His Glu Val Ala Arg Arg Phe His Gly Val Lys Thr
740 745 750

Met Arg Asp Tyr Gly Lys His Val Lys Trp Pro Ser Pro Pro Lys Val
755 760 765

Leu Arg Arg Phe Glu Glu Ala Leu Gln Thr Ile Phe Asn Arg Trp Arg
770 775 780

Ala Ser Gln Leu Ile Lys Ser Ile Pro Ala Ser Asp Leu Pro Gln Val
785 790 795 800
Arg Ala Lys Val Ala Ala Val Glu Met Leu Lys Gly Gln Arg Ala Asp
805 810 815
Leu Gly Leu Gln Arg Ala Trp Glu Gly Asn Tyr Leu Ala Ser Lys Pro
820 825 830

Asp Thr Pro Gln Thr Ser Gly Thr Phe Val Pro Val Ala Asn Glu Leu
835 840 845
Lys Arg Lys Asp Lys Tyr Met Asn Val Leu Phe Ser Cys His Val Arg
850 855 860
Lys Val Asn Arg Phe Ser Lys Val Glu Asp Arg Ala Ile Phe Val Thr
865 870 875 880
Asp Arg His Leu Tyr Lys Met Asp Pro Thr Lys Gln Tyr Lys Val Met
885 890 895

Lys Thr Ile Pro Leu Tyr Asn Leu Thr Gly Leu Ser Val Ser Asn Gly
900 905 910
Lys Asp Gln Leu Val Val Phe His Thr Lys Asp Asn Lys Asp Leu Ile
915 920 925
Val Cys Leu Phe Ser Lys Gln Pro Thr His Glu Ser Arg Ile Gly Glu
930 935 940
Leu Val Gly Val Leu Val Asn His Phe Lys Ser Glu Lys Arg His Leu
945 950 955 960

Gln Val Asn Val Thr Asn Pro Val Gln Cys Ser Leu His Gly Lys Lys
965 970 975
Cys Thr Val Ser Val Glu Thr Arg Leu Asn Gln Pro Gln Pro Asp Phe
980 985 990
Thr Lys Asn Arg Ser Gly Phe Ile Leu Ser Val Pro Gly Asn
995 1000 1005

<210> 544
<211> 1108
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> MYO1E__Homo_sapiens__Q12965

<400> 544

Met Gly Ser Lys Gly Val Tyr Gln Tyr His Trp Gln Ser His Asn Val

1 5 10 15

Lys His Ser Gly Val Asp Asp Met Val Leu Leu Ser Lys Ile Thr Glu

20 25 30

Asn Ser Ile Val Glu Asn Leu Lys Lys Arg Tyr Met Asp Asp Tyr Ile

35 40 45

Phe Thr Tyr Ile Gly Ser Val Leu Ile Ser Val Asn Pro Phe Lys Gln

50 55 60

Met Pro Tyr Phe Gly Glu Lys Glu Ile Glu Met Tyr Gln Gly Ala Ala

65 70 75 80

Gln Tyr Glu Asn Pro Pro His Ile Tyr Ala Leu Ala Asp Asn Met Tyr

85 90 95

Arg Asn Met Ile Ile Asp Arg Glu Asn Gln Cys Val Ile Ile Ser Gly

100 105 110

Glu Ser Gly Ala Gly Lys Thr Val Ala Ala Lys Tyr Ile Met Ser Tyr

115 120 125

Ile Ser Arg Val Ser Gly Gly Gly Thr Lys Val Gln His Val Lys Asp

130 135 140

Ile Ile Leu Gln Ser Asn Pro Leu Leu Glu Ala Phe Gly Asn Ala Lys

145 150 155 160

Thr Val Arg Asn Asn Asn Ser Ser Arg Phe Gly Lys Tyr Phe Glu Ile

165 170 175

Gln Phe Ser Pro Gly Gly Glu Pro Asp Gly Gly Lys Ile Ser Asn Phe

180 185 190

Leu Leu Glu Lys Ser Arg Val Val Met Arg Asn Pro Gly Glu Arg Ser

195 200 205

Phe His Ile Phe Tyr Gln Leu Ile Glu Gly Ala Ser Ala Glu Gln Lys

210 215 220

His Ser Leu Gly Ile Thr Ser Met Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Leu Ser Leu

225 230 235 240

Ser Gly Ser Tyr Lys Val Asp Asp Ile Asp Asp Arg Arg Glu Phe Gln

245 250 255

Glu Thr Leu His Ala Met Asn Val Ile Gly Ile Phe Ala Glu Glu Gln

260 265 270

Thr Leu Val Leu Gln Ile Val Ala Gly Ile Leu His Leu Gly Asn Ile

275 280 285

Ser Phe Lys Glu Val Gly Asn Tyr Ala Ala Val Glu Ser Glu Glu Phe

290 295 300

Leu Ala Phe Pro Ala Tyr Leu Leu Gly Ile Asn Gln Asp Arg Leu Lys

305 310 315 320

Glu Lys Leu Thr Ser Arg Gln Met Asp Ser Lys Trp Gly Gly Lys Ser

325 330 335

Glu Ser Ile His Val Thr Leu Asn Val Glu Gln Ala Cys Tyr Thr Arg

340 345 350

Asp Ala Leu Ala Lys Ala Leu His Ala Arg Val Phe Asp Phe Leu Val

355 360 365

Asp Ser Ile Asn Lys Ala Met Glu Lys Asp His Glu Glu Tyr Asn Ile

370 375 380

Gly Val Leu Asp Ile Tyr Gly Phe Glu Ile Phe Gln Lys Asn Gly Phe

385 390 395 400

Glu Gln Phe Cys Ile Asn Phe Val Asn Glu Lys Leu Gln Gln Ile Phe

405 410 415

Ile Glu Leu Thr Leu Lys Ala Glu Gln Glu Glu Tyr Val Gln Glu Gly

420 425 430

Ile Arg Trp Thr Pro Ile Glu Tyr Phe Asn Asn Lys Ile Val Cys Asp

435 440 445

Leu Ile Glu Asn Lys Val Asn Pro Pro Gly Ile Met Ser Ile Leu Asp

450 455 460

Asp Val Cys Ala Thr Met His Ala Val Gly Glu Gly Ala Asp Gln Thr

465 470 475 480

Leu Leu Gln Lys Leu Gln Met Gln Ile Gly Ser His Glu His Phe Asn
485 490 495
Ser Trp Asn Gln Gly Phe Ile Ile His His Tyr Ala Gly Lys Val Ser
500 505 510
Tyr Asp Met Asp Gly Phe Cys Glu Arg Asn Arg Asp Val Leu Phe Met

515 520 525
Asp Leu Ile Glu Leu Met Gln Ser Ser Glu Leu Pro Phe Ile Lys Ser
530 535 540
Leu Phe Pro Glu Asn Leu Gln Ala Asp Lys Lys Gly Arg Pro Thr Thr
545 550 555 560
Ala Gly Ser Lys Ile Lys Lys Gln Ala Asn Asp Leu Val Ser Thr Leu
565 570 575
Met Lys Cys Thr Pro His Tyr Ile Arg Cys Ile Lys Pro Asn Glu Thr

580 585 590
Lys Lys Pro Arg Asp Trp Glu Glu Ser Arg Val Lys His Gln Val Glu
595 600 605
Tyr Leu Gly Leu Lys Glu Asn Ile Arg Val Arg Arg Ala Gly Tyr Ala
610 615 620
Tyr Arg Arg Ile Phe Gln Lys Phe Leu Gln Arg Tyr Ala Ile Leu Thr
625 630 635 640
Lys Ala Thr Trp Pro Ser Trp Gln Gly Glu Glu Lys Gln Gly Val Leu

645 650 655
His Leu Leu Gln Ser Val Asn Met Asp Ser Asp Gln Phe Gln Leu Gly
660 665 670
Arg Ser Lys Val Phe Ile Lys Ala Pro Glu Ser Leu Phe Leu Leu Glu
675 680 685
Glu Met Arg Glu Arg Lys Tyr Asp Gly Tyr Ala Arg Val Ile Gln Lys
690 695 700
Ser Trp Arg Lys Phe Val Ala Arg Lys Lys Tyr Val Gln Met Arg Glu

705 710 715 720
Glu Ala Ser Asp Leu Leu Leu Asn Lys Lys Glu Arg Arg Arg Asn Ser

725 730 735

Ile Asn Arg Asn Phe Ile Gly Asp Tyr Ile Gly Met Glu Glu His Pro

740 745 750

Glu Leu Gln Gln Phe Val Gly Lys Arg Glu Lys Ile Asp Phe Ala Asp

755 760 765

Thr Val Thr Lys Tyr Asp Arg Arg Phe Lys Gly Val Lys Arg Asp Leu

770 775 780

Leu Leu Thr Pro Lys Cys Leu Tyr Leu Ile Gly Arg Glu Lys Val Lys

785 790 795 800

Gln Gly Pro Asp Lys Gly Leu Val Lys Glu Val Leu Lys Arg Lys Ile

805 810 815

Glu Ile Glu Arg Ile Leu Ser Val Ser Leu Ser Thr Met Gln Asp Asp

820 825 830

Ile Phe Ile Leu His Glu Gln Glu Tyr Asp Ser Leu Leu Glu Ser Val

835 840 845

Phe Lys Thr Glu Phe Leu Ser Leu Leu Ala Lys Arg Tyr Glu Glu Lys

850 855 860

Thr Gln Lys Gln Leu Pro Leu Lys Phe Ser Asn Thr Leu Glu Leu Lys

865 870 875 880

Leu Lys Lys Glu Asn Trp Gly Pro Trp Ser Ala Gly Gly Ser Arg Gln

885 890 895

Val Gln Phe His Gln Gly Phe Gly Asp Leu Ala Val Leu Lys Pro Ser

900 905 910

Asn Lys Val Leu Gln Val Ser Ile Gly Pro Gly Leu Pro Lys Asn Ser

915 920 925

Arg Pro Thr Arg Arg Asn Thr Thr Gln Asn Thr Gly Tyr Ser Ser Gly

930 935 940

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

945 950 955 960

Tyr His Gln Asn Gly Val Ile Arg Asn Gln Tyr Val Pro Tyr Pro His

965 970 975

Ala Pro Gly Ser Gln Arg Ser Asn Gln Lys Ser Leu Tyr Thr Ser Met
980 985 990

Ala Arg Pro Pro Leu Pro Arg Gln Gln Ser Thr Ser Ser Asp Arg Val
995 1000 1005

Ser Gln Thr Pro Glu Ser Leu Asp Phe Leu Lys Val Pro Asp Gln
1010 1015 1020

Gly Ala Ala Gly Val Arg Arg Gln Thr Thr Ser Arg Pro Pro Pro

1025 1030 1035

Ala Gly Gly Arg Pro Lys Pro Gln Pro Lys Pro Lys Pro Gln Val
1040 1045 1050

Pro Gln Cys Lys Ala Leu Tyr Ala Tyr Asp Ala Gln Asp Thr Asp
1055 1060 1065

Glu Leu Ser Phe Asn Ala Asn Asp Ile Ile Asp Ile Ile Lys Glu
1070 1075 1080

Asp Pro Ser Gly Trp Trp Thr Gly Arg Leu Arg Gly Lys Gln Gly

1085 1090 1095

Leu Phe Pro Asn Asn Tyr Val Thr Lys Ile
1100 1105

<210> 545

<211> 1098

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MYO1F__Homo_sapiens__O00160

<400> 545

Met Gly Ser Lys Glu Arg Phe His Trp Gln Ser His Asn Val Lys Gln
1 5 10 15

Ser Gly Val Asp Asp Met Val Leu Leu Pro Gln Ile Thr Glu Asp Ala
20 25 30

Ile Ala Ala Asn Leu Arg Lys Arg Phe Met Asp Asp Tyr Ile Phe Thr
35 40 45

Tyr Ile Gly Ser Val Leu Ile Ser Val Asn Pro Phe Lys Gln Met Pro
50 55 60

Tyr Phe Thr Asp Arg Glu Ile Asp Leu Tyr Gln Gly Ala Ala Gln Tyr
65 70 75 80
Glu Asn Pro Pro His Ile Tyr Ala Leu Thr Asp Asn Met Tyr Arg Asn
85 90 95

Met Leu Ile Asp Cys Glu Asn Gln Cys Val Ile Ile Ser Gly Glu Ser
100 105 110
Gly Ala Gly Lys Thr Val Ala Ala Lys Tyr Ile Met Gly Tyr Ile Ser
115 120 125
Lys Val Ser Gly Gly Gly Glu Lys Val Gln His Val Lys Asp Ile Ile
130 135 140
Leu Gln Ser Asn Pro Leu Leu Glu Ala Phe Gly Asn Ala Lys Thr Val
145 150 155 160

Arg Asn Asn Asn Ser Ser Arg Phe Gly Lys Tyr Phe Glu Ile Gln Phe
165 170 175
Ser Arg Gly Gly Glu Pro Asp Gly Gly Lys Ile Ser Asn Phe Leu Leu
180 185 190
Glu Lys Ser Arg Val Val Met Gln Asn Glu Asn Glu Arg Asn Phe His
195 200 205
Ile Tyr Tyr Gln Leu Leu Glu Gly Ala Ser Gln Glu Gln Arg Gln Asn
210 215 220

Leu Gly Leu Met Thr Pro Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Leu Asn Gln Ser Asp
225 230 235 240
Thr Tyr Gln Val Asp Gly Thr Asp Asp Arg Ser Asp Phe Gly Glu Thr
245 250 255
Leu Ser Ala Met Gln Val Ile Gly Ile Pro Pro Ser Ile Gln Gln Leu
260 265 270
Val Leu Gln Leu Val Ala Gly Ile Leu His Leu Gly Asn Ile Ser Phe
275 280 285

Cys Glu Asp Gly Asn Tyr Ala Arg Val Glu Ser Val Asp Leu Leu Ala
290 295 300
Phe Pro Ala Tyr Leu Leu Gly Ile Asp Ser Gly Arg Leu Gln Glu Lys

305 310 315 320

Leu Thr Ser Arg Lys Met Asp Ser Arg Trp Gly Gly Arg Ser Glu Ser

325 330 335

Ile Asn Val Thr Leu Asn Val Glu Gln Ala Ala Tyr Thr Arg Asp Ala

340 345 350

Leu Ala Lys Gly Leu Tyr Ala Arg Leu Phe Asp Phe Leu Val Glu Ala

355 360 365

Ile Asn Arg Ala Met Gln Lys Pro Gln Glu Glu Tyr Ser Ile Gly Val

370 375 380

Leu Asp Ile Tyr Gly Phe Glu Ile Phe Gln Lys Asn Gly Phe Glu Gln

385 390 395 400

Phe Cys Ile Asn Phe Val Asn Glu Lys Leu Gln Gln Ile Phe Ile Glu

405 410 415

Leu Thr Leu Lys Ala Glu Gln Glu Glu Tyr Val Gln Glu Gly Ile Arg

420 425 430

Trp Thr Pro Ile Gln Tyr Phe Asn Asn Lys Val Val Cys Asp Leu Ile

435 440 445

Glu Asn Lys Leu Ser Pro Pro Gly Ile Met Ser Val Leu Asp Asp Val

450 455 460

Cys Ala Thr Met His Ala Thr Gly Gly Gly Ala Asp Gln Thr Leu Leu

465 470 475 480

Gln Lys Leu Gln Ala Ala Val Gly Thr His Glu His Phe Asn Ser Trp

485 490 495

Ser Ala Gly Phe Val Ile His His Tyr Ala Gly Lys Val Ser Tyr Asp

500 505 510

Val Ser Gly Phe Cys Glu Arg Asn Arg Asp Val Leu Phe Ser Asp Leu

515 520 525

Ile Glu Leu Met Gln Thr Ser Glu Gln Ala Phe Leu Arg Met Leu Phe

530 535 540

Pro Glu Lys Leu Asp Gly Asp Lys Lys Gly Arg Pro Ser Thr Ala Gly

545 550 555 560

Ser Lys Ile Lys Lys Gln Ala Asn Asp Leu Val Ala Thr Leu Met Arg
565 570 575

Cys Thr Pro His Tyr Ile Arg Cys Ile Lys Pro Asn Glu Thr Lys Arg
580 585 590

Pro Arg Asp Trp Glu Glu Asn Arg Val Lys His Gln Val Glu Tyr Leu
595 600 605

Gly Leu Lys Glu Asn Ile Arg Val Arg Arg Ala Gly Phe Ala Tyr Arg
610 615 620

Arg Gln Phe Ala Lys Phe Leu Gln Arg Tyr Ala Ile Leu Thr Pro Glu
625 630 635 640

Thr Trp Pro Arg Trp Arg Gly Asp Glu Arg Gln Gly Val Gln His Leu
645 650 655

Leu Arg Ala Val Asn Met Glu Pro Asp Gln Tyr Gln Met Gly Ser Thr
660 665 670

Lys Val Phe Val Lys Asn Pro Glu Ser Leu Phe Leu Leu Glu Glu Val
675 680 685

Arg Glu Arg Lys Phe Asp Gly Phe Ala Arg Thr Ile Gln Lys Ala Trp
690 695 700

Arg Arg His Val Ala Val Arg Lys Tyr Glu Glu Met Arg Glu Glu Ala
705 710 715 720

Ser Asn Ile Leu Leu Asn Lys Lys Glu Arg Arg Arg Asn Ser Ile Asn
725 730 735

Arg Asn Phe Val Gly Asp Tyr Leu Gly Leu Glu Glu Arg Pro Glu Leu
740 745 750

Arg Gln Phe Leu Gly Lys Arg Glu Arg Val Asp Phe Ala Asp Ser Val
755 760 765

Thr Lys Tyr Asp Arg Arg Phe Lys Pro Ile Lys Arg Asp Leu Ile Leu
770 775 780

Thr Pro Lys Cys Val Tyr Val Ile Gly Arg Glu Lys Val Lys Lys Gly
785 790 795 800

Pro Glu Lys Gly Gln Val Cys Glu Val Leu Lys Lys Lys Val Asp Ile

805 810 815

Gln Ala Leu Arg Gly Val Ser Leu Ser Thr Arg Gln Asp Asp Phe Phe

820 825 830

Ile Leu Gln Glu Asp Ala Ala Asp Ser Phe Leu Glu Ser Val Phe Lys

835 840 845

Thr Glu Phe Val Ser Leu Leu Cys Lys Arg Phe Glu Glu Ala Thr Arg

850 855 860

Arg Pro Leu Pro Leu Thr Phe Ser Asp Thr Leu Gln Phe Arg Val Lys

865 870 875 880

Lys Glu Gly Trp Gly Gly Gly Gly Thr Arg Ser Val Thr Phe Ser Arg

885 890 895

Gly Phe Gly Asp Leu Ala Val Leu Lys Val Gly Gly Arg Thr Leu Thr

900 905 910

Val Ser Val Gly Asp Gly Leu Pro Lys Ser Ser Lys Pro Thr Arg Lys

915 920 925

Gly Met Ala Lys Gly Lys Pro Arg Arg Ser Ser Gln Ala Pro Thr Arg

930 935 940

Ala Ala Pro Ala Pro Pro Arg Gly Met Asp Arg Asn Gly Val Pro Pro

945 950 955 960

Ser Ala Arg Gly Gly Pro Leu Pro Leu Glu Ile Met Ser Gly Gly Gly

965 970 975

Thr His Arg Pro Pro Arg Gly Pro Pro Ser Thr Ser Leu Gly Ala Ser

980 985 990

Arg Arg Pro Arg Ala Arg Pro Pro Ser Glu His Asn Thr Glu Phe Leu

995 1000 1005

Asn Val Pro Asp Gln Gly Met Ala Gly Met Gln Arg Lys Arg Ser

1010 1015 1020

Val Gly Gln Arg Pro Val Pro Gly Val Gly Arg Pro Lys Pro Gln

1025 1030 1035

Pro Arg Thr His Gly Pro Arg Cys Arg Ala Leu Tyr Gln Tyr Val

1040 1045 1050

Gly Gln Asp Val Asp Glu Leu Ser Phe Asn Val Asn Glu Val Ile

1055 1060 1065

Glu Ile Leu Met Glu Asp Pro Ser Gly Trp Trp Lys Gly Arg Leu

1070 1075 1080

His Gly Gln Glu Gly Leu Phe Pro Gly Asn Tyr Val Glu Lys Ile

1085 1090 1095

<210> 546

<211> 1018

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MYO1G__Homo_sapiens__B0I1T2

<400> 546

Met Glu Asp Glu Glu Gly Pro Glu Tyr Gly Lys Pro Asp Phe Val Leu

1 5 10 15

Leu Asp Gln Val Thr Met Glu Asp Phe Met Arg Asn Leu Gln Leu Arg

20 25 30

Phe Glu Lys Gly Arg Ile Tyr Thr Tyr Ile Gly Glu Val Leu Val Ser

35 40 45

Val Asn Pro Tyr Gln Glu Leu Pro Leu Tyr Gly Pro Glu Ala Ile Ala

50 55 60

Arg Tyr Gln Gly Arg Glu Leu Tyr Glu Arg Pro Pro His Leu Tyr Ala

65 70 75 80

Val Ala Asn Ala Ala Tyr Lys Ala Met Lys His Arg Ser Arg Asp Thr

85 90 95

Cys Ile Val Ile Ser Gly Glu Ser Gly Ala Gly Lys Thr Glu Ala Ser

100 105 110

Lys His Ile Met Gln Tyr Ile Ala Ala Val Thr Asn Pro Ser Gln Arg

115 120 125

Ala Glu Val Glu Arg Val Lys Asp Val Leu Leu Lys Ser Thr Cys Val

130 135 140

Leu Glu Ala Phe Gly Asn Ala Arg Thr Asn Arg Asn His Asn Ser Ser

145 150 155 160

Arg Phe Gly Lys Tyr Met Asp Ile Asn Phe Asp Phe Lys Gly Asp Pro
165 170 175
Ile Gly Gly His Ile His Ser Tyr Leu Leu Glu Lys Ser Arg Val Leu
180 185 190
Lys Gln His Val Gly Glu Arg Asn Phe His Ala Phe Tyr Gln Leu Leu

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

260 265 270
His Arg Ile Leu Ala Ala Ile Leu His Leu Gly Asn Ile Glu Phe Val
275 280 285
Glu Thr Glu Glu Gly Gly Leu Gln Lys Glu Gly Leu Ala Val Ala Glu
290 295 300
Glu Ala Leu Val Asp His Val Ala Glu Leu Thr Ala Thr Pro Arg Asp
305 310 315 320
Leu Val Leu Arg Ser Leu Leu Ala Arg Thr Val Ala Ser Gly Gly Arg

325 330 335
Glu Leu Ile Glu Lys Gly His Thr Ala Ala Glu Ala Ser Tyr Ala Arg
340 345 350
Asp Ala Cys Ala Lys Ala Val Tyr Gln Arg Leu Phe Glu Trp Val Val
355 360 365
Asn Arg Ile Asn Ser Val Met Glu Pro Arg Gly Arg Asp Pro Arg Arg
370 375 380
Asp Gly Lys Asp Thr Val Ile Gly Val Leu Asp Ile Tyr Gly Phe Glu

385 390 395 400
Val Phe Pro Val Asn Ser Phe Glu Gln Phe Cys Ile Asn Tyr Cys Asn

405 410 415

Glu Lys Leu Gln Gln Leu Phe Ile Gln Leu Ile Leu Lys Gln Glu Gln

420 425 430

Glu Glu Tyr Glu Arg Glu Gly Ile Thr Trp Gln Ser Val Glu Tyr Phe

435 440 445

Asn Asn Ala Thr Ile Val Asp Leu Val Glu Arg Pro His Arg Gly Ile

450 455 460

Leu Ala Val Leu Asp Glu Ala Cys Ser Ser Ala Gly Thr Ile Thr Asp

465 470 475 480

Arg Ile Phe Leu Gln Thr Leu Asp Met His His Arg His His Leu His

485 490 495

Tyr Thr Ser Arg Gln Leu Cys Pro Thr Asp Lys Thr Met Glu Phe Gly

500 505 510

Arg Asp Phe Arg Ile Lys His Tyr Ala Gly Asp Val Thr Tyr Ser Val

515 520 525

Glu Gly Phe Ile Asp Lys Asn Arg Asp Phe Leu Phe Gln Asp Phe Lys

530 535 540

Arg Leu Leu Tyr Asn Ser Thr Asp Pro Thr Leu Arg Ala Met Trp Pro

545 550 555 560

Asp Gly Gln Gln Asp Ile Thr Glu Val Thr Lys Arg Pro Leu Thr Ala

565 570 575

Gly Thr Leu Phe Lys Asn Ser Met Val Ala Leu Val Glu Asn Leu Ala

580 585 590

Ser Lys Glu Pro Phe Tyr Val Arg Cys Ile Lys Pro Asn Glu Asp Lys

595 600 605

Val Ala Gly Lys Leu Asp Glu Asn His Cys Arg His Gln Val Ala Tyr

610 615 620

Leu Gly Leu Leu Glu Asn Val Arg Val Arg Arg Ala Gly Phe Ala Ser

625 630 635 640

Arg Gln Pro Tyr Ser Arg Phe Leu Leu Arg Tyr Lys Met Thr Cys Glu

645 650 655

Tyr Thr Trp Pro Asn His Leu Leu Gly Ser Asp Lys Ala Ala Val Ser
660 665 670
Ala Leu Leu Glu Gln His Gly Leu Gln Gly Asp Val Ala Phe Gly His
675 680 685
Ser Lys Leu Phe Ile Arg Ser Pro Arg Thr Leu Val Thr Leu Glu Gln
690 695 700
Ser Arg Ala Arg Leu Ile Pro Ile Ile Val Leu Leu Leu Gln Lys Ala

705 710 715 720
Trp Arg Gly Thr Leu Ala Arg Trp Arg Cys Arg Arg Leu Arg Ala Ile
725 730 735
Tyr Thr Ile Met Arg Trp Phe Arg Arg His Lys Val Arg Ala His Leu
740 745 750
Ala Glu Leu Gln Arg Arg Phe Gln Ala Ala Arg Gln Pro Pro Leu Tyr
755 760 765
Gly Arg Asp Leu Val Trp Pro Leu Pro Pro Ala Val Leu Gln Pro Phe

770 775 780
Gln Asp Thr Cys His Ala Leu Phe Cys Arg Trp Arg Ala Arg Gln Leu
785 790 795 800
Val Lys Asn Ile Pro Pro Ser Asp Met Pro Gln Ile Lys Ala Lys Val
805 810 815
Ala Ala Met Gly Ala Leu Gln Gly Leu Arg Gln Asp Trp Gly Cys Arg
820 825 830
Arg Ala Trp Ala Arg Asp Tyr Leu Ser Ser Ala Thr Asp Asn Pro Thr

835 840 845
Ala Ser Ser Leu Phe Ala Gln Arg Leu Lys Thr Leu Gln Asp Lys Asp
850 855 860
Gly Phe Gly Ala Val Leu Phe Ser Ser His Val Arg Lys Val Asn Arg
865 870 875 880
Phe His Lys Ile Arg Asn Arg Ala Leu Leu Leu Thr Asp Gln His Leu
885 890 895
Tyr Lys Leu Asp Pro Asp Arg Gln Tyr Arg Val Met Arg Ala Val Pro

900 905 910

Leu Glu Ala Val Thr Gly Leu Ser Val Thr Ser Gly Gly Asp Gln Leu

915 920 925

Val Val Leu His Ala Arg Gly Gln Asp Asp Leu Val Val Cys Leu His

930 935 940

Arg Ser Arg Pro Pro Leu Asp Asn Arg Val Gly Glu Leu Val Gly Val

945 950 955 960

Leu Ala Ala His Cys Gln Gly Glu Gly Arg Thr Leu Glu Val Arg Val

965 970 975

Ser Asp Cys Ile Pro Leu Ser His Arg Gly Val Arg Arg Leu Ile Ser

980 985 990

Val Glu Pro Arg Pro Glu Gln Pro Glu Pro Asp Phe Arg Cys Ala Arg

995 1000 1005

Gly Ser Phe Thr Leu Leu Trp Pro Ser Arg

1010 1015

<210> 547

<211> 1022

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MYO1H__Homo_sapiens__NP_001094891

<400> 547

Met Glu Gly Ala Leu Thr Ala Arg Asp Lys Val Gly Val Gln Asp Phe

1 5 10 15

Val Leu Leu Asp Ala Tyr Thr Ser Glu Ser Ala Phe Val Asp Asn Leu

20 25 30

Arg Lys Arg Phe Ser Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Tyr Ile Gly Thr Leu

35 40 45

Leu Val Ser Val Asn Pro Tyr Gln Glu Leu Gly Ile Tyr Thr Val Ser

50 55 60

Gln Met Glu Leu Tyr Gln Gly Val Asn Phe Phe Glu Leu Pro Pro His

65 70 75 80

Val Tyr Ala Ile Ala Asp Asn Ala Tyr Arg Met Met Cys Ala Glu Leu

85 90 95

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

100 105 110

Glu Ala Ser Lys Lys Ile Leu Glu Tyr Phe Ala Val Thr Cys Pro Met

115 120 125

Thr Gln Ser Leu Gln Ile Ala Arg Asp Arg Leu Leu Phe Ser Asn Pro

130 135 140

Val Leu Glu Ala Phe Gly Asn Ala Arg Thr Leu Arg Asn Asp Asn Ser

145 150 155 160

Ser Arg Phe Gly Lys Tyr Met Asp Ile Gln Phe Asp Phe Gln Gly Ile

165 170 175

Pro Val Gly Gly His Ile Ile Ser Tyr Leu Ile Glu Lys Ser Arg Val

180 185 190

Val Tyr Gln Asn Glu Gly Glu Arg Asn Phe His Ile Phe Tyr Gln Leu

195 200 205

Leu Ala Gly Gly Glu Glu Glu Arg Leu Ser Tyr Leu Gly Leu Glu Arg

210 215 220

Asp Pro Gln Leu Tyr Lys Tyr Leu Ser Gln Gly His Cys Ala Lys Glu

225 230 235 240

Ser Ser Ile Ser Asp Lys Asn Asp Trp Lys Thr Val Ser Asn Ala Phe

245 250 255

Ser Val Ile Asp Phe Thr Glu Ala Asp Leu Glu Asn Leu Phe Gly Ile

260 265 270

Ile Ala Ser Val Leu His Leu Gly Asn Ile Gly Phe Glu Glu Asp Asp

275 280 285

Gln Gly Cys Ala Thr Ile Pro Asp Thr His Glu Ile Lys Trp Ile Ala

290 295 300

Lys Leu Leu Gly Val His Pro Ser Val Leu Leu Glu Ala Leu Thr His

305 310 315 320

Arg Lys Ile Glu Ala Lys Thr Glu Glu Val Ile Cys Pro Leu Thr Leu

325 330 335

Glu Leu Ser Val Tyr Ala Arg Asp Ala Met Ala Lys Ala Val Tyr Gly
340 345 350
Arg Thr Phe Thr Trp Leu Val Asn Lys Ile Asn Ser Ser Leu Val Asn
355 360 365
Lys Asp Phe Thr Arg Lys Thr Val Ile Gly Leu Leu Asp Ile Tyr Gly
370 375 380

Phe Glu Val Phe Asp Lys Asn Gly Phe Glu Gln Phe Cys Ile Asn Tyr
385 390 395 400
Cys Asn Glu Lys Leu Gln Gln Leu Leu Ile Glu Arg Thr Leu Lys Ala
405 410 415
Glu Gln Ala Glu Tyr Glu Met Glu Gly Ile Glu Trp Glu Pro Ile Lys
420 425 430
Tyr Phe Asn Asn Lys Ile Ile Cys Asp Leu Val Glu Glu Arg His Lys
435 440 445

Gly Ile Ile Ser Ile Leu Asp Glu Glu Cys Ile Arg Pro Gly Pro Ala
450 455 460
Thr Asp Leu Ser Phe Leu Glu Lys Leu Glu Glu Lys Val Gly Lys His
465 470 475 480
Ala His Phe Glu Thr Arg Lys Leu Ala Gly Pro Lys Gly Arg Lys Arg
485 490 495
Ile Gly Trp Met Glu Phe Arg Leu Leu His Tyr Ala Gly Glu Val Thr
500 505 510

Tyr Cys Thr Lys Gly Phe Leu Glu Lys Asn Asn Asp Leu Leu Tyr Arg
515 520 525
His Leu Lys Glu Val Leu Cys Lys Ser Lys Asn Ile Ile Leu Arg Glu
530 535 540
Cys Phe Leu Leu Ala Glu Leu Glu Asn Arg Arg Arg Pro Pro Thr Val
545 550 555 560
Gly Thr Gln Phe Lys Asn Ser Leu Ser Ser Leu Leu Glu Thr Leu Ile
565 570 575

Ser Lys Glu Pro Ser Tyr Ile Arg Cys Ile Lys Pro Asn Asp Arg Lys

580 585 590

Glu Pro Ser Lys Phe Asp Asp Phe Leu Ile Arg His Gln Ile Lys Tyr

595 600 605

Leu Gly Leu Met Glu His Leu Arg Val Arg Arg Ala Gly Phe Ala Tyr

610 615 620

Arg Arg Lys Tyr Glu His Phe Leu Gln Arg Tyr Lys Ser Leu Cys Pro

625 630 635 640

Asp Thr Trp Pro His Trp His Gly Pro Pro Ala Glu Gly Val Glu Arg

645 650 655

Leu Ile Lys Tyr Ile Gly Tyr Lys Pro Glu Glu Tyr Lys Leu Gly Lys

660 665 670

Thr Lys Ile Phe Ile Arg Phe Pro Arg Thr Leu Phe Ala Thr Glu Asp

675 680 685

Ala Phe Glu Phe Ser Lys His Gln Leu Val Ala Arg Ile Gln Ala Thr

690 695 700

Tyr Lys Arg Cys Leu Gly Arg Arg Glu Tyr Val Lys Lys Arg Gln Ala

705 710 715 720

Ala Ile Lys Leu Glu Ala His Trp Arg Gly Ala Leu Ala Arg Lys Ala

725 730 735

Ile Gln Arg Arg Lys Trp Ala Val Arg Ile Ile Arg Lys Phe Ile Lys

740 745 750

Gly Phe Ile Ser Arg Asn Lys Pro Leu Cys Pro Asp Asn Glu Glu Phe

755 760 765

Ile Val Phe Val Arg Lys Asn Tyr Ile Leu Asn Leu Arg Tyr His Leu

770 775 780

Pro Lys Thr Val Leu Asp Lys Ser Trp Leu Arg Pro Pro Gly Ile Leu

785 790 795 800

Glu Asn Ala Ser Asp Leu Leu Arg Lys Met Cys Val Arg Asn Leu Val

805 810 815

Gln Lys Tyr Cys Arg Gly Ile Thr Ala Glu Arg Lys Ala Met Met Gln

820 825 830

Gln Lys Val Val Thr Ser Glu Ile Phe Arg Gly Arg Lys Asp Gly Tyr
835 840 845

Thr Glu Ser Leu Asn Gln Pro Phe Val Asn Ser Arg Ile Asp Glu Gly
850 855 860

Asp Ile Asn Pro Lys Val Leu Gln Leu Ile Ser His Glu Lys Ile Gln
865 870 875 880

Tyr Gly Val Pro Val Ile Lys Tyr Asp Arg Lys Gly Phe Lys Ala Arg
885 890 895

Gln Arg Gln Leu Ile Leu Thr Gln Lys Ala Ala Tyr Val Val Glu Leu
900 905 910

Ala Lys Ile Lys Gln Lys Ile Glu Tyr Ser Ala Leu Lys Gly Val Ser
915 920 925

Thr Ser Asn Leu Ser Asp Gly Ile Leu Val Ile His Val Ser Pro Glu
930 935 940

Asp Ser Lys Gln Lys Gly Asp Ala Val Leu Gln Cys Gly His Val Phe
945 950 955 960

Glu Ala Val Thr Lys Leu Val Met Leu Val Lys Lys Glu Asn Ile Val
965 970 975

Asn Val Val Gln Gly Ser Leu Gln Phe Phe Ile Ser Pro Gly Lys Glu
980 985 990

Gly Thr Ile Val Phe Asp Thr Gly Leu Glu Glu Gln Val Tyr Lys Asn
995 1000 1005

Lys Asn Gly Gln Leu Thr Val Val Ser Val Arg Arg Lys Ser
1010 1015 1020

<210> 548
<211> 792
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> NA17__Homo_sapiens__Q3V5L5
<400> 548

Met Ile Thr Val Asn Pro Asp Gly Lys Ile Met Val Arg Arg Cys Leu
1 5 10 15

Val Thr Leu Arg Pro Phe Arg Leu Phe Val Leu Gly Ile Gly Phe Phe
20 25 30
Thr Leu Cys Phe Leu Met Thr Ser Leu Gly Gly Gln Phe Ser Ala Arg
35 40 45

Arg Leu Gly Asp Ser Pro Phe Thr Ile Arg Thr Glu Val Met Gly Gly
50 55 60
Pro Glu Ser Arg Gly Val Leu Arg Lys Met Ser Asp Leu Leu Glu Leu
65 70 75 80
Met Val Lys Arg Met Asp Ala Leu Ala Arg Leu Glu Asn Ser Ser Glu
85 90 95
Leu His Arg Ala Gly Gly Asp Leu His Phe Pro Ala Asp Arg Met Pro
100 105 110

Pro Gly Ala Gly Leu Met Glu Arg Ile Gln Ala Ile Ala Gln Asn Val
115 120 125
Ser Asp Ile Ala Val Lys Val Asp Gln Ile Leu Arg His Ser Leu Leu
130 135 140
Leu His Ser Lys Val Ser Glu Gly Arg Arg Asp Gln Cys Glu Ala Pro
145 150 155 160
Ser Asp Pro Lys Phe Pro Asp Cys Ser Gly Lys Val Glu Trp Met Arg
165 170 175

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

Leu Asp Leu Met Gly Ser Gly Lys Glu Ser Leu Ile Phe Met Lys Lys
245 250 255
Arg Thr Lys Arg Leu Thr Ala Gln Trp Ala Leu Ala Ala Gln Arg Leu

260 265 270

Ala Gln Lys Leu Gly Ala Thr Gln Arg Asp Gln Lys Gln Ile Leu Val

275 280 285

His Ile Gly Phe Leu Thr Glu Glu Ser Gly Asp Val Phe Ser Pro Arg

290 295 300

Val Leu Lys Gly Gly Pro Leu Gly Glu Met Val Gln Trp Ala Asp Ile

305 310 315 320

Leu Thr Ala Leu Tyr Val Leu Gly His Gly Leu Arg Val Thr Val Ser

325 330 335

Leu Lys Glu Leu Gln Ser Asn Leu Gly Val Pro Pro Gly Arg Gly Ser

340 345 350

Cys Pro Leu Thr Met Pro Leu Pro Phe Asp Leu Ile Tyr Thr Asp Tyr

355 360 365

His Gly Leu Gln Gln Met Lys Arg His Met Gly Leu Ser Phe Lys Lys

370 375 380

Tyr Arg Cys Arg Ile Arg Val Ile Asp Thr Phe Gly Thr Glu Pro Ala

385 390 395 400

Tyr Asn His Glu Glu Tyr Ala Thr Leu His Gly Tyr Arg Thr Asn Trp

405 410 415

Gly Tyr Trp Asn Leu Asn Pro Lys Gln Phe Met Thr Met Phe Pro His

420 425 430

Thr Pro Asp Asn Ser Phe Met Gly Phe Val Ser Glu Glu Leu Asn Glu

435 440 445

Thr Glu Lys Arg Leu Ile Lys Gly Gly Lys Ala Ser Asn Met Ala Val

450 455 460

Val Tyr Gly Lys Glu Ala Ser Ile Trp Lys Leu Gln Gly Lys Glu Lys

465 470 475 480

Phe Leu Gly Ile Leu Asn Lys Tyr Met Glu Ile His Gly Thr Val Tyr

485 490 495

Tyr Glu Ser Gln Arg Pro Pro Glu Val Pro Ala Phe Val Lys Asn His

500 505 510

Gly Leu Leu Pro Gln Pro Glu Phe Gln Gln Leu Leu Arg Lys Ala Lys
515 520 525

Leu Phe Ile Gly Phe Gly Phe Pro Tyr Glu Gly Pro Ala Pro Leu Glu
530 535 540

Ala Ile Ala Asn Gly Cys Ile Phe Leu Gln Ser Arg Phe Ser Pro Pro
545 550 555 560

His Ser Ser Leu Asn His Glu Phe Phe Arg Gly Lys Pro Thr Ser Arg
565 570 575

Glu Val Phe Ser Gln His Pro Tyr Ala Glu Asn Phe Ile Gly Lys Pro
580 585 590

His Val Trp Thr Val Asp Tyr Asn Asn Ser Glu Glu Phe Glu Ala Ala
595 600 605

Ile Lys Ala Ile Met Arg Thr Gln Val Asp Pro Tyr Leu Pro Tyr Glu
610 615 620

Tyr Thr Cys Glu Gly Met Leu Glu Arg Ile His Ala Tyr Ile Gln His
625 630 635 640

Gln Asp Phe Cys Arg Ala Pro Asp Pro Ala Leu Pro Glu Ala His Ala
645 650 655

Pro Gln Ser Pro Phe Val Leu Ala Pro Asn Ala Thr His Leu Glu Trp
660 665 670

Ala Arg Asn Thr Ser Leu Ala Pro Gly Ala Trp Pro Pro Ala His Ala
675 680 685

Leu Arg Ala Trp Leu Ala Val Pro Gly Arg Ala Cys Thr Asp Thr Cys
690 695 700

Leu Asp His Gly Leu Ile Cys Glu Pro Ser Phe Phe Pro Phe Leu Asn
705 710 715 720

Ser Gln Asp Ala Phe Leu Lys Leu Gln Val Pro Cys Asp Ser Thr Glu
725 730 735

Ser Glu Met Asn His Leu Tyr Pro Ala Phe Ala Gln Pro Gly Gln Glu
740 745 750

Cys Tyr Leu Gln Lys Glu Pro Leu Leu Phe Ser Cys Ala Gly Ser Asn

755 760 765

Thr Lys Tyr Arg Arg Leu Cys Pro Cys Arg Asp Phe Arg Lys Gly Gln

770 775 780

Val Ala Leu Cys Gln Gly Cys Leu

785 790

<210> 549

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NA88-A__Homo_sapiens__10790436

<400> 549

Met Thr Gln Gly Gln His Phe Leu Gln Lys Val

1 5 10

<210> 550

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Neo-PAP__Homo_sapiens__Q9BWT3

<400> 550

Met Lys Glu Met Ser Ala Asn Thr Val Leu Asp Ser Gln Arg Gln Gln

1 5 10 15

Lys His Tyr Gly Ile Thr Ser Pro Ile Ser Leu Ala Ser Pro Lys Glu

20 25 30

Ile Asp His Ile Tyr Thr Gln Lys Leu Ile Asp Ala Met Lys Pro Phe

35 40 45

Gly Val Phe Glu Asp Glu Glu Glu Leu Asn His Arg Leu Val Val Leu

50 55 60

Gly Lys Leu Asn Asn Leu Val Lys Glu Trp Ile Ser Asp Val Ser Glu

65 70 75 80

Ser Lys Asn Leu Pro Pro Ser Val Val Ala Thr Val Gly Gly Lys Ile

85 90 95

Phe Thr Phe Gly Ser Tyr Arg Leu Gly Val His Thr Lys Gly Ala Asp

100 105 110

Ile Asp Ala Leu Cys Val Ala Pro Arg His Val Glu Arg Ser Asp Phe
115 120 125
Phe Gln Ser Phe Phe Glu Lys Leu Lys His Gln Asp Gly Ile Arg Asn
130 135 140
Leu Arg Ala Val Glu Asp Ala Phe Val Pro Val Ile Lys Phe Glu Phe
145 150 155 160
Asp Gly Ile Glu Ile Asp Leu Val Phe Ala Arg Leu Ala Ile Gln Thr
165 170 175

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

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

Pro Ser Asp Arg Tyr His Leu Met Pro Ile Ile Thr Pro Ala Tyr Pro
305 310 315 320
Gln Gln Asn Ser Thr Tyr Asn Val Ser Thr Ser Thr Arg Thr Val Met
325 330 335
Val Glu Glu Phe Lys Gln Gly Leu Ala Val Thr Asp Glu Ile Leu Gln
340 345 350

Gly Lys Ser Asp Trp Ser Lys Leu Leu Glu Pro Pro Asn Phe Phe Gln
355 360 365

Lys Tyr Arg His Tyr Ile Val Leu Thr Ala Ser Ala Ser Thr Glu Glu
370 375 380
Asn His Leu Glu Trp Val Gly Leu Val Glu Ser Lys Ile Arg Val Leu
385 390 395 400
Val Gly Asn Leu Glu Arg Asn Glu Phe Ile Thr Leu Ala His Val Asn
405 410 415
Pro Gln Ser Phe Pro Gly Asn Lys Glu His His Lys Asp Asn Asn Tyr
420 425 430

Val Ser Met Trp Phe Leu Gly Ile Ile Phe Arg Arg Val Glu Asn Ala
435 440 445
Glu Ser Val Asn Ile Asp Leu Thr Tyr Asp Ile Gln Ser Phe Thr Asp
450 455 460
Thr Val Tyr Arg Gln Ala Asn Asn Ile Asn Met Leu Lys Glu Gly Met
465 470 475 480
Lys Ile Glu Ala Thr His Val Lys Lys Lys Gln Leu His His Tyr Leu
485 490 495

Pro Ala Glu Ile Leu Gln Lys Lys Lys Lys Gln Ser Leu Ser Asp Val
500 505 510
Asn Arg Ser Ser Gly Gly Leu Gln Ser Lys Arg Leu Ser Leu Asp Ser
515 520 525
Ser Cys Leu Asp Ser Ser Arg Asp Thr Asp Asn Gly Thr Pro Phe Asn
530 535 540
Ser Pro Ala Ser Lys Ser Asp Ser Pro Ser Val Gly Glu Thr Glu Arg
545 550 555 560

Asn Ser Ala Glu Pro Ala Ala Val Ile Val Glu Lys Pro Leu Ser Val
565 570 575
Pro Pro Ala Gln Gly Leu Ser Ile Pro Val Ile Gly Ala Lys Val Asp
580 585 590
Ser Thr Val Lys Thr Val Ser Pro Pro Thr Val Cys Thr Ile Pro Thr

595 600 605

Val Val Gly Arg Asn Val Ile Pro Arg Ile Thr Thr Pro His Asn Pro

610 615 620

Ala Gln Gly Gln Pro His Leu Asn Gly Met Ser Asn Ile Thr Lys Thr

625 630 635 640

Val Thr Pro Lys Arg Ser His Ser Pro Ser Ile Asp Gly Thr Pro Lys

645 650 655

Arg Leu Lys Asp Val Glu Lys Phe Ile Arg Leu Glu Ser Thr Phe Lys

660 665 670

Asp Pro Arg Thr Ala Glu Glu Arg Lys Arg Lys Ser Val Asp Ala Ile

675 680 685

Gly Gly Glu Ser Met Pro Ile Pro Thr Ile Asp Thr Ser Arg Lys Lys

690 695 700

Arg Leu Pro Ser Lys Glu Leu Pro Asp Ser Ser Ser Pro Val Pro Ala

705 710 715 720

Asn Asn Ile Arg Val Ile Lys Asn Ser Ile Arg Leu Thr Leu Asn Arg

725 730 735

<210> 551

<211> 458

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NFYC/m__Homo_sapiens__Q13952

<400> 551

Met Ser Thr Glu Gly Gly Phe Gly Gly Thr Ser Ser Ser Asp Ala Gln

1 5 10 15

Gln Ser Leu Gln Ser Phe Trp Pro Arg Val Met Glu Glu Ile Arg Asn

20 25 30

Leu Thr Val Lys Asp Phe Arg Val Gln Glu Leu Pro Leu Ala Arg Ile

35 40 45

Lys Lys Ile Met Lys Leu Asp Glu Asp Val Lys Met Ile Ser Ala Glu

50 55 60

Ala Pro Val Leu Phe Ala Lys Ala Ala Gln Ile Phe Ile Thr Glu Leu
65 70 75 80
Thr Leu Arg Ala Trp Ile His Thr Glu Asp Asn Lys Arg Arg Thr Leu
85 90 95
Gln Arg Asn Asp Ile Ala Met Ala Ile Thr Lys Phe Asp Gln Phe Asp
100 105 110
Phe Leu Ile Asp Ile Val Pro Arg Asp Glu Leu Lys Pro Pro Lys Arg
115 120 125

Gln Glu Glu Val Arg Gln Ser Val Thr Pro Ala Glu Pro Val Gln Tyr
130 135 140
Tyr Phe Thr Leu Ala Gln Gln Pro Thr Ala Val Gln Val Gln Gly Gln
145 150 155 160
Gln Gln Gly Gln Gln Thr Thr Ser Ser Thr Thr Thr Ile Gln Pro Gly
165 170 175
Gln Ile Ile Ile Ala Gln Pro Gln Gln Gly Gln Thr Thr Pro Val Thr
180 185 190

Met Gln Val Gly Glu Gly Gln Gln Val Gln Ile Val Gln Ala Gln Pro
195 200 205
Gln Gly Gln Ala Gln Gln Ala Gln Ser Gly Thr Gly Gln Thr Met Gln
210 215 220
Val Met Gln Gln Ile Ile Thr Asn Thr Gly Glu Ile Gln Gln Ile Pro
225 230 235 240
Val Gln Leu Asn Ala Gly Gln Leu Gln Tyr Ile Arg Leu Ala Gln Pro
245 250 255

Val Ser Gly Thr Gln Val Val Gln Gly Gln Ile Gln Thr Leu Ala Thr
260 265 270
Asn Ala Gln Gln Gly Gln Arg Asn Ala Ser Gln Gly Lys Pro Arg Arg
275 280 285
Cys Leu Lys Glu Thr Leu Gln Ile Thr Gln Thr Glu Val Gln Gln Gly
290 295 300
Gln Gln Gln Phe Ser Gln Phe Thr Asp Gly Gln Arg Asn Ser Val Gln

305 310 315 320

Gln Ala Arg Val Ser Glu Leu Thr Gly Glu Ala Glu Pro Arg Glu Val
325 330 335
Lys Ala Thr Gly Asn Ser Thr Pro Cys Thr Ser Ser Leu Pro Thr Thr
340 345 350
His Pro Pro Ser His Arg Ala Gly Ala Ser Cys Val Cys Cys Ser Gln
355 360 365
Pro Gln Gln Ser Ser Thr Ser Pro Pro Pro Ser Asp Ala Leu Gln Trp
370 375 380

Val Val Val Glu Val Ser Gly Thr Pro Asn Gln Leu Glu Thr His Arg
385 390 395 400
Glu Leu His Ala Pro Leu Pro Gly Met Thr Ser Leu Ser Pro Leu His
405 410 415
Pro Ser Gln Gln Leu Tyr Gln Ile Gln Gln Val Thr Met Pro Ala Gly
420 425 430
Gln Asp Leu Ala Gln Pro Met Phe Ile Gln Ser Ala Asn Gln Pro Ser
435 440 445

Asp Gly Gln Ala Pro Gln Val Thr Gly Asp
450 455

<210> 552
<211> 933
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> NGEP__Homo_sapiens__Q6IWH7
<400> 552
Met Arg Met Ala Ala Thr Ala Trp Ala Gly Leu Gln Gly Pro Pro Leu
1 5 10 15
Pro Thr Leu Cys Pro Ala Val Arg Thr Gly Leu Tyr Cys Arg Asp Gln
20 25 30
Ala His Ala Glu Arg Trp Ala Met Thr Ser Glu Thr Ser Ser Gly Ser

35 40 45

His Cys Ala Arg Ser Arg Met Leu Arg Arg Arg Ala Gln Glu Glu Asp
50 55 60
Ser Thr Val Leu Ile Asp Val Ser Pro Pro Glu Ala Glu Lys Arg Gly
65 70 75 80
Ser Tyr Gly Ser Thr Ala His Ala Ser Glu Pro Gly Gly Gln Gln Ala
85 90 95
Ala Ala Cys Arg Ala Gly Ser Pro Ala Lys Pro Arg Ile Ala Asp Phe

100 105 110
Val Leu Val Trp Glu Glu Asp Leu Lys Leu Asp Arg Gln Gln Asp Ser
115 120 125
Ala Ala Arg Asp Arg Thr Asp Met His Arg Thr Trp Arg Glu Thr Phe
130 135 140
Leu Asp Asn Leu Arg Ala Ala Gly Leu Cys Val Asp Gln Gln Asp Val
145 150 155 160
Gln Asp Gly Asn Thr Thr Val His Tyr Ala Leu Leu Ser Ala Ser Trp

165 170 175
Ala Val Leu Cys Tyr Tyr Ala Glu Asp Leu Arg Leu Lys Leu Pro Leu
180 185 190
Gln Glu Leu Pro Asn Gln Ala Ser Asn Trp Ser Ala Gly Leu Leu Ala
195 200 205
Trp Leu Gly Ile Pro Asn Val Leu Leu Glu Val Val Pro Asp Val Pro
210 215 220
Pro Glu Tyr Tyr Ser Cys Arg Phe Arg Val Asn Lys Leu Pro Arg Phe

225 230 235 240
Leu Gly Ser Asp Asn Gln Asp Thr Phe Phe Thr Ser Thr Lys Arg His
245 250 255
Gln Ile Leu Phe Glu Ile Leu Ala Lys Thr Pro Tyr Gly His Glu Lys
260 265 270
Lys Asn Leu Leu Gly Ile His Gln Leu Leu Ala Glu Gly Val Leu Ser
275 280 285
Ala Ala Phe Pro Leu His Asp Gly Pro Phe Lys Thr Pro Pro Glu Gly

290 295 300

Pro Gln Ala Pro Arg Leu Asn Gln Arg Gln Val Leu Phe Gln His Trp

305 310 315 320

Ala Arg Trp Gly Lys Trp Asn Lys Tyr Gln Pro Leu Asp His Val Arg

325 330 335

Arg Tyr Phe Gly Glu Lys Val Ala Leu Tyr Phe Ala Trp Leu Gly Phe

340 345 350

Tyr Thr Gly Trp Leu Leu Pro Ala Ala Val Val Gly Thr Leu Val Phe

355 360 365

Leu Val Gly Cys Phe Leu Val Phe Ser Asp Ile Pro Thr Gln Glu Leu

370 375 380

Cys Gly Ser Lys Asp Ser Phe Glu Met Cys Pro Leu Cys Leu Asp Cys

385 390 395 400

Pro Phe Trp Leu Leu Ser Ser Ala Cys Ala Leu Ala Gln Ala Gly Arg

405 410 415

Leu Phe Asp His Gly Gly Thr Val Phe Phe Ser Leu Phe Met Ala Leu

420 425 430

Trp Ala Val Leu Leu Leu Glu Tyr Trp Lys Arg Lys Ser Ala Thr Leu

435 440 445

Ala Tyr Arg Trp Asp Cys Ser Asp Tyr Glu Asp Thr Glu Glu Arg Pro

450 455 460

Arg Pro Gln Phe Ala Ala Ser Ala Pro Met Thr Ala Pro Asn Pro Ile

465 470 475 480

Thr Gly Glu Asp Glu Pro Tyr Phe Pro Glu Arg Ser Arg Ala Arg Arg

485 490 495

Met Leu Ala Gly Ser Val Val Ile Val Val Met Val Ala Val Val Val

500 505 510

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

515 520 525

Val Ser Arg Ser Gly Asn Thr Leu Leu Ala Ala Trp Ala Ser Arg Ile

530 535 540

Ala Ser Leu Thr Gly Ser Val Val Asn Leu Val Phe Ile Leu Ile Leu

545 550 555 560

Ser Lys Ile Tyr Val Ser Leu Ala His Val Leu Thr Arg Trp Glu Met

565 570 575

His Arg Thr Gln Thr Lys Phe Glu Asp Ala Phe Thr Leu Lys Val Phe

580 585 590

Ile Phe Gln Phe Val Asn Phe Tyr Ser Ser Pro Val Tyr Ile Ala Phe

595 600 605

Phe Lys Gly Arg Phe Val Gly Tyr Pro Gly Asn Tyr His Thr Leu Phe

610 615 620

Gly Val Arg Asn Glu Glu Cys Ala Ala Gly Gly Cys Leu Ile Glu Leu

625 630 635 640

Ala Gln Glu Leu Leu Val Ile Met Val Gly Lys Gln Val Ile Asn Asn

645 650 655

Met Gln Glu Val Leu Ile Pro Lys Leu Lys Gly Trp Trp Gln Lys Phe

660 665 670

Arg Leu Arg Ser Lys Lys Arg Lys Ala Gly Ala Ser Ala Gly Ala Ser

675 680 685

Gln Gly Pro Trp Glu Asp Asp Tyr Glu Leu Val Pro Cys Glu Gly Leu

690 695 700

Phe Asp Glu Tyr Leu Glu Met Val Leu Gln Phe Gly Phe Val Thr Ile

705 710 715 720

Phe Val Ala Ala Cys Pro Leu Ala Pro Leu Phe Ala Leu Leu Asn Asn

725 730 735

Trp Val Glu Ile Arg Leu Asp Ala Arg Lys Phe Val Cys Glu Tyr Arg

740 745 750

Arg Pro Val Ala Glu Arg Ala Gln Asp Ile Gly Ile Trp Phe His Ile

755 760 765

Leu Ala Gly Leu Thr His Leu Ala Val Ile Ser Asn Ala Phe Leu Leu

770 775 780

Ala Phe Ser Ser Asp Phe Leu Pro Arg Ala Tyr Tyr Arg Trp Thr Arg

785 790 795 800

Ala His Asp Leu Arg Gly Phe Leu Asn Phe Thr Leu Ala Arg Ala Pro

805 810 815

Ser Ser Phe Ala Ala Ala His Asn Arg Thr Cys Arg Tyr Arg Ala Phe

820 825 830

Arg Asp Asp Asp Gly His Tyr Ser Gln Thr Tyr Trp Asn Leu Leu Ala

835 840 845

Ile Arg Leu Ala Phe Val Ile Val Phe Glu His Val Val Phe Ser Val

850 855 860

Gly Arg Leu Leu Asp Leu Leu Val Pro Asp Ile Pro Glu Ser Val Glu

865 870 875 880

Ile Lys Val Lys Arg Glu Tyr Tyr Leu Ala Lys Gln Ala Leu Ala Glu

885 890 895

Asn Glu Val Leu Phe Gly Thr Asn Gly Thr Lys Asp Glu Gln Pro Glu

900 905 910

Gly Ser Glu Leu Ser Ser His Trp Thr Pro Phe Thr Val Pro Lys Ala

915 920 925

Ser Gln Leu Gln Gln

930

<210> 553

<211

> 294

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NPM__Homo_sapiens__P06748

<400> 553

Met Glu Asp Ser Met Asp Met Asp Met Ser Pro Leu Arg Pro Gln Asn

1 5 10 15

Tyr Leu Phe Gly Cys Glu Leu Lys Ala Asp Lys Asp Tyr His Phe Lys

20 25 30

Val Asp Asn Asp Glu Asn Glu His Gln Leu Ser Leu Arg Thr Val Ser

35 40 45

Leu Gly Ala Gly Ala Lys Asp Glu Leu His Ile Val Glu Ala Glu Ala

50 55 60

Met Asn Tyr Glu Gly Ser Pro Ile Lys Val Thr Leu Ala Thr Leu Lys

65 70 75 80

Met Ser Val Gln Pro Thr Val Ser Leu Gly Gly Phe Glu Ile Thr Pro

85 90 95

Pro Val Val Leu Arg Leu Lys Cys Gly Ser Gly Pro Val His Ile Ser

100 105 110

Gly Gln His Leu Val Ala Val Glu Glu Asp Ala Glu Ser Glu Asp Glu

115 120 125

Glu Glu Glu Asp Val Lys Leu Leu Ser Ile Ser Gly Lys Arg Ser Ala

130 135 140

Pro Gly Gly Gly Ser Lys Val Pro Gln Lys Lys Val Lys Leu Ala Ala

145 150 155 160

Asp Glu Asp Asp Asp Asp Asp Asp Glu Glu Asp Asp Asp Glu Asp Asp

165 170 175

Asp Asp Asp Asp Phe Asp Asp Glu Glu Ala Glu Glu Lys Ala Pro Val

180 185 190

Lys Lys Ser Ile Arg Asp Thr Pro Ala Lys Asn Ala Gln Lys Ser Asn

195 200 205

Gln Asn Gly Lys Asp Ser Lys Pro Ser Ser Thr Pro Arg Ser Lys Gly

210 215 220

Gln Glu Ser Phe Lys Lys Gln Glu Lys Thr Pro Lys Thr Pro Lys Gly

225 230 235 240

Pro Ser Ser Val Glu Asp Ile Lys Ala Lys Met Gln Ala Ser Ile Glu

245 250 255

Lys Gly Gly Ser Leu Pro Lys Val Glu Ala Lys Phe Ile Asn Tyr Val

260 265 270

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

275 280 285

Gln Trp Arg Lys Ser Leu

290

<210> 554

<211> 1304

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NRCAM__Homo_sapiens__Q92823

<400> 554

Met Gln Leu Lys Ile Met Pro Lys Lys Lys Arg Leu Ser Ala Gly Arg

1 5 10 15

Val Pro Leu Ile Leu Phe Leu Cys Gln Met Ile Ser Ala Leu Glu Val

20 25 30

Pro Leu Asp Pro Lys Leu Leu Glu Asp Leu Val Gln Pro Pro Thr Ile

35 40 45

Thr Gln Gln Ser Pro Lys Asp Tyr Ile Ile Asp Pro Arg Glu Asn Ile

50 55 60

Val Ile Gln Cys Glu Ala Lys Gly Lys Pro Pro Pro Ser Phe Ser Trp

65 70 75 80

Thr Arg Asn Gly Thr His Phe Asp Ile Asp Lys Asp Pro Leu Val Thr

85 90 95

Met Lys Pro Gly Thr Gly Thr Leu Ile Ile Asn Ile Met Ser Glu Gly

100 105 110

Lys Ala Glu Thr Tyr Glu Gly Val Tyr Gln Cys Thr Ala Arg Asn Glu

115 120 125

Arg Gly Ala Ala Val Ser Asn Asn Ile Val Val Arg Pro Ser Arg Ser

130 135 140

Pro Leu Trp Thr Lys Glu Lys Leu Glu Pro Ile Thr Leu Gln Ser Gly

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val Leu Pro Cys Arg Pro Pro Ile Gly Leu Pro Pro Pro

165 170 175

Ile Ile Phe Trp Met Asp Asn Ser Phe Gln Arg Leu Pro Gln Ser Glu

180 185 190

Arg Val Ser Gln Gly Leu Asn Gly Asp Leu Tyr Phe Ser Asn Val Leu

195 200 205

Pro Glu Asp Thr Arg Glu Asp Tyr Ile Cys Tyr Ala Arg Phe Asn His

210 215 220

Thr Gln Thr Ile Gln Gln Lys Gln Pro Ile Ser Val Lys Val Ile Ser

225 230 235 240

Val Asp Glu Leu Asn Asp Thr Ile Ala Ala Asn Leu Ser Asp Thr Glu

245 250 255

Phe Tyr Gly Ala Lys Ser Ser Arg Glu Arg Pro Pro Thr Phe Leu Thr

260 265 270

Pro Glu Gly Asn Ala Ser Asn Lys Glu Glu Leu Arg Gly Asn Val Leu

275 280 285

Ser Leu Glu Cys Ile Ala Glu Gly Leu Pro Thr Pro Ile Ile Tyr Trp

290 295 300

Ala Lys Glu Asp Gly Met Leu Pro Lys Asn Arg Thr Val Tyr Lys Asn

305 310 315 320

Phe Glu Lys Thr Leu Gln Ile Ile His Val Ser Glu Ala Asp Ser Gly

325 330 335

Asn Tyr Gln Cys Ile Ala Lys Asn Ala Leu Gly Ala Ile His His Thr

340 345 350

Ile Ser Val Arg Val Lys Ala Ala Pro Tyr Trp Ile Thr Ala Pro Gln

355 360 365

Asn Leu Val Leu Ser Pro Gly Glu Asp Gly Thr Leu Ile Cys Arg Ala

370 375 380

Asn Gly Asn Pro Lys Pro Arg Ile Ser Trp Leu Thr Asn Gly Val Pro

385 390 395 400

Ile Glu Ile Ala Pro Asp Asp Pro Ser Arg Lys Ile Asp Gly Asp Thr

405 410 415

Ile Ile Phe Ser Asn Val Gln Glu Arg Ser Ser Ala Val Tyr Gln Cys

420 425 430

Asn Ala Ser Asn Glu Tyr Gly Tyr Leu Leu Ala Asn Ala Phe Val Asn

435 440 445

Val Leu Ala Glu Pro Pro Arg Ile Leu Thr Pro Ala Asn Thr Leu Tyr

450 455 460

Gln Val Ile Ala Asn Arg Pro Ala Leu Leu Asp Cys Ala Phe Phe Gly

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu His Glu Asp Ile Tyr Val Leu His Glu Asn Gly Thr Leu Glu Ile

500 505 510

Pro Val Ala Gln Lys Asp Ser Thr Gly Thr Tyr Thr Cys Val Ala Arg

515 520 525

Asn Lys Leu Gly Met Ala Lys Asn Glu Val His Leu Glu Ile Lys Asp

530 535 540

Pro Thr Trp Ile Val Lys Gln Pro Glu Tyr Ala Val Val Gln Arg Gly

545 550 555 560

Ser Met Val Ser Phe Glu Cys Lys Val Lys His Asp His Thr Leu Ser

565 570 575

Leu Thr Val Leu Trp Leu Lys Asp Asn Arg Glu Leu Pro Ser Asp Glu

580 585 590

Arg Phe Thr Val Asp Lys Asp His Leu Val Val Ala Asp Val Ser Asp

595 600 605

Asp Asp Ser Gly Thr Tyr Thr Cys Val Ala Asn Thr Thr Leu Asp Ser

610 615 620

Val Ser Ala Ser Ala Val Leu Ser Val Val Ala Pro Thr Pro Thr Pro

625 630 635 640

Ala Pro Val Tyr Asp Val Pro Asn Pro Pro Phe Asp Leu Glu Leu Thr

645 650 655

Asp Gln Leu Asp Lys Ser Val Gln Leu Ser Trp Thr Pro Gly Asp Asp

660 665 670

Asn Asn Ser Pro Ile Thr Lys Phe Ile Ile Glu Tyr Glu Asp Ala Met

675 680 685

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

705 710 715 720
Val Met Ala Val Asn Ser Ile Gly Lys Ser Leu Pro Ser Glu Ala Ser
725 730 735
Glu Gln Tyr Leu Thr Lys Ala Ser Glu Pro Asp Lys Asn Pro Thr Ala
740 745 750
Val Glu Gly Leu Gly Ser Glu Pro Asp Asn Leu Val Ile Thr Trp Lys
755 760 765
Pro Leu Asn Gly Phe Glu Ser Asn Gly Pro Gly Leu Gln Tyr Lys Val

770 775 780
Ser Trp Arg Gln Lys Asp Gly Asp Asp Glu Trp Thr Ser Val Val Val
785 790 795 800
Ala Asn Val Ser Lys Tyr Ile Val Ser Gly Thr Pro Thr Phe Val Pro
805 810 815
Tyr Leu Ile Lys Val Gln Ala Leu Asn Asp Met Gly Phe Ala Pro Glu
820 825 830
Pro Ala Val Val Met Gly His Ser Gly Glu Asp Leu Pro Met Val Ala

835 840 845
Pro Gly Asn Val Arg Val Asn Val Val Asn Ser Thr Leu Ala Glu Val
850 855 860
His Trp Asp Pro Val Pro Leu Lys Ser Ile Arg Gly His Leu Gln Gly
865 870 875 880
Tyr Arg Ile Tyr Tyr Trp Lys Thr Gln Ser Ser Ser Lys Arg Asn Arg
885 890 895
Arg His Ile Glu Lys Lys Ile Leu Thr Phe Gln Gly Ser Lys Thr His

900 905 910
Gly Met Leu Pro Gly Leu Glu Pro Phe Ser His Tyr Thr Leu Asn Val
915 920 925
Arg Val Val Asn Gly Lys Gly Glu Gly Pro Ala Ser Pro Asp Arg Val

930 935 940

Phe Asn Thr Pro Glu Gly Val Pro Ser Ala Pro Ser Ser Leu Lys Ile

945 950 955 960

Val Asn Pro Thr Leu Asp Ser Leu Thr Leu Glu Trp Asp Pro Pro Ser

965 970 975

His Pro Asn Gly Ile Leu Thr Glu Tyr Thr Leu Lys Tyr Gln Pro Ile

980 985 990

Asn Ser Thr His Glu Leu Gly Pro Leu Val Asp Leu Lys Ile Pro Ala

995 1000 1005

Asn Lys Thr Arg Trp Thr Leu Lys Asn Leu Asn Phe Ser Thr Arg

1010 1015 1020

Tyr Lys Phe Tyr Phe Tyr Ala Gln Thr Ser Ala Gly Ser Gly Ser

1025 1030 1035

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

1040 1045 1050

Leu Pro Pro Asp Val Gly Ala Gly Lys Val Gln Ala Val Asn Pro

1055 1060 1065

Arg Ile Ser Asn Leu Thr Ala Ala Ala Ala Glu Thr Tyr Ala Asn

1070 1075 1080

Ile Ser Trp Glu Tyr Glu Gly Pro Glu His Val Asn Phe Tyr Val

1085 1090 1095

Glu Tyr Gly Val Ala Gly Ser Lys Glu Glu Trp Arg Lys Glu Ile

1100 1105 1110

Val Asn Gly Ser Arg Ser Phe Phe Gly Leu Lys Gly Leu Met Pro

1115 1120 1125

Gly Thr Ala Tyr Lys Val Arg Val Gly Ala Val Gly Asp Ser Gly

1130 1135 1140

Phe Val Ser Ser Glu Asp Val Phe Glu Thr Gly Pro Ala Met Ala

1145 1150 1155

Ser Arg Gln Val Asp Ile Ala Thr Gln Gly Trp Phe Ile Gly Leu

1160 1165 1170

Met Cys Ala Val Ala Leu Leu Ile Leu Ile Leu Leu Ile Val Cys
1175 1180 1185
Phe Ile Arg Arg Asn Lys Gly Gly Lys Tyr Pro Val Lys Glu Lys
1190 1195 1200
Glu Asp Ala His Ala Asp Pro Glu Ile Gln Pro Met Lys Glu Asp

1205 1210 1215
Asp Gly Thr Phe Gly Glu Tyr Ser Asp Ala Glu Asp His Lys Pro
1220 1225 1230
Leu Lys Lys Gly Ser Arg Thr Pro Ser Asp Arg Thr Val Lys Lys
1235 1240 1245
Glu Asp Ser Asp Asp Ser Leu Val Asp Tyr Gly Glu Gly Val Asn
1250 1255 1260
Gly Gln Phe Asn Glu Asp Gly Ser Phe Ile Gly Gln Tyr Ser Gly

1265 1270 1275
Lys Lys Glu Lys Glu Pro Ala Glu Gly Asn Glu Ser Ser Glu Ala
1280 1285 1290
Pro Ser Pro Val Asn Ala Met Asn Ser Phe Val
1295 1300

<210> 555
<211> 434
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> NSE__Homo_sapiens__P09104
<400> 555
Met Ser Ile Glu Lys Ile Trp Ala Arg Glu Ile Leu Asp Ser Arg Gly
1 5 10 15

Asn Pro Thr Val Glu Val Asp Leu Tyr Thr Ala Lys Gly Leu Phe Arg
20 25 30
Ala Ala Val Pro Ser Gly Ala Ser Thr Gly Ile Tyr Glu Ala Leu Glu
35 40 45
Leu Arg Asp Gly Asp Lys Gln Arg Tyr Leu Gly Lys Gly Val Leu Lys
50 55 60

Ala Val Asp His Ile Asn Ser Thr Ile Ala Pro Ala Leu Ile Ser Ser
65 70 75 80

Gly Leu Ser Val Val Glu Gln Glu Lys Leu Asp Asn Leu Met Leu Glu
85 90 95

Leu Asp Gly Thr Glu Asn Lys Ser Lys Phe Gly Ala Asn Ala Ile Leu
100 105 110

Gly Val Ser Leu Ala Val Cys Lys Ala Gly Ala Ala Glu Arg Glu Leu
115 120 125

Pro Leu Tyr Arg His Ile Ala Gln Leu Ala Gly Asn Ser Asp Leu Ile
130 135 140

Leu Pro Val Pro Ala Phe Asn Val Ile Asn Gly Gly Ser His Ala Gly
145 150 155 160

Asn Lys Leu Ala Met Gln Glu Phe Met Ile Leu Pro Val Gly Ala Glu
165 170 175

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

Lys Gly Val Ile Lys Asp Lys Tyr Gly Lys Asp Ala Thr Asn Val Gly
195 200 205

Asp Glu Gly Gly Phe Ala Pro Asn Ile Leu Glu Asn Ser Glu Ala Leu
210 215 220

Glu Leu Val Lys Glu Ala Ile Asp Lys Ala Gly Tyr Thr Glu Lys Ile
225 230 235 240

Val Ile Gly Met Asp Val Ala Ala Ser Glu Phe Tyr Arg Asp Gly Lys
245 250 255

Tyr Asp Leu Asp Phe Lys Ser Pro Thr Asp Pro Ser Arg Tyr Ile Thr
260 265 270

Gly Asp Gln Leu Gly Ala Leu Tyr Gln Asp Phe Val Arg Asp Tyr Pro
275 280 285

Val Val Ser Ile Glu Asp Pro Phe Asp Gln Asp Asp Trp Ala Ala Trp
290 295 300

Ser Lys Phe Thr Ala Asn Val Gly Ile Gln Ile Val Gly Asp Asp Leu

305 310 315 320

Thr Val Thr Asn Pro Lys Arg Ile Glu Arg Ala Val Glu Glu Lys Ala

325 330 335

Cys Asn Cys Leu Leu Leu Lys Val Asn Gln Ile Gly Ser Val Thr Glu

340 345 350

Ala Ile Gln Ala Cys Lys Leu Ala Gln Glu Asn Gly Trp Gly Val Met

355 360 365

Val Ser His Arg Ser Gly Glu Thr Glu Asp Thr Phe Ile Ala Asp Leu

370 375 380

Val Val Gly Leu Cys Thr Gly Gln Ile Lys Thr Gly Ala Pro Cys Arg

385 390 395 400

Ser Glu Arg Leu Ala Lys Tyr Asn Gln Leu Met Arg Ile Glu Glu Glu

405 410 415

Leu Gly Asp Glu Ala Arg Phe Ala Gly His Asn Phe Arg Asn Pro Ser

420 425 430

Val Leu

<210> 556

<211> 464

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NUF2__Homo_sapiens__Q9BZD4

<400> 556

Met Glu Thr Leu Ser Phe Pro Arg Tyr Asn Val Ala Glu Ile Val Ile

1 5 10 15

His Ile Arg Asn Lys Ile Leu Thr Gly Ala Asp Gly Lys Asn Leu Thr

20 25 30

Lys Asn Asp Leu Tyr Pro Asn Pro Lys Pro Glu Val Leu His Met Ile

35 40 45

Tyr Met Arg Ala Leu Gln Ile Val Tyr Gly Ile Arg Leu Glu His Phe

50 55 60

Tyr Met Met Pro Val Asn Ser Glu Val Met Tyr Pro His Leu Met Glu

65 70 75 80

Gly Phe Leu Pro Phe Ser Asn Leu Val Thr His Leu Asp Ser Phe Leu
85 90 95
Pro Ile Cys Arg Val Asn Asp Phe Glu Thr Ala Asp Ile Leu Cys Pro
100 105 110
Lys Ala Lys Arg Thr Ser Arg Phe Leu Ser Gly Ile Ile Asn Phe Ile
115 120 125
His Phe Arg Glu Ala Cys Arg Glu Thr Tyr Met Glu Phe Leu Trp Gln
130 135 140

Tyr Lys Ser Ser Ala Asp Lys Met Gln Gln Leu Asn Ala Ala His Gln
145 150 155 160
Glu Ala Leu Met Lys Leu Glu Arg Leu Asp Ser Val Pro Val Glu Glu
165 170 175
Gln Glu Glu Phe Lys Gln Leu Ser Asp Gly Ile Gln Glu Leu Gln Gln
180 185 190
Ser Leu Asn Gln Asp Phe His Gln Lys Thr Ile Val Leu Gln Glu Gly
195 200 205

Asn Ser Gln Lys Lys Ser Asn Ile Ser Glu Lys Thr Lys Arg Leu Asn
210 215 220
Glu Leu Lys Leu Ser Val Val Ser Leu Lys Glu Ile Gln Glu Ser Leu
225 230 235 240
Lys Thr Lys Ile Val Asp Ser Pro Glu Lys Leu Lys Asn Tyr Lys Glu
245 250 255
Lys Met Lys Asp Thr Val Gln Lys Leu Lys Asn Ala Arg Gln Glu Val
260 265 270

Val Glu Lys Tyr Glu Ile Tyr Gly Asp Ser Val Asp Cys Leu Pro Ser
275 280 285
Cys Gln Leu Glu Val Gln Leu Tyr Gln Lys Lys Ile Gln Asp Leu Ser
290 295 300
Asp Asn Arg Glu Lys Leu Ala Ser Ile Leu Lys Glu Ser Leu Asn Leu
305 310 315 320

Glu Asp Gln Ile Glu Ser Asp Glu Ser Glu Leu Lys Lys Leu Lys Thr
325 330 335

Glu Glu Asn Ser Phe Lys Arg Leu Met Ile Val Lys Lys Glu Lys Leu
340 345 350
Ala Thr Ala Gln Phe Lys Ile Asn Lys Lys His Glu Asp Val Lys Gln
355 360 365
Tyr Lys Arg Thr Val Ile Glu Asp Cys Asn Lys Val Gln Glu Lys Arg
370 375 380
Gly Ala Val Tyr Glu Arg Val Thr Thr Ile Asn Gln Glu Ile Gln Lys
385 390 395 400

Ile Lys Leu Gly Ile Gln Gln Leu Lys Asp Ala Ala Glu Arg Glu Lys
405 410 415
Leu Lys Ser Gln Glu Ile Phe Leu Asn Leu Lys Thr Ala Leu Glu Lys
420 425 430
Tyr His Asp Gly Ile Glu Lys Ala Ala Glu Asp Ser Tyr Ala Lys Ile
435 440 445
Asp Glu Lys Thr Ala Glu Leu Lys Arg Lys Met Phe Lys Met Ser Thr
450 455 460

<210> 557
<211> 180
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> NY-ESO-1__Homo_sapiens__P78358
<400> 557
Met Gln Ala Glu Gly Arg Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gly Asp Ala Asp
1 5 10 15
Gly Pro Gly Gly Pro Gly Ile Pro Asp Gly Pro Gly Gly Asn Ala Gly
20 25 30
Gly Pro Gly Glu Ala Gly Ala Thr Gly Gly Arg Gly Pro Arg Gly Ala
35 40 45

Gly Ala Ala Arg Ala Ser Gly Pro Gly Gly Gly Ala Pro Arg Gly Pro

50 55 60

His Gly Gly Ala Ala Ser Gly Leu Asn Gly Cys Cys Arg Cys Gly Ala
65 70 75 80

Arg Gly Pro Glu Ser Arg Leu Leu Glu Phe Tyr Leu Ala Met Pro Phe
85 90 95

Ala Thr Pro Met Glu Ala Glu Leu Ala Arg Arg Ser Leu Ala Gln Asp
100 105 110

Ala Pro Pro Leu Pro Val Pro Gly Val Leu Leu Lys Glu Phe Thr Val
115 120 125

Ser Gly Asn Ile Leu Thr Ile Arg Leu Thr Ala Ala Asp His Arg Gln
130 135 140

Leu Gln Leu Ser Ile Ser Ser Cys Leu Gln Gln Leu Ser Leu Leu Met
145 150 155 160

Trp Ile Thr Gln Cys Phe Leu Pro Val Phe Leu Ala Gln Pro Pro Ser
165 170 175

Gly Gln Arg Arg
180

<210> 558

<211> 404

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> OA1__Homo_sapiens__P51810

<400> 558

Met Ala Ser Pro Arg Leu Gly Thr Phe Cys Cys Pro Thr Arg Asp Ala
1 5 10 15

Ala Thr Gln Leu Val Leu Ser Phe Gln Pro Arg Ala Phe His Ala Leu
20 25 30

Cys Leu Gly Ser Gly Gly Leu Arg Leu Ala Leu Gly Leu Leu Gln Leu
35 40 45

Leu Pro Gly Arg Arg Pro Ala Gly Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Pro
50 55 60

Pro Ala Ser Val Arg Ile Leu Arg Ala Ala Ala Ala Cys Asp Leu Leu

65 70 75 80

Gly Cys Leu Gly Met Val Ile Arg Ser Thr Val Trp Leu Gly Phe Pro

85 90 95

Asn Phe Val Asp Ser Val Ser Asp Met Asn His Thr Glu Ile Trp Pro

100 105 110

Ala Ala Phe Cys Val Gly Ser Ala Met Trp Ile Gln Leu Leu Tyr Ser

115 120 125

Ala Cys Phe Trp Trp Leu Phe Cys Tyr Ala Val Asp Ala Tyr Leu Val

130 135 140

Ile Arg Arg Ser Ala Gly Leu Ser Thr Ile Leu Leu Tyr His Ile Met

145 150 155 160

Ala Trp Gly Leu Ala Thr Leu Leu Cys Val Glu Gly Ala Ala Met Leu

165 170 175

Tyr Tyr Pro Ser Val Ser Arg Cys Glu Arg Gly Leu Asp His Ala Ile

180 185 190

Pro His Tyr Val Thr Met Tyr Leu Pro Leu Leu Leu Val Leu Val Ala

195 200 205

Asn Pro Ile Leu Phe Gln Lys Thr Val Thr Ala Val Ala Ser Leu Leu

210 215 220

Lys Gly Arg Gln Gly Ile Tyr Thr Glu Asn Glu Arg Arg Met Gly Ala

225 230 235 240

Val Ile Lys Ile Arg Phe Phe Lys Ile Met Leu Val Leu Ile Ile Cys

245 250 255

Trp Leu Ser Asn Ile Ile Asn Glu Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Glu Met

260 265 270

Gln Thr Asp Ile Asn Gly Gly Ser Leu Lys Pro Val Arg Thr Ala Ala

275 280 285

Lys Thr Thr Trp Phe Ile Met Gly Ile Leu Asn Pro Ala Gln Gly Phe

290 295 300

Leu Leu Ser Leu Ala Phe Tyr Gly Trp Thr Gly Cys Ser Leu Gly Phe

305 310 315 320

Gln Ser Pro Arg Lys Glu Ile Gln Trp Glu Ser Leu Thr Thr Ser Ala
325 330 335
Ala Glu Gly Ala His Pro Ser Pro Leu Met Pro His Glu Asn Pro Ala
340 345 350
Ser Gly Lys Val Ser Gln Val Gly Gly Gln Thr Ser Asp Glu Ala Leu
355 360 365

Ser Met Leu Ser Glu Gly Ser Asp Ala Ser Thr Ile Glu Ile His Thr
370 375 380
Ala Ser Glu Ser Cys Asn Lys Asn Glu Gly Asp Pro Ala Leu Pro Thr
385 390 395 400
His Gly Asp Leu
<210> 559
<211> 1046
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> OGT__Homo_sapiens__O15294
<400> 559
Met Ala Ser Ser Val Gly Asn Val Ala Asp Ser Thr Glu Pro Thr Lys
1 5 10 15

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

Ala Ile Lys Gln Asn Pro Leu Leu Ala Glu Ala Tyr Ser Asn Leu Gly
85 90 95
Asn Val Tyr Lys Glu Arg Gly Gln Leu Gln Glu Ala Ile Glu His Tyr
100 105 110
Arg His Ala Leu Arg Leu Lys Pro Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Ile Asn

115 120 125

Leu Ala Ala Ala Leu Val Ala Ala Gly Asp Met Glu Gly Ala Val Gln

130 135 140

Ala Tyr Val Ser Ala Leu Gln Tyr Asn Pro Asp Leu Tyr Cys Val Arg

145 150 155 160

Ser Asp Leu Gly Asn Leu Leu Lys Ala Leu Gly Arg Leu Glu Glu Ala

165 170 175

Lys Ala Cys Tyr Leu Lys Ala Ile Glu Thr Gln Pro Asn Phe Ala Val

180 185 190

Ala Trp Ser Asn Leu Gly Cys Val Phe Asn Ala Gln Gly Glu Ile Trp

195 200 205

Leu Ala Ile His His Phe Glu Lys Ala Val Thr Leu Asp Pro Asn Phe

210 215 220

Leu Asp Ala Tyr Ile Asn Leu Gly Asn Val Leu Lys Glu Ala Arg Ile

225 230 235 240

Phe Asp Arg Ala Val Ala Ala Tyr Leu Arg Ala Leu Ser Leu Ser Pro

245 250 255

Asn His Ala Val Val His Gly Asn Leu Ala Cys Val Tyr Tyr Glu Gln

260 265 270

Gly Leu Ile Asp Leu Ala Ile Asp Thr Tyr Arg Arg Ala Ile Glu Leu

275 280 285

Gln Pro His Phe Pro Asp Ala Tyr Cys Asn Leu Ala Asn Ala Leu Lys

290 295 300

Glu Lys Gly Ser Val Ala Glu Ala Glu Asp Cys Tyr Asn Thr Ala Leu

305 310 315 320

Arg Leu Cys Pro Thr His Ala Asp Ser Leu Asn Asn Leu Ala Asn Ile

325 330 335

Lys Arg Glu Gln Gly Asn Ile Glu Glu Ala Val Arg Leu Tyr Arg Lys

340 345 350

Ala Leu Glu Val Phe Pro Glu Phe Ala Ala Ala His Ser Asn Leu Ala

355 360 365

Ser Val Leu Gln Gln Gln Gly Lys Leu Gln Glu Ala Leu Met His Tyr
370 375 380
Lys Glu Ala Ile Arg Ile Ser Pro Thr Phe Ala Asp Ala Tyr Ser Asn
385 390 395 400

Met Gly Asn Thr Leu Lys Glu Met Gln Asp Val Gln Gly Ala Leu Gln
405 410 415
Cys Tyr Thr Arg Ala Ile Gln Ile Asn Pro Ala Phe Ala Asp Ala His
420 425 430
Ser Asn Leu Ala Ser Ile His Lys Asp Ser Gly Asn Ile Pro Glu Ala
435 440 445
Ile Ala Ser Tyr Arg Thr Ala Leu Lys Leu Lys Pro Asp Phe Pro Asp
450 455 460

Ala Tyr Cys Asn Leu Ala His Cys Leu Gln Ile Val Cys Asp Trp Thr
465 470 475 480
Asp Tyr Asp Glu Arg Met Lys Lys Leu Val Ser Ile Val Ala Asp Gln
485 490 495
Leu Glu Lys Asn Arg Leu Pro Ser Val His Pro His His Ser Met Leu
500 505 510
Tyr Pro Leu Ser His Gly Phe Arg Lys Ala Ile Ala Glu Arg His Gly
515 520 525

Asn Leu Cys Leu Asp Lys Ile Asn Val Leu His Lys Pro Pro Tyr Glu
530 535 540
His Pro Lys Asp Leu Lys Leu Ser Asp Gly Arg Leu Arg Val Gly Tyr
545 550 555 560
Val Ser Ser Asp Phe Gly Asn His Pro Thr Ser His Leu Met Gln Ser
565 570 575
Ile Pro Gly Met His Asn Pro Asp Lys Phe Glu Val Phe Cys Tyr Ala
580 585 590

Leu Ser Pro Asp Asp Gly Thr Asn Phe Arg Val Lys Val Met Ala Glu
595 600 605
Ala Asn His Phe Ile Asp Leu Ser Gln Ile Pro Cys Asn Gly Lys Ala

610 615 620

Ala Asp Arg Ile His Gln Asp Gly Ile His Ile Leu Val Asn Met Asn

625 630 635 640

Gly Tyr Thr Lys Gly Ala Arg Asn Glu Leu Phe Ala Leu Arg Pro Ala

645 650 655

Pro Ile Gln Ala Met Trp Leu Gly Tyr Pro Gly Thr Ser Gly Ala Leu

660 665 670

Phe Met Asp Tyr Ile Ile Thr Asp Gln Glu Thr Ser Pro Ala Glu Val

675 680 685

Ala Glu Gln Tyr Ser Glu Lys Leu Ala Tyr Met Pro His Thr Phe Phe

690 695 700

Ile Gly Asp His Ala Asn Met Phe Pro His Leu Lys Lys Lys Ala Val

705 710 715 720

Ile Asp Phe Lys Ser Asn Gly His Ile Tyr Asp Asn Arg Ile Val Leu

725 730 735

Asn Gly Ile Asp Leu Lys Ala Phe Leu Asp Ser Leu Pro Asp Val Lys

740 745 750

Ile Val Lys Met Lys Cys Pro Asp Gly Gly Asp Asn Ala Asp Ser Ser

755 760 765

Asn Thr Ala Leu Asn Met Pro Val Ile Pro Met Asn Thr Ile Ala Glu

770 775 780

Ala Val Ile Glu Met Ile Asn Arg Gly Gln Ile Gln Ile Thr Ile Asn

785 790 795 800

Gly Phe Ser Ile Ser Asn Gly Leu Ala Thr Thr Gln Ile Asn Asn Lys

805 810 815

Ala Ala Thr Gly Glu Glu Val Pro Arg Thr Ile Ile Val Thr Thr Arg

820 825 830

Ser Gln Tyr Gly Leu Pro Glu Asp Ala Ile Val Tyr Cys Asn Phe Asn

835 840 845

Gln Leu Tyr Lys Ile Asp Pro Ser Thr Leu Gln Met Trp Ala Asn Ile

850 855 860

Leu Lys Arg Val Pro Asn Ser Val Leu Trp Leu Leu Arg Phe Pro Ala
865 870 875 880
Val Gly Glu Pro Asn Ile Gln Gln Tyr Ala Gln Asn Met Gly Leu Pro
885 890 895
Gln Asn Arg Ile Ile Phe Ser Pro Val Ala Pro Lys Glu Glu His Val
900 905 910

Arg Arg Gly Gln Leu Ala Asp Val Cys Leu Asp Thr Pro Leu Cys Asn
915 920 925
Gly His Thr Thr Gly Met Asp Val Leu Trp Ala Gly Thr Pro Met Val
930 935 940
Thr Met Pro Gly Glu Thr Leu Ala Ser Arg Val Ala Ala Ser Gln Leu
945 950 955 960
Thr Cys Leu Gly Cys Leu Glu Leu Ile Ala Lys Asn Arg Gln Glu Tyr
965 970 975

Glu Asp Ile Ala Val Lys Leu Gly Thr Asp Leu Glu Tyr Leu Lys Lys
980 985 990
Val Arg Gly Lys Val Trp Lys Gln Arg Ile Ser Ser Pro Leu Phe Asn
995 1000 1005
Thr Lys Gln Tyr Thr Met Glu Leu Glu Arg Leu Tyr Leu Gln Met
1010 1015 1020
Trp Glu His Tyr Ala Ala Gly Asn Lys Pro Asp His Met Ile Lys
1025 1030 1035

Pro Val Glu Val Thr Glu Ser Ala
1040 1045

<210> 560
<211> 146
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> OS-9__Homo_sapiens__B4DH11
<400> 560
Met Ala Ala Glu Thr Leu Leu Ser Ser Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15

Gly Leu Leu Leu Pro Ala Ser Leu Thr Gly Gly Val Gly Ser Leu Asn

20 25 30

Leu Glu Glu Leu Ser Glu Met Arg Tyr Gly Ile Glu Ile Leu Pro Leu

35 40 45

Pro Val Met Gly Gly Gln Ser Gln Ser Ser Asp Val Val Ile Val Ser

50 55 60

Ser Lys Tyr Lys Gln Arg Tyr Glu Cys Arg Leu Pro Val Gly Ala Ile

65 70 75 80

His Phe Gln Arg Glu Arg Glu Glu Glu Thr Pro Ala Tyr Gln Gly Pro

85 90 95

Gly Ile Pro Glu Leu Leu Ser Pro Met Arg Asp Ala Pro Cys Leu Leu

100 105 110

Lys Thr Lys Asp Trp Trp Thr Tyr Glu Phe Cys Tyr Gly Arg His Ile

115 120 125

Gln Gln Tyr His Met Glu Asp Ser Glu Ile Lys Gly Leu Gln Ala Ala

130 135 140

Ser Ser

145

<210> 561

<211> 406

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> OS-9__Homo_sapiens__B4E321

<400> 561

Met Ala Ala Glu Thr Leu Leu Ser Ser Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Gly Leu Leu Leu Pro Ala Ser Leu Thr Gly Gly Val Gly Ser Leu Asn

20 25 30

Leu Glu Glu Leu Ser Glu Met Arg Tyr Gly Ile Glu Ile Leu Pro Leu

35 40 45

Pro Val Met Gly Gly Gln Ser Gln Ser Ser Asp Val Val Ile Val Ser

50 55 60

Ser Lys Tyr Lys Gln Arg Tyr Glu Cys Arg Leu Pro Ala Gly Ala Ile

65 70 75 80

His Phe Gln Arg Glu Arg Glu Glu Glu Thr Pro Ala Tyr Gln Gly Pro

85 90 95

Gly Ile Pro Glu Leu Leu Ser Pro Met Arg Asp Ala Pro Cys Leu Leu

100 105 110

Lys Thr Lys Asp Trp Trp Thr Tyr Glu Phe Cys Tyr Gly Arg His Ile

115 120 125

Gln Gln Tyr His Met Glu Asp Ser Ala Ser Gly Ala Pro Asn Asp Phe

130 135 140

Gln Asn Asn Val Gln Val Lys Val Ile Arg Ser Pro Ala Asp Leu Ile

145 150 155 160

Arg Phe Ile Glu Glu Leu Lys Gly Gly Thr Lys Lys Gly Lys Pro Asn

165 170 175

Ile Gly Gln Glu Gln Pro Val Asp Asp Ala Ala Glu Val Pro Gln Arg

180 185 190

Glu Pro Glu Lys Glu Arg Gly Asp Pro Glu Arg Gln Arg Glu Met Glu

195 200 205

Glu Glu Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Arg

210 215 220

Gln Leu Leu Gly Glu Phe Glu Lys Glu Leu Glu Gly Ile Leu Leu Pro

225 230 235 240

Ser Asp Arg Asp Arg Leu Arg Ser Glu Val Lys Ala Gly Met Glu Arg

245 250 255

Glu Leu Glu Asn Ile Ile Gln Glu Thr Glu Lys Glu Leu Asp Pro Asp

260 265 270

Gly Leu Lys Lys Glu Ser Glu Arg Asp Arg Ala Met Leu Ala Leu Thr

275 280 285

Ser Thr Leu Asn Lys Leu Ile Lys Arg Leu Glu Glu Lys Gln Ser Pro

290 295 300

Glu Leu Val Lys Lys His Lys Lys Lys Arg Val Val Pro Lys Lys Pro

305 310 315 320

Pro Pro Ser Pro Gln Pro Thr Gly Lys Ile Glu Ile Lys Ile Val Arg

325 330 335

Pro Trp Ala Glu Gly Thr Glu Glu Gly Ala Arg Trp Leu Thr Asp Glu

340 345 350

Asp Thr Arg Asn Leu Lys Glu Ile Phe Phe Asn Ile Leu Val Pro Gly

355 360 365

Ala Glu Glu Ala Gln Lys Glu Arg Gln Arg Gln Lys Glu Leu Glu Ser

370 375 380

Asn Tyr Arg Arg Val Trp Gly Ser Pro Gly Gly Glu Gly Thr Gly Asp

385 390 395 400

Leu Asp Glu Phe Asp Phe

405

<210> 562

<211> 740

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> OS-9__Homo_sapiens__B7Z8E7

<400> 562

Met Ala Val Glu Thr Leu Leu Ser Ser Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Gly Leu Leu Leu Pro Ala Ser Leu Thr Gly Gly Val Gly Ser Leu Asn

20 25 30

Leu Glu Glu Leu Ser Glu Met Arg Tyr Gly Ile Glu Ile Leu Pro Leu

35 40 45

Pro Val Met Gly Gly Gln Ser Gln Ser Ser Asp Val Val Ile Val Ser

50 55 60

Ser Lys Tyr Lys Gln Arg Tyr Glu Cys Arg Leu Pro Ala Gly Ala Ile

65 70 75 80

His Phe Gln Arg Glu Arg Glu Glu Glu Thr Pro Ala Tyr Gln Gly Pro

85 90 95

Gly Ile Pro Glu Leu Leu Ser Pro Met Arg Asp Ala Pro Cys Leu Leu

100 105 110

Lys Thr Lys Asp Trp Trp Thr Tyr Glu Phe Cys Tyr Gly Arg His Ile

115 120 125

Gln Gln Tyr His Met Glu Asp Ser Glu Ile Lys Gly Glu Val Leu Tyr

130 135 140

Leu Gly Tyr Tyr Gln Ser Ala Phe Asp Trp Asp Asp Glu Thr Ala Lys

145 150 155 160

Ala Ser Lys Gln His Arg Leu Lys Arg Tyr His Ser Gln Thr Tyr Gly

165 170 175

Asn Gly Ser Lys Cys Asp Leu Asn Gly Arg Pro Arg Glu Ala Glu Val

180 185 190

Arg Phe Leu Cys Asp Glu Gly Ala Gly Ile Ser Gly Asp Tyr Ile Asp

195 200 205

Arg Val Asp Glu Pro Leu Ser Cys Ser Tyr Val Leu Thr Ile Arg Thr

210 215 220

Pro Arg Leu Cys Pro His Pro Leu Leu Arg Pro Pro Pro Ser Ala Ala

225 230 235 240

Pro Gln Ala Ile Leu Cys His Pro Ser Leu Gln Pro Glu Glu Tyr Met

245 250 255

Ala Tyr Val Gln Arg Gln Ala Asp Ser Lys Gln Tyr Gly Asp Lys Ile

260 265 270

Ile Glu Glu Leu Gln Asp Leu Gly Pro Gln Val Trp Ser Glu Thr Lys

275 280 285

Ser Gly Val Ala Pro Gln Lys Met Ala Gly Arg Thr Leu Phe His Leu

290 295 300

Phe Arg Glu Ile His Phe His Phe Phe Pro Ser Pro Asp Leu Thr Val

305 310 315 320

Leu Thr Asp Trp Trp Gly Gly Gly Gly Val Glu Lys Tyr His Gly Pro

325 330 335

Ser Ser Leu Gly Asp Arg Gly Gly Glu Gly Thr Pro Ser Tyr Leu Leu

340 345 350

Pro Ser Val Ser Pro Leu Leu Ser Asp Gln Ser Leu Pro Val Leu Cys

355 360 365

Thr Leu Gly Ala Ser Pro Thr Lys Asp Asp Ser Lys Asp Ser Asp Phe

370 375 380

Trp Lys Met Leu Asn Glu Pro Glu Asp Gln Ala Pro Gly Gly Glu Glu

385 390 395 400

Val Pro Ala Glu Glu Gln Asp Pro Ser Pro Glu Ala Ala Asp Ser Ala

405 410 415

Ser Gly Ala Pro Asn Asp Phe Gln Asn Asn Val Gln Val Lys Val Ile

420 425 430

Arg Ser Pro Ala Asp Leu Ile Arg Phe Ile Glu Glu Leu Lys Gly Gly

435 440 445

Thr Lys Lys Gly Lys Pro Asn Ile Gly Gln Glu Gln Pro Val Asp Asp

450 455 460

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

465 470 475 480

Glu Arg Gln Arg Glu Met Glu Glu Glu Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu

485 490 495

Asp Glu Asp Glu Asp Glu Arg Gln Leu Leu Gly Glu Phe Glu Lys Glu

500 505 510

Leu Glu Gly Ile Leu Leu Pro Ser Asp Arg Asp Arg Leu Arg Ser Glu

515 520 525

Val Lys Ala Gly Met Glu Arg Glu Leu Glu Asn Ile Ile Gln Glu Thr

530 535 540

Glu Lys Glu Leu Asp Pro Asp Gly Leu Lys Lys Glu Ser Glu Arg Asp

545 550 555 560

Arg Ala Met Leu Ala Leu Thr Ser Thr Leu Asn Lys Leu Ile Lys Arg

565 570 575

Leu Glu Glu Lys Gln Ser Pro Glu Leu Val Lys Lys His Lys Lys Lys

580 585 590

Arg Val Val Pro Lys Lys Pro Pro Pro Ser Pro Gln Pro Thr Glu Glu
595 600 605
Asp Pro Glu His Arg Val Arg Val Arg Val Thr Lys Leu Arg Leu Gly

610 615 620
Gly Pro Asn Gln Asp Leu Thr Val Leu Glu Met Lys Arg Glu Asn Pro
625 630 635 640
Gln Leu Lys Gln Ile Glu Gly Leu Val Lys Glu Leu Leu Glu Arg Glu
645 650 655
Gly Leu Thr Ala Ala Gly Lys Ile Glu Ile Lys Ile Val Arg Pro Trp
660 665 670
Ala Glu Gly Thr Glu Glu Gly Ala Arg Trp Leu Thr Asp Glu Asp Thr

675 680 685
Arg Asn Leu Lys Glu Ile Phe Phe Asn Ile Leu Val Pro Gly Ala Glu
690 695 700
Glu Ala Gln Lys Glu Arg Gln Arg Gln Lys Glu Leu Glu Ser Asn Tyr
705 710 715 720
Arg Arg Val Trp Gly Ser Pro Gly Gly Glu Gly Thr Gly Asp Leu Asp
725 730 735
Glu Phe Asp Phe
740

<210> 563

<211> 667
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> OS-9__Homo_sapiens__Q13438
<400> 563
Met Ala Ala Glu Thr Leu Leu Ser Ser Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15
Gly Leu Leu Leu Pro Ala Ser Leu Thr Gly Gly Val Gly Ser Leu Asn
20 25 30
Leu Glu Glu Leu Ser Glu Met Arg Tyr Gly Ile Glu Ile Leu Pro Leu
35 40 45

Pro Val Met Gly Gly Gln Ser Gln Ser Ser Asp Val Val Ile Val Ser

50 55 60

Ser Lys Tyr Lys Gln Arg Tyr Glu Cys Arg Leu Pro Ala Gly Ala Ile

65 70 75 80

His Phe Gln Arg Glu Arg Glu Glu Glu Thr Pro Ala Tyr Gln Gly Pro

85 90 95

Gly Ile Pro Glu Leu Leu Ser Pro Met Arg Asp Ala Pro Cys Leu Leu

100 105 110

Lys Thr Lys Asp Trp Trp Thr Tyr Glu Phe Cys Tyr Gly Arg His Ile

115 120 125

Gln Gln Tyr His Met Glu Asp Ser Glu Ile Lys Gly Glu Val Leu Tyr

130 135 140

Leu Gly Tyr Tyr Gln Ser Ala Phe Asp Trp Asp Asp Glu Thr Ala Lys

145 150 155 160

Ala Ser Lys Gln His Arg Leu Lys Arg Tyr His Ser Gln Thr Tyr Gly

165 170 175

Asn Gly Ser Lys Cys Asp Leu Asn Gly Arg Pro Arg Glu Ala Glu Val

180 185 190

Arg Phe Leu Cys Asp Glu Gly Ala Gly Ile Ser Gly Asp Tyr Ile Asp

195 200 205

Arg Val Asp Glu Pro Leu Ser Cys Ser Tyr Val Leu Thr Ile Arg Thr

210 215 220

Pro Arg Leu Cys Pro His Pro Leu Leu Arg Pro Pro Pro Ser Ala Ala

225 230 235 240

Pro Gln Ala Ile Leu Cys His Pro Ser Leu Gln Pro Glu Glu Tyr Met

245 250 255

Ala Tyr Val Gln Arg Gln Ala Asp Ser Lys Gln Tyr Gly Asp Lys Ile

260 265 270

Ile Glu Glu Leu Gln Asp Leu Gly Pro Gln Val Trp Ser Glu Thr Lys

275 280 285

Ser Gly Val Ala Pro Gln Lys Met Ala Gly Ala Ser Pro Thr Lys Asp

290 295 300

Asp Ser Lys Asp Ser Asp Phe Trp Lys Met Leu Asn Glu Pro Glu Asp

305 310 315 320

Gln Ala Pro Gly Gly Glu Glu Val Pro Ala Glu Glu Gln Asp Pro Ser

325 330 335

Pro Glu Ala Ala Asp Ser Ala Ser Gly Ala Pro Asn Asp Phe Gln Asn

340 345 350

Asn Val Gln Val Lys Val Ile Arg Ser Pro Ala Asp Leu Ile Arg Phe

355 360 365

Ile Glu Glu Leu Lys Gly Gly Thr Lys Lys Gly Lys Pro Asn Ile Gly

370 375 380

Gln Glu Gln Pro Val Asp Asp Ala Ala Glu Val Pro Gln Arg Glu Pro

385 390 395 400

Glu Lys Glu Arg Gly Asp Pro Glu Arg Gln Arg Glu Met Glu Glu Glu

405 410 415

Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Arg Gln Leu

420 425 430

Leu Gly Glu Phe Glu Lys Glu Leu Glu Gly Ile Leu Leu Pro Ser Asp

435 440 445

Arg Asp Arg Leu Arg Ser Glu Val Lys Ala Gly Met Glu Arg Glu Leu

450 455 460

Glu Asn Ile Ile Gln Glu Thr Glu Lys Glu Leu Asp Pro Asp Gly Leu

465 470 475 480

Lys Lys Glu Ser Glu Arg Asp Arg Ala Met Leu Ala Leu Thr Ser Thr

485 490 495

Leu Asn Lys Leu Ile Lys Arg Leu Glu Glu Lys Gln Ser Pro Glu Leu

500 505 510

Val Lys Lys His Lys Lys Lys Arg Val Val Pro Lys Lys Pro Pro Pro

515 520 525

Ser Pro Gln Pro Thr Glu Glu Asp Pro Glu His Arg Val Arg Val Arg

530 535 540

Val Thr Lys Leu Arg Leu Gly Gly Pro Asn Gln Asp Leu Thr Val Leu
545 550 555 560
Glu Met Lys Arg Glu Asn Pro Gln Leu Lys Gln Ile Glu Gly Leu Val

565 570 575
Lys Glu Leu Leu Glu Arg Glu Gly Leu Thr Ala Ala Gly Lys Ile Glu
580 585 590
Ile Lys Ile Val Arg Pro Trp Ala Glu Gly Thr Glu Glu Gly Ala Arg
595 600 605
Trp Leu Thr Asp Glu Asp Thr Arg Asn Leu Lys Glu Ile Phe Phe Asn
610 615 620
Ile Leu Val Pro Gly Ala Glu Glu Ala Gln Lys Glu Arg Gln Arg Gln

625 630 635 640
Lys Glu Leu Glu Ser Asn Tyr Arg Arg Val Trp Gly Ser Pro Gly Gly
645 650 655
Glu Gly Thr Gly Asp Leu Asp Glu Phe Asp Phe
660 665

<210> 564
<211> 100
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> osteocalcin__Homo_sapiens__P02818
<400> 564
Met Arg Ala Leu Thr Leu Leu Ala Leu Leu Ala Leu Ala Ala Leu Cys
1 5 10 15

Ile Ala Gly Gln Ala Gly Ala Lys Pro Ser Gly Ala Glu Ser Ser Lys
20 25 30
Gly Ala Ala Phe Val Ser Lys Gln Glu Gly Ser Glu Val Val Lys Arg
35 40 45
Pro Arg Arg Tyr Leu Tyr Gln Trp Leu Gly Ala Pro Val Pro Tyr Pro
50 55 60
Asp Pro Leu Glu Pro Arg Arg Glu Val Cys Glu Leu Asn Pro Asp Cys

65 70 75 80

Asp Glu Leu Ala Asp His Ile Gly Phe Gln Glu Ala Tyr Arg Arg Phe
85 90 95

Tyr Gly Pro Val
100

<210> 565

<211> 314

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> osteopontin__Homo_sapiens__A0A024RDE2

<400> 565

Met Arg Ile Ala Val Ile Cys Phe Cys Leu Leu Gly Ile Thr Cys Ala
1 5 10 15

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

Tyr Asn Lys Tyr Pro Asp Ala Val Ala Thr Trp Leu Asn Pro Asp Pro
35 40 45

Ser Gln Lys Gln Asn Leu Leu Ala Pro Gln Asn Ala Val Ser Ser Glu
50 55 60

Glu Thr Asn Asp Phe Lys Gln Glu Thr Leu Pro Ser Lys Ser Asn Glu
65 70 75 80

Ser His Asp His Met Asp Asp Met Asp Asp Glu Asp Asp Asp Asp His
85 90 95

Val Asp Ser Gln Asp Ser Ile Asp Ser Asn Asp Ser Asp Asp Val Asp
100 105 110

Asp Thr Asp Asp Ser His Gln Ser Asp Glu Ser His His Ser Asp Glu
115 120 125

Ser Asp Glu Leu Val Thr Asp Phe Pro Thr Asp Leu Pro Ala Thr Glu
130 135 140

Val Phe Thr Pro Val Val Pro Thr Val Asp Thr Tyr Asp Gly Arg Gly
145 150 155 160

Asp Ser Val Val Tyr Gly Leu Arg Ser Lys Ser Lys Lys Phe Arg Arg
165 170 175
Pro Asp Ile Gln Tyr Pro Asp Ala Thr Asp Glu Asp Ile Thr Ser His
180 185 190
Met Glu Ser Glu Glu Leu Asn Gly Ala Tyr Lys Ala Ile Pro Val Ala
195 200 205
Gln Asp Leu Asn Ala Pro Ser Asp Trp Asp Ser Arg Gly Lys Asp Ser
210 215 220

Tyr Glu Thr Ser Gln Leu Asp Asp Gln Ser Ala Glu Thr His Ser His
225 230 235 240
Lys Gln Ser Arg Leu Tyr Lys Arg Lys Ala Asn Asp Glu Ser Asn Glu
245 250 255
His Ser Asp Val Ile Asp Ser Gln Glu Leu Ser Lys Val Ser Arg Glu
260 265 270
Phe His Ser His Glu Phe His Ser His Glu Asp Met Leu Val Val Asp
275 280 285

Pro Lys Ser Lys Glu Glu Asp Lys His Leu Lys Phe Arg Ile Ser His
290 295 300
Glu Leu Asp Ser Ala Ser Ser Glu Val Asn
305 310
<210> 566
<211> 300
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> osteopontin__Homo_sapiens__A0A024RDE6
<400> 566
Met Arg Ile Ala Val Ile Cys Phe Cys Leu Leu Gly Ile Thr Cys Ala
1 5 10 15
Ile Pro Val Lys Gln Ala Asp Ser Gly Ser Ser Glu Glu Lys Gln Leu

20 25 30
Tyr Asn Lys Tyr Pro Asp Ala Val Ala Thr Trp Leu Asn Pro Asp Pro
35 40 45

Ser Gln Lys Gln Asn Leu Leu Ala Pro Gln Thr Leu Pro Ser Lys Ser
50 55 60
Asn Glu Ser His Asp His Met Asp Asp Met Asp Asp Glu Asp Asp Asp
65 70 75 80
Asp His Val Asp Ser Gln Asp Ser Ile Asp Ser Asn Asp Ser Asp Asp

85 90 95
Val Asp Asp Thr Asp Asp Ser His Gln Ser Asp Glu Ser His His Ser
100 105 110
Asp Glu Ser Asp Glu Leu Val Thr Asp Phe Pro Thr Asp Leu Pro Ala
115 120 125
Thr Glu Val Phe Thr Pro Val Val Pro Thr Val Asp Thr Tyr Asp Gly
130 135 140
Arg Gly Asp Ser Val Val Tyr Gly Leu Arg Ser Lys Ser Lys Lys Phe

145 150 155 160
Arg Arg Pro Asp Ile Gln Tyr Pro Asp Ala Thr Asp Glu Asp Ile Thr
165 170 175
Ser His Met Glu Ser Glu Glu Leu Asn Gly Ala Tyr Lys Ala Ile Pro
180 185 190
Val Ala Gln Asp Leu Asn Ala Pro Ser Asp Trp Asp Ser Arg Gly Lys
195 200 205
Asp Ser Tyr Glu Thr Ser Gln Leu Asp Asp Gln Ser Ala Glu Thr His

210 215 220
Ser His Lys Gln Ser Arg Leu Tyr Lys Arg Lys Ala Asn Asp Glu Ser
225 230 235 240
Asn Glu His Ser Asp Val Ile Asp Ser Gln Glu Leu Ser Lys Val Ser
245 250 255
Arg Glu Phe His Ser His Glu Phe His Ser His Glu Asp Met Leu Val
260 265 270
Val Asp Pro Lys Ser Lys Glu Glu Asp Lys His Leu Lys Phe Arg Ile

275 280 285
Ser His Glu Leu Asp Ser Ala Ser Ser Glu Val Asn

290 295 300

<210> 567

<211> 287

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> osteopontin__Homo_sapiens__A0A024RDJ0

<400> 567

Met Arg Ile Ala Val Ile Cys Phe Cys Leu Leu Gly Ile Thr Cys Ala
1 5 10 15

Ile Pro Val Lys Gln Ala Asp Ser Gly Ser Ser Glu Glu Lys Gln Asn
20 25 30

Ala Val Ser Ser Glu Glu Thr Asn Asp Phe Lys Gln Glu Thr Leu Pro
35 40 45

Ser Lys Ser Asn Glu Ser His Asp His Met Asp Asp Met Asp Asp Glu
50 55 60

Asp Asp Asp Asp His Val Asp Ser Gln Asp Ser Ile Asp Ser Asn Asp
65 70 75 80

Ser Asp Asp Val Asp Asp Thr Asp Asp Ser His Gln Ser Asp Glu Ser
85 90 95

His His Ser Asp Glu Ser Asp Glu Leu Val Thr Asp Phe Pro Thr Asp
100 105 110

Leu Pro Ala Thr Glu Val Phe Thr Pro Val Val Pro Thr Val Asp Thr
115 120 125

Tyr Asp Gly Arg Gly Asp Ser Val Val Tyr Gly Leu Arg Ser Lys Ser
130 135 140

Lys Lys Phe Arg Arg Pro Asp Ile Gln Tyr Pro Asp Ala Thr Asp Glu
145 150 155 160

Asp Ile Thr Ser His Met Glu Ser Glu Glu Leu Asn Gly Ala Tyr Lys
165 170 175

Ala Ile Pro Val Ala Gln Asp Leu Asn Ala Pro Ser Asp Trp Asp Ser
180 185 190

Arg Gly Lys Asp Ser Tyr Glu Thr Ser Gln Leu Asp Asp Gln Ser Ala

195 200 205

Glu Thr His Ser His Lys Gln Ser Arg Leu Tyr Lys Arg Lys Ala Asn

210 215 220

Asp Glu Ser Asn Glu His Ser Asp Val Ile Asp Ser Gln Glu Leu Ser

225 230 235 240

Lys Val Ser Arg Glu Phe His Ser His Glu Phe His Ser His Glu Asp

245 250 255

Met Leu Val Val Asp Pro Lys Ser Lys Glu Glu Asp Lys His Leu Lys

260 265 270

Phe Arg Ile Ser His Glu Leu Asp Ser Ala Ser Ser Glu Val Asn

275 280 285

<210> 568

<211> 327

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> osteopontin__Homo_sapiens__B7Z351

<400> 568

Met Gly Ile Val Pro Arg Ser Leu Asp Lys Lys Ala His Arg Val Gln

1 5 10 15

Phe Gln Leu Asn Arg Ile Lys Ala Lys Ile Glu Leu Pro Trp Gly Ser

20 25 30

Leu Gln Leu Asp Cys Leu Met Lys Thr Leu Lys Glu Leu Tyr Asn Lys

35 40 45

Tyr Pro Asp Ala Val Ala Thr Trp Leu Asn Pro Asp Pro Ser Gln Lys

50 55 60

Gln Asn Leu Leu Ala Pro Gln Asn Ala Val Ser Ser Glu Glu Thr Asn

65 70 75 80

Asp Phe Lys Gln Glu Thr Leu Pro Ser Lys Ser Asn Glu Ser His Asp

85 90 95

His Met Asp Asp Met Asp Asp Glu Asp Asp Asp Asp His Val Asp Ser

100 105 110

Gln Asp Ser Ile Asp Ser Asn Asp Ser Asp Asp Val Asp Asp Thr Asp
115 120 125

Asp Ser His Gln Ser Asp Glu Ser His His Ser Asp Glu Ser Asp Glu
130 135 140

Leu Val Thr Asp Phe Pro Thr Asp Leu Pro Ala Thr Glu Val Phe Thr
145 150 155 160

Pro Val Val Pro Thr Val Asp Thr Tyr Asp Gly Arg Gly Asp Ser Val
165 170 175

Val Tyr Gly Leu Arg Ser Lys Ser Lys Lys Phe Arg Arg Pro Asp Ile
180 185 190

Gln Tyr Pro Asp Ala Thr Asp Glu Asp Ile Thr Ser His Met Glu Ser
195 200 205

Glu Glu Leu Asn Gly Ala Tyr Lys Ala Ile Pro Val Ala Gln Asp Leu
210 215 220

Asn Ala Pro Ser Asp Trp Asp Ser Arg Gly Lys Asp Ser Tyr Glu Thr
225 230 235 240

Ser Gln Leu Asp Asp Gln Ser Ala Glu Thr His Ser His Lys Gln Ser
245 250 255

Arg Leu Tyr Lys Arg Lys Ala Asn Asp Glu Ser Asn Glu His Ser Asp
260 265 270

Val Ile Asp Ser Gln Glu Leu Ser Lys Val Ser Arg Glu Phe His Ser
275 280 285

His Glu Phe His Ser His Glu Asp Met Leu Val Val Asp Pro Lys Ser
290 295 300

Lys Glu Glu Asp Lys His Leu Lys Phe Arg Ile Ser His Glu Leu Asp
305 310 315 320

Ser Ala Ser Ser Glu Val Asn
325

<210> 569

<211> 292

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> osteopontin__Homo_sapiens__F2YQ21

<400> 569

Met Arg Ile Ala Val Ile Cys Phe Cys Leu Leu Gly Ile Thr Cys Ala
1 5 10 15

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

Tyr Asn Lys Tyr Pro Asp Ala Val Ala Thr Trp Leu Asn Pro Asp Pro
35 40 45

Ser Gln Lys Gln Asn Leu Leu Ala Pro Gln Asn Ala Val Ser Ser Glu
50 55 60

Glu Thr Asn Asp Phe Lys Gln Glu Thr Leu Pro Ser Lys Ser Asn Glu
65 70 75 80

Ser His Asp His Met Asp Asp Met Asp Asp Glu Asp Asp Asp Ser His
85 90 95

Gln Ser Asp Glu Ser His His Ser Asp Glu Ser Asp Glu Leu Val Thr
100 105 110

Asp Phe Pro Thr Asp Leu Pro Ala Thr Glu Val Phe Thr Pro Val Val
115 120 125

Pro Thr Val Asp Thr Tyr Asp Gly Arg Gly Asp Ser Val Val Tyr Gly
130 135 140

Leu Arg Ser Lys Ser Lys Lys Phe Arg Arg Pro Asp Ile Gln Tyr Pro
145 150 155 160

Asp Ala Thr Asp Glu Asp Ile Thr Ser His Met Glu Ser Glu Glu Leu
165 170 175

Asn Gly Ala Tyr Lys Ala Ile Pro Val Ala Gln Asp Leu Asn Ala Pro
180 185 190

Ser Asp Trp Asp Ser Arg Gly Lys Asp Ser Tyr Glu Thr Ser Gln Leu
195 200 205

Asp Asp Gln Ser Ala Glu Thr His Ser His Lys Gln Ser Arg Leu Tyr
210 215 220

Lys Arg Lys Ala Asn Asp Glu Ser Asn Glu His Ser Asp Val Ile Asp

225 230 235 240

Ser Gln Glu Leu Ser Lys Val Ser Arg Glu Phe His Ser His Glu Phe

245 250 255

His Ser His Glu Asp Met Leu Val Val Asp Pro Lys Ser Lys Glu Glu

260 265 270

Asp Lys His Leu Lys Phe Arg Ile Ser His Glu Leu Asp Ser Ala Ser

275 280 285

Ser Glu Val Asn

290

<210> 570

<211> 314

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> osteopontin__Homo_sapiens__P10451

<400> 570

Met Arg Ile Ala Val Ile Cys Phe Cys Leu Leu Gly Ile Thr Cys Ala

1 5 10 15

Ile Pro Val Lys Gln Ala Asp Ser Gly Ser Ser Glu Glu Lys Gln Leu

20 25 30

Tyr Asn Lys Tyr Pro Asp Ala Val Ala Thr Trp Leu Asn Pro Asp Pro

35 40 45

Ser Gln Lys Gln Asn Leu Leu Ala Pro Gln Asn Ala Val Ser Ser Glu

50 55 60

Glu Thr Asn Asp Phe Lys Gln Glu Thr Leu Pro Ser Lys Ser Asn Glu

65 70 75 80

Ser His Asp His Met Asp Asp Met Asp Asp Glu Asp Asp Asp Asp His

85 90 95

Val Asp Ser Gln Asp Ser Ile Asp Ser Asn Asp Ser Asp Asp Val Asp

100 105 110

Asp Thr Asp Asp Ser His Gln Ser Asp Glu Ser His His Ser Asp Glu

115 120 125

Ser Asp Glu Leu Val Thr Asp Phe Pro Thr Asp Leu Pro Ala Thr Glu

130 135 140

Val Phe Thr Pro Val Val Pro Thr Val Asp Thr Tyr Asp Gly Arg Gly
145 150 155 160

Asp Ser Val Val Tyr Gly Leu Arg Ser Lys Ser Lys Lys Phe Arg Arg
165 170 175

Pro Asp Ile Gln Tyr Pro Asp Ala Thr Asp Glu Asp Ile Thr Ser His
180 185 190

Met Glu Ser Glu Glu Leu Asn Gly Ala Tyr Lys Ala Ile Pro Val Ala
195 200 205

Gln Asp Leu Asn Ala Pro Ser Asp Trp Asp Ser Arg Gly Lys Asp Ser
210 215 220

Tyr Glu Thr Ser Gln Leu Asp Asp Gln Ser Ala Glu Thr His Ser His
225 230 235 240

Lys Gln Ser Arg Leu Tyr Lys Arg Lys Ala Asn Asp Glu Ser Asn Glu
245 250 255

His Ser Asp Val Ile Asp Ser Gln Glu Leu Ser Lys Val Ser Arg Glu
260 265 270

Phe His Ser His Glu Phe His Ser His Glu Asp Met Leu Val Val Asp
275 280 285

Pro Lys Ser Lys Glu Glu Asp Lys His Leu Lys Phe Arg Ile Ser His
290 295 300

Glu Leu Asp Ser Ala Ser Ser Glu Val Asn
305 310

<210> 571

<211> 393

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> p53__Homo_sapiens__P04637

<400> 571

Met Glu Glu Pro Gln Ser Asp Pro Ser Val Glu Pro Pro Leu Ser Gln
1 5 10 15

Glu Thr Phe Ser Asp Leu Trp Lys Leu Leu Pro Glu Asn Asn Val Leu

20 25 30

Ser Pro Leu Pro Ser Gln Ala Met Asp Asp Leu Met Leu Ser Pro Asp

35 40 45

Asp Ile Glu Gln Trp Phe Thr Glu Asp Pro Gly Pro Asp Glu Ala Pro

50 55 60

Arg Met Pro Glu Ala Ala Pro Pro Val Ala Pro Ala Pro Ala Ala Pro

65 70 75 80

Thr Pro Ala Ala Pro Ala Pro Ala Pro Ser Trp Pro Leu Ser Ser Ser

85 90 95

Val Pro Ser Gln Lys Thr Tyr Gln Gly Ser Tyr Gly Phe Arg Leu Gly

100 105 110

Phe Leu His Ser Gly Thr Ala Lys Ser Val Thr Cys Thr Tyr Ser Pro

115 120 125

Ala Leu Asn Lys Met Phe Cys Gln Leu Ala Lys Thr Cys Pro Val Gln

130 135 140

Leu Trp Val Asp Ser Thr Pro Pro Pro Gly Thr Arg Val Arg Ala Met

145 150 155 160

Ala Ile Tyr Lys Gln Ser Gln His Met Thr Glu Val Val Arg Arg Cys

165 170 175

Pro His His Glu Arg Cys Ser Asp Ser Asp Gly Leu Ala Pro Pro Gln

180 185 190

His Leu Ile Arg Val Glu Gly Asn Leu Arg Val Glu Tyr Leu Asp Asp

195 200 205

Arg Asn Thr Phe Arg His Ser Val Val Val Pro Tyr Glu Pro Pro Glu

210 215 220

Val Gly Ser Asp Cys Thr Thr Ile His Tyr Asn Tyr Met Cys Asn Ser

225 230 235 240

Ser Cys Met Gly Gly Met Asn Arg Arg Pro Ile Leu Thr Ile Ile Thr

245 250 255

Leu Glu Asp Ser Ser Gly Asn Leu Leu Gly Arg Asn Ser Phe Glu Val

260 265 270

Arg Val Cys Ala Cys Pro Gly Arg Asp Arg Arg Thr Glu Glu Glu Asn

275 280 285

Leu Arg Lys Lys Gly Glu Pro His His Glu Leu Pro Pro Gly Ser Thr

290 295 300

Lys Arg Ala Leu Pro Asn Asn Thr Ser Ser Ser Pro Gln Pro Lys Lys

305 310 315 320

Lys Pro Leu Asp Gly Glu Tyr Phe Thr Leu Gln Ile Arg Gly Arg Glu

325 330 335

Arg Phe Glu Met Phe Arg Glu Leu Asn Glu Ala Leu Glu Leu Lys Asp

340 345 350

Ala Gln Ala Gly Lys Glu Pro Gly Gly Ser Arg Ala His Ser Ser His

355 360 365

Leu Lys Ser Lys Lys Gly Gln Ser Thr Ser Arg His Lys Lys Leu Met

370 375 380

Phe Lys Thr Glu Gly Pro Asp Ser Asp

385 390

<210> 572

<211> 102

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PAGE-4__Homo_sapiens__O60829

<400> 572

Met Ser Ala Arg Val Arg Ser Arg Ser Arg Gly Arg Gly Asp Gly Gln

1 5 10 15

Glu Ala Pro Asp Val Val Ala Phe Val Ala Pro Gly Glu Ser Gln Gln

20 25 30

Glu Glu Pro Pro Thr Asp Asn Gln Asp Ile Glu Pro Gly Gln Glu Arg

35 40 45

Glu Gly Thr Pro Pro Ile Glu Glu Arg Lys Val Glu Gly Asp Cys Gln

50 55 60

Glu Met Asp Leu Glu Lys Thr Arg Ser Glu Arg Gly Asp Gly Ser Asp

65 70 75 80

Val Lys Glu Lys Thr Pro Pro Asn Pro Lys His Ala Lys Thr Lys Glu
85 90 95

Ala Gly Asp Gly Gln Pro
100

<210> 573

<211> 402

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PAI-1__Homo_sapiens__P05121

<400> 573

Met Gln Met Ser Pro Ala Leu Thr Cys Leu Val Leu Gly Leu Ala Leu
1 5 10 15

Val Phe Gly Glu Gly Ser Ala Val His His Pro Pro Ser Tyr Val Ala
20 25 30

His Leu Ala Ser Asp Phe Gly Val Arg Val Phe Gln Gln Val Ala Gln
35 40 45

Ala Ser Lys Asp Arg Asn Val Val Phe Ser Pro Tyr Gly Val Ala Ser
50 55 60

Val Leu Ala Met Leu Gln Leu Thr Thr Gly Gly Glu Thr Gln Gln Gln
65 70 75 80

Ile Gln Ala Ala Met Gly Phe Lys Ile Asp Asp Lys Gly Met Ala Pro
85 90 95

Ala Leu Arg His Leu Tyr Lys Glu Leu Met Gly Pro Trp Asn Lys Asp
100 105 110

Glu Ile Ser Thr Thr Asp Ala Ile Phe Val Gln Arg Asp Leu Lys Leu
115 120 125

Val Gln Gly Phe Met Pro His Phe Phe Arg Leu Phe Arg Ser Thr Val
130 135 140

Lys Gln Val Asp Phe Ser Glu Val Glu Arg Ala Arg Phe Ile Ile Asn
145 150 155 160

Asp Trp Val Lys Thr His Thr Lys Gly Met Ile Ser Asn Leu Leu Gly
165 170 175
Lys Gly Ala Val Asp Gln Leu Thr Arg Leu Val Leu Val Asn Ala Leu
180 185 190
Tyr Phe Asn Gly Gln Trp Lys Thr Pro Phe Pro Asp Ser Ser Thr His
195 200 205
Arg Arg Leu Phe His Lys Ser Asp Gly Ser Thr Val Ser Val Pro Met
210 215 220

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

Met Thr Arg Leu Pro Arg Leu Leu Val Leu Pro Lys Phe Ser Leu Glu
290 295 300
Thr Glu Val Asp Leu Arg Lys Pro Leu Glu Asn Leu Gly Met Thr Asp
305 310 315 320
Met Phe Arg Gln Phe Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu Ser Asp Gln Glu
325 330 335
Pro Leu His Val Ala Gln Ala Leu Gln Lys Val Lys Ile Glu Val Asn
340 345 350

Glu Ser Gly Thr Val Ala Ser Ser Ser Thr Ala Val Ile Val Ser Ala
355 360 365
Arg Met Ala Pro Glu Glu Ile Ile Met Asp Arg Pro Phe Leu Phe Val
370 375 380
Val Arg His Asn Pro Thr Gly Thr Val Leu Phe Met Gly Gln Val Met
385 390 395 400
Glu Pro

<210> 574

<211> 415

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PAI-2__Homo_sapiens__P05120

<400> 574

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

Ala Asn Ala Val Thr Pro Met Thr Pro Glu Asn Phe Thr Ser Cys Gly
65 70 75 80
Phe Met Gln Gln Ile Gln Lys Gly Ser Tyr Pro Asp Ala Ile Leu Gln
85 90 95
Ala Gln Ala Ala Asp Lys Ile His Ser Ser Phe Arg Ser Leu Ser Ser
100 105 110
Ala Ile Asn Ala Ser Thr Gly Asn Tyr Leu Leu Glu Ser Val Asn Lys
115 120 125

Leu Phe Gly Glu Lys Ser Ala Ser Phe Arg Glu Glu Tyr Ile Arg Leu
130 135 140
Cys Gln Lys Tyr Tyr Ser Ser Glu Pro Gln Ala Val Asp Phe Leu Glu
145 150 155 160
Cys Ala Glu Glu Ala Arg Lys Lys Ile Asn Ser Trp Val Lys Thr Gln
165 170 175
Thr Lys Gly Lys Ile Pro Asn Leu Leu Pro Glu Gly Ser Val Asp Gly
180 185 190

Asp Thr Arg Met Val Leu Val Asn Ala Val Tyr Phe Lys Gly Lys Trp
195 200 205

Lys Thr Pro Phe Glu Lys Lys Leu Asn Gly Leu Tyr Pro Phe Arg Val
210 215 220
Asn Ser Ala Gln Arg Thr Pro Val Gln Met Met Tyr Leu Arg Glu Lys
225 230 235 240
Leu Asn Ile Gly Tyr Ile Glu Asp Leu Lys Ala Gln Ile Leu Glu Leu
245 250 255

Pro Tyr Ala Gly Asp Val Ser Met Phe Leu Leu Leu Pro Asp Glu Ile
260 265 270
Ala Asp Val Ser Thr Gly Leu Glu Leu Leu Glu Ser Glu Ile Thr Tyr
275 280 285
Asp Lys Leu Asn Lys Trp Thr Ser Lys Asp Lys Met Ala Glu Asp Glu
290 295 300
Val Glu Val Tyr Ile Pro Gln Phe Lys Leu Glu Glu His Tyr Glu Leu
305 310 315 320

Arg Ser Ile Leu Arg Ser Met Gly Met Glu Asp Ala Phe Asn Lys Gly
325 330 335
Arg Ala Asn Phe Ser Gly Met Ser Glu Arg Asn Asp Leu Phe Leu Ser
340 345 350
Glu Val Phe His Gln Ala Met Val Asp Val Asn Glu Glu Gly Thr Glu
355 360 365
Ala Ala Ala Gly Thr Gly Gly Val Met Thr Gly Arg Thr Gly His Gly
370 375 380

Gly Pro Gln Phe Val Ala Asp His Pro Phe Leu Phe Leu Ile Met His
385 390 395 400
Lys Ile Thr Asn Cys Ile Leu Phe Phe Gly Arg Phe Ser Ser Pro
405 410 415

<210> 575
<211> 175
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PAP__Homo_sapiens__Q06141
<400> 575

Met Leu Pro Pro Met Ala Leu Pro Ser Val Ser Trp Met Leu Leu Ser

1 5 10 15

Cys Leu Met Leu Leu Ser Gln Val Gln Gly Glu Glu Pro Gln Arg Glu

20 25 30

Leu Pro Ser Ala Arg Ile Arg Cys Pro Lys Gly Ser Lys Ala Tyr Gly

35 40 45

Ser His Cys Tyr Ala Leu Phe Leu Ser Pro Lys Ser Trp Thr Asp Ala

50 55 60

Asp Leu Ala Cys Gln Lys Arg Pro Ser Gly Asn Leu Val Ser Val Leu

65 70 75 80

Ser Gly Ala Glu Gly Ser Phe Val Ser Ser Leu Val Lys Ser Ile Gly

85 90 95

Asn Ser Tyr Ser Tyr Val Trp Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Gln Gly

100 105 110

Thr Glu Pro Asn Gly Glu Gly Trp Glu Trp Ser Ser Ser Asp Val Met

115 120 125

Asn Tyr Phe Ala Trp Glu Arg Asn Pro Ser Thr Ile Ser Ser Pro Gly

130 135 140

His Cys Ala Ser Leu Ser Arg Ser Thr Ala Phe Leu Arg Trp Lys Asp

145 150 155 160

Tyr Asn Cys Asn Val Arg Leu Pro Tyr Val Cys Lys Phe Thr Asp

165 170 175

<210> 576

<211> 175

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PAP__Homo_sapiens__Q53S56

<400> 576

Met Leu Pro Pro Met Ala Leu Pro Ser Val Ser Trp Met Leu Leu Ser

1 5 10 15

Cys Leu Met Leu Leu Ser Gln Val Gln Gly Glu Glu Pro Gln Arg Glu

20 25 30

Leu Pro Ser Ala Arg Ile Arg Cys Pro Lys Gly Ser Lys Ala Tyr Gly
35 40 45
Ser His Cys Tyr Ala Leu Phe Leu Ser Pro Lys Ser Trp Thr Asp Ala
50 55 60
Asp Leu Ala Cys Gln Lys Arg Pro Ser Gly Asn Leu Val Ser Val Leu
65 70 75 80
Ser Gly Ala Glu Gly Ser Phe Val Ser Ser Leu Val Lys Ser Ile Gly
85 90 95

Asn Ser Tyr Ser Tyr Val Trp Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Gln Gly
100 105 110
Thr Glu Pro Asn Gly Glu Gly Trp Glu Trp Ser Ser Ser Asp Val Met
115 120 125
Asn Tyr Phe Ala Trp Glu Arg Asn Pro Ser Thr Ile Ser Ser Pro Gly
130 135 140
His Cys Ala Ser Leu Ser Arg Ser Thr Ala Phe Leu Arg Trp Lys Asp
145 150 155 160

Tyr Asn Cys Asn Val Arg Leu Pro Tyr Val Cys Lys Phe Thr Asp
165 170 175

<210> 577
<211> 126
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PATE__Homo_sapiens__Q8WXA2
<400> 577
Met Asp Lys Ser Leu Leu Leu Glu Leu Pro Ile Leu Leu Cys Cys Phe
1 5 10 15
Arg Ala Leu Ser Gly Ser Leu Ser Met Arg Asn Asp Ala Val Asn Glu
20 25 30
Ile Val Ala Val Lys Asn Asn Phe Pro Val Ile Glu Ile Val Gln Cys

35 40 45

Arg Met Cys His Leu Gln Phe Pro Gly Glu Lys Cys Ser Arg Gly Arg

50 55 60

Gly Ile Cys Thr Ala Thr Thr Glu Glu Ala Cys Met Val Gly Arg Met

65 70 75 80

Phe Lys Arg Asp Gly Asn Pro Trp Leu Thr Phe Met Gly Cys Leu Lys

85 90 95

Asn Cys Ala Asp Val Lys Gly Ile Arg Trp Ser Val Tyr Leu Val Asn

100 105 110

Phe Arg Cys Cys Arg Ser His Asp Leu Cys Asn Glu Asp Leu

115 120 125

<210> 578

<211> 479

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PAX3__Homo_sapiens__P23760

<400> 578

Met Thr Thr Leu Ala Gly Ala Val Pro Arg Met Met Arg Pro Gly Pro

1 5 10 15

Gly Gln Asn Tyr Pro Arg Ser Gly Phe Pro Leu Glu Val Ser Thr Pro

20 25 30

Leu Gly Gln Gly Arg Val Asn Gln Leu Gly Gly Val Phe Ile Asn Gly

35 40 45

Arg Pro Leu Pro Asn His Ile Arg His Lys Ile Val Glu Met Ala His

50 55 60

His Gly Ile Arg Pro Cys Val Ile Ser Arg Gln Leu Arg Val Ser His

65 70 75 80

Gly Cys Val Ser Lys Ile Leu Cys Arg Tyr Gln Glu Thr Gly Ser Ile

85 90 95

Arg Pro Gly Ala Ile Gly Gly Ser Lys Pro Lys Gln Val Thr Thr Pro

100 105 110

Asp Val Glu Lys Lys Ile Glu Glu Tyr Lys Arg Glu Asn Pro Gly Met

115 120 125

Phe Ser Trp Glu Ile Arg Asp Lys Leu Leu Lys Asp Ala Val Cys Asp
130 135 140
Arg Asn Thr Val Pro Ser Val Ser Ser Ile Ser Arg Ile Leu Arg Ser
145 150 155 160

Lys Phe Gly Lys Gly Glu Glu Glu Glu Ala Asp Leu Glu Arg Lys Glu
165 170 175
Ala Glu Glu Ser Glu Lys Lys Ala Lys His Ser Ile Asp Gly Ile Leu
180 185 190
Ser Glu Arg Ala Ser Ala Pro Gln Ser Asp Glu Gly Ser Asp Ile Asp
195 200 205
Ser Glu Pro Asp Leu Pro Leu Lys Arg Lys Gln Arg Arg Ser Arg Thr
210 215 220

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

Leu Ile Pro Gly Gly Phe Pro Pro Thr Ala Met Pro Thr Leu Pro Thr
290 295 300
Tyr Gln Leu Ser Glu Thr Ser Tyr Gln Pro Thr Ser Ile Pro Gln Ala
305 310 315 320
Val Ser Asp Pro Ser Ser Thr Val His Arg Pro Gln Pro Leu Pro Pro
325 330 335
Ser Thr Val His Gln Ser Thr Ile Pro Ser Asn Pro Asp Ser Ser Ser
340 345 350

Ala Tyr Cys Leu Pro Ser Thr Arg His Gly Phe Ser Ser Tyr Thr Asp
355 360 365
Ser Phe Val Pro Pro Ser Gly Pro Ser Asn Pro Met Asn Pro Thr Ile

370 375 380

Gly Asn Gly Leu Ser Pro Gln Val Met Gly Leu Leu Thr Asn His Gly

385 390 395 400

Gly Val Pro His Gln Pro Gln Thr Asp Tyr Ala Leu Ser Pro Leu Thr

405 410 415

Gly Gly Leu Glu Pro Thr Thr Thr Val Ser Ala Ser Cys Ser Gln Arg

420 425 430

Leu Asp His Met Lys Ser Leu Asp Ser Leu Pro Thr Ser Gln Ser Tyr

435 440 445

Cys Pro Pro Thr Tyr Ser Thr Thr Gly Tyr Ser Met Asp Pro Val Thr

450 455 460

Gly Tyr Gln Tyr Gly Gln Tyr Gly Gln Ser Lys Pro Trp Thr Phe

465 470 475

<210> 579

<211> 391

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PAX5__Homo_sapiens__Q02548

<400> 579

Met Asp Leu Glu Lys Asn Tyr Pro Thr Pro Arg Thr Ser Arg Thr Gly

1 5 10 15

His Gly Gly Val Asn Gln Leu Gly Gly Val Phe Val Asn Gly Arg Pro

20 25 30

Leu Pro Asp Val Val Arg Gln Arg Ile Val Glu Leu Ala His Gln Gly

35 40 45

Val Arg Pro Cys Asp Ile Ser Arg Gln Leu Arg Val Ser His Gly Cys

50 55 60

Val Ser Lys Ile Leu Gly Arg Tyr Tyr Glu Thr Gly Ser Ile Lys Pro

65 70 75 80

Gly Val Ile Gly Gly Ser Lys Pro Lys Val Ala Thr Pro Lys Val Val

85 90 95

Glu Lys Ile Ala Glu Tyr Lys Arg Gln Asn Pro Thr Met Phe Ala Trp

100 105 110

Glu Ile Arg Asp Arg Leu Leu Ala Glu Arg Val Cys Asp Asn Asp Thr

115 120 125

Val Pro Ser Val Ser Ser Ile Asn Arg Ile Ile Arg Thr Lys Val Gln

130 135 140

Gln Pro Pro Asn Gln Pro Val Pro Ala Ser Ser His Ser Ile Val Ser

145 150 155 160

Thr Gly Ser Val Thr Gln Val Ser Ser Val Ser Thr Asp Ser Ala Gly

165 170 175

Ser Ser Tyr Ser Ile Ser Gly Ile Leu Gly Ile Thr Ser Pro Ser Ala

180 185 190

Asp Thr Asn Lys Arg Lys Arg Asp Glu Gly Ile Gln Glu Ser Pro Val

195 200 205

Pro Asn Gly His Ser Leu Pro Gly Arg Asp Phe Leu Arg Lys Gln Met

210 215 220

Arg Gly Asp Leu Phe Thr Gln Gln Gln Leu Glu Val Leu Asp Arg Val

225 230 235 240

Phe Glu Arg Gln His Tyr Ser Asp Ile Phe Thr Thr Thr Glu Pro Ile

245 250 255

Lys Pro Glu Gln Thr Thr Glu Tyr Ser Ala Met Ala Ser Leu Ala Gly

260 265 270

Gly Leu Asp Asp Met Lys Ala Asn Leu Ala Ser Pro Thr Pro Ala Asp

275 280 285

Ile Gly Ser Ser Val Pro Gly Pro Gln Ser Tyr Pro Ile Val Thr Gly

290 295 300

Arg Asp Leu Ala Ser Thr Thr Leu Pro Gly Tyr Pro Pro His Val Pro

305 310 315 320

Pro Ala Gly Gln Gly Ser Tyr Ser Ala Pro Thr Leu Thr Gly Met Val

325 330 335

Pro Gly Ser Glu Phe Ser Gly Ser Pro Tyr Ser His Pro Gln Tyr Ser

340 345 350

Ser Tyr Asn Asp Ser Trp Arg Phe Pro Asn Pro Gly Leu Leu Gly Ser

355 360 365

Pro Tyr Tyr Tyr Ser Ala Ala Ala Arg Gly Ala Ala Pro Pro Ala Ala

370 375 380

Ala Thr Ala Tyr Asp Arg His

385 390

<210> 580

<211> 290

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PD1L1__Homo_sapiens__Q9NZQ7

<400> 580

Met Arg Ile Phe Ala Val Phe Ile Phe Met Thr Tyr Trp His Leu Leu

1 5 10 15

Asn Ala Phe Thr Val Thr Val Pro Lys Asp Leu Tyr Val Val Glu Tyr

20 25 30

Gly Ser Asn Met Thr Ile Glu Cys Lys Phe Pro Val Glu Lys Gln Leu

35 40 45

Asp Leu Ala Ala Leu Ile Val Tyr Trp Glu Met Glu Asp Lys Asn Ile

50 55 60

Ile Gln Phe Val His Gly Glu Glu Asp Leu Lys Val Gln His Ser Ser

65 70 75 80

Tyr Arg Gln Arg Ala Arg Leu Leu Lys Asp Gln Leu Ser Leu Gly Asn

85 90 95

Ala Ala Leu Gln Ile Thr Asp Val Lys Leu Gln Asp Ala Gly Val Tyr

100 105 110

Arg Cys Met Ile Ser Tyr Gly Gly Ala Asp Tyr Lys Arg Ile Thr Val

115 120 125

Lys Val Asn Ala Pro Tyr Asn Lys Ile Asn Gln Arg Ile Leu Val Val

130 135 140

Asp Pro Val Thr Ser Glu His Glu Leu Thr Cys Gln Ala Glu Gly Tyr

145 150 155 160

Pro Lys Ala Glu Val Ile Trp Thr Ser Ser Asp His Gln Val Leu Ser

165 170 175

Gly Lys Thr Thr Thr Thr Asn Ser Lys Arg Glu Glu Lys Leu Phe Asn

180 185 190

Val Thr Ser Thr Leu Arg Ile Asn Thr Thr Thr Asn Glu Ile Phe Tyr

195 200 205

Cys Thr Phe Arg Arg Leu Asp Pro Glu Glu Asn His Thr Ala Glu Leu

210 215 220

Val Ile Pro Glu Leu Pro Leu Ala His Pro Pro Asn Glu Arg Thr His

225 230 235 240

Leu Val Ile Leu Gly Ala Ile Leu Leu Cys Leu Gly Val Ala Leu Thr

245 250 255

Phe Ile Phe Arg Leu Arg Lys Gly Arg Met Met Asp Val Lys Lys Cys

260 265 270

Gly Ile Gln Asp Thr Asn Ser Lys Lys Gln Ser Asp Thr His Leu Glu

275 280 285

Glu Thr

290

<210> 581

<211> 288

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PDCD1__Homo_sapiens__Q15116

<400> 581

Met Gln Ile Pro Gln Ala Pro Trp Pro Val Val Trp Ala Val Leu Gln

1 5 10 15

Leu Gly Trp Arg Pro Gly Trp Phe Leu Asp Ser Pro Asp Arg Pro Trp

20 25 30

Asn Pro Pro Thr Phe Ser Pro Ala Leu Leu Val Val Thr Glu Gly Asp

35 40 45

Asn Ala Thr Phe Thr Cys Ser Phe Ser Asn Thr Ser Glu Ser Phe Val

50 55 60

Leu Asn Trp Tyr Arg Met Ser Pro Ser Asn Gln Thr Asp Lys Leu Ala

65 70 75 80

Ala Phe Pro Glu Asp Arg Ser Gln Pro Gly Gln Asp Cys Arg Phe Arg

85 90 95

Val Thr Gln Leu Pro Asn Gly Arg Asp Phe His Met Ser Val Val Arg

100 105 110

Ala Arg Arg Asn Asp Ser Gly Thr Tyr Leu Cys Gly Ala Ile Ser Leu

115 120 125

Ala Pro Lys Ala Gln Ile Lys Glu Ser Leu Arg Ala Glu Leu Arg Val

130 135 140

Thr Glu Arg Arg Ala Glu Val Pro Thr Ala His Pro Ser Pro Ser Pro

145 150 155 160

Arg Pro Ala Gly Gln Phe Gln Thr Leu Val Val Gly Val Val Gly Gly

165 170 175

Leu Leu Gly Ser Leu Val Leu Leu Val Trp Val Leu Ala Val Ile Cys

180 185 190

Ser Arg Ala Ala Arg Gly Thr Ile Gly Ala Arg Arg Thr Gly Gln Pro

195 200 205

Leu Lys Glu Asp Pro Ser Ala Val Pro Val Phe Ser Val Asp Tyr Gly

210 215 220

Glu Leu Asp Phe Gln Trp Arg Glu Lys Thr Pro Glu Pro Pro Val Pro

225 230 235 240

Cys Val Pro Glu Gln Thr Glu Tyr Ala Thr Ile Val Phe Pro Ser Gly

245 250 255

Met Gly Thr Ser Ser Pro Ala Arg Arg Gly Ser Ala Asp Gly Pro Arg

260 265 270

Ser Ala Gln Pro Leu Arg Pro Glu Asp Gly His Cys Ser Trp Pro Leu

275 280 285

<210> 582

<211> 335

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PDEF__Homo_sapiens__095238

<400> 582

Met Gly Ser Ala Ser Pro Gly Leu Ser Ser Val Ser Pro Ser His Leu
1 5 10 15

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

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

Ala Thr Pro Glu Gln Gly Leu Ser Ala Phe Tyr Leu Ser Tyr Phe Asp
50 55 60

Met Leu Tyr Pro Glu Asp Ser Ser Trp Ala Ala Lys Ala Pro Gly Ala
65 70 75 80

Ser Ser Arg Glu Glu Pro Pro Glu Glu Pro Glu Gln Cys Pro Val Ile
85 90 95

Asp Ser Gln Ala Pro Ala Gly Ser Leu Asp Leu Val Pro Gly Gly Leu
100 105 110

Thr Leu Glu Glu His Ser Leu Glu Gln Val Gln Ser Met Val Val Gly
115 120 125

Glu Val Leu Lys Asp Ile Glu Thr Ala Cys Lys Leu Leu Asn Ile Thr
130 135 140

Ala Asp Pro Met Asp Trp Ser Pro Ser Asn Val Gln Lys Trp Leu Leu
145 150 155 160

Trp Thr Glu His Gln Tyr Arg Leu Pro Pro Met Gly Lys Ala Phe Gln
165 170 175

Glu Leu Ala Gly Lys Glu Leu Cys Ala Met Ser Glu Glu Gln Phe Arg
180 185 190

Gln Arg Ser Pro Leu Gly Gly Asp Val Leu His Ala His Leu Asp Ile
195 200 205

Trp Lys Ser Ala Ala Trp Met Lys Glu Arg Thr Ser Pro Gly Ala Ile
210 215 220

His Tyr Cys Ala Ser Thr Ser Glu Glu Ser Trp Thr Asp Ser Glu Val
225 230 235 240
Asp Ser Ser Cys Ser Gly Gln Pro Ile His Leu Trp Gln Phe Leu Lys
245 250 255
Glu Leu Leu Leu Lys Pro His Ser Tyr Gly Arg Phe Ile Arg Trp Leu
260 265 270

Asn Lys Glu Lys Gly Ile Phe Lys Ile Glu Asp Ser Ala Gln Val Ala
275 280 285
Arg Leu Trp Gly Ile Arg Lys Asn Arg Pro Ala Met Asn Tyr Asp Lys
290 295 300
Leu Ser Arg Ser Ile Arg Gln Tyr Tyr Lys Lys Gly Ile Ile Arg Lys
305 310 315 320
Pro Asp Ile Ser Gln Arg Leu Val Tyr Gln Phe Val His Pro Ile
325 330 335

<210> 583
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PECA1__Homo_sapiens__P16284
<400> 583
Met Gln Pro Arg Trp Ala Gln Gly Ala Thr Met Trp Leu Gly Val Leu
1 5 10 15
Leu Thr Leu Leu Leu Cys Ser Ser Leu Glu Gly Gln Glu Asn Ser Phe
20 25 30
Thr Ile Asn Ser Val Asp Met Lys Ser Leu Pro Asp Trp Thr Val Gln
35 40 45

Asn Gly Lys Asn Leu Thr Leu Gln Cys Phe Ala Asp Val Ser Thr Thr
50 55 60
Ser His Val Lys Pro Gln His Gln Met Leu Phe Tyr Lys Asp Asp Val
65 70 75 80
Leu Phe Tyr Asn Ile Ser Ser Met Lys Ser Thr Glu Ser Tyr Phe Ile
85 90 95

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

Val Asn Asn Lys Glu Lys Thr Thr Ala Glu Tyr Gln Leu Leu Val Glu
115 120 125

Gly Val Pro Ser Pro Arg Val Thr Leu Asp Lys Lys Glu Ala Ile Gln
130 135 140

Gly Gly Ile Val Arg Val Asn Cys Ser Val Pro Glu Glu Lys Ala Pro
145 150 155 160

Ile His Phe Thr Ile Glu Lys Leu Glu Leu Asn Glu Lys Met Val Lys
165 170 175

Leu Lys Arg Glu Lys Asn Ser Arg Asp Gln Asn Phe Val Ile Leu Glu
180 185 190

Phe Pro Val Glu Glu Gln Asp Arg Val Leu Ser Phe Arg Cys Gln Ala
195 200 205

Arg Ile Ile Ser Gly Ile His Met Gln Thr Ser Glu Ser Thr Lys Ser
210 215 220

Glu Leu Val Thr Val Thr Glu Ser Phe Ser Thr Pro Lys Phe His Ile
225 230 235 240

Ser Pro Thr Gly Met Ile Met Glu Gly Ala Gln Leu His Ile Lys Cys
245 250 255

Thr Ile Gln Val Thr His Leu Ala Gln Glu Phe Pro Glu Ile Ile Ile
260 265 270

Gln Lys Asp Lys Ala Ile Val Ala His Asn Arg His Gly Asn Lys Ala
275 280 285

Val Tyr Ser Val Met Ala Met Val Glu His Ser Gly Asn Tyr Thr Cys
290 295 300

Lys Val Glu Ser Ser Arg Ile Ser Lys Val Ser Ser Ile Val Val Asn
305 310 315 320

Ile Thr Glu Leu Phe Ser Lys Pro Glu Leu Glu Ser Ser Phe Thr His
325 330 335

Leu Asp Gln Gly Glu Arg Leu Asn Leu Ser Cys Ser Ile Pro Gly Ala

340 345 350

Pro Pro Ala Asn Phe Thr Ile Gln Lys Glu Asp Thr Ile Val Ser Gln

355 360 365

Thr Gln Asp Phe Thr Lys Ile Ala Ser Lys Ser Asp Ser Gly Thr Tyr

370 375 380

Ile Cys Thr Ala Gly Ile Asp Lys Val Val Lys Lys Ser Asn Thr Val

385 390 395 400

Gln Ile Val Val Cys Glu Met Leu Ser Gln Pro Arg Ile Ser Tyr Asp

405 410 415

Ala Gln Phe Glu Val Ile Lys Gly Gln Thr Ile Glu Val Arg Cys Glu

420 425 430

Ser Ile Ser Gly Thr Leu Pro Ile Ser Tyr Gln Leu Leu Lys Thr Ser

435 440 445

Lys Val Leu Glu Asn Ser Thr Lys Asn Ser Asn Asp Pro Ala Val Phe

450 455 460

Lys Asp Asn Pro Thr Glu Asp Val Glu Tyr Gln Cys Val Ala Asp Asn

465 470 475 480

Cys His Ser His Ala Lys Met Leu Ser Glu Val Leu Arg Val Lys Val

485 490 495

Ile Ala Pro Val Asp Glu Val Gln Ile Ser Ile Leu Ser Ser Lys Val

500 505 510

Val Glu Ser Gly Glu Asp Ile Val Leu Gln Cys Ala Val Asn Glu Gly

515 520 525

Ser Gly Pro Ile Thr Tyr Lys Phe Tyr Arg Glu Lys Glu Gly Lys Pro

530 535 540

Phe Tyr Gln Met Thr Ser Asn Ala Thr Gln Ala Phe Trp Thr Lys Gln

545 550 555 560

Lys Ala Ser Lys Glu Gln Glu Gly Glu Tyr Tyr Cys Thr Ala Phe Asn

565 570 575

Arg Ala Asn His Ala Ser Ser Val Pro Arg Ser Lys Ile Leu Thr Val

580 585 590

Arg Val Ile Leu Ala Pro Trp Lys Lys Gly Leu Ile Ala Val Val Ile
595 600 605

Ile Gly Val Ile Ile Ala Leu Leu Ile Ile Ala Ala Lys Cys Tyr Phe
610 615 620

Leu Arg Lys Ala Lys Ala Lys Gln Met Pro Val Glu Met Ser Arg Pro
625 630 635 640

Ala Val Pro Leu Leu Asn Ser Asn Asn Glu Lys Met Ser Asp Pro Asn
645 650 655

Met Glu Ala Asn Ser His Tyr Gly His Asn Asp Asp Val Arg Asn His
660 665 670

Ala Met Lys Pro Ile Asn Asp Asn Lys Glu Pro Leu Asn Ser Asp Val
675 680 685

Gln Tyr Thr Glu Val Gln Val Ser Ser Ala Glu Ser His Lys Asp Leu
690 695 700

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

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

Gly Thr

<210> 584

<211> 911

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PGCB__Homo_sapiens__Q96GW7

<400> 584

Met Ala Gln Leu Phe Leu Pro Leu Leu Ala Ala Leu Val Leu Ala Gln
1 5 10 15

Ala Pro Ala Ala Leu Ala Asp Val Leu Glu Gly Asp Ser Ser Glu Asp
20 25 30

Arg Ala Phe Arg Val Arg Ile Ala Gly Asp Ala Pro Leu Gln Gly Val
35 40 45

Leu Gly Gly Ala Leu Thr Ile Pro Cys His Val His Tyr Leu Arg Pro

50 55 60

Pro Pro Ser Arg Arg Ala Val Leu Gly Ser Pro Arg Val Lys Trp Thr
65 70 75 80
Phe Leu Ser Arg Gly Arg Glu Ala Glu Val Leu Val Ala Arg Gly Val
85 90 95
Arg Val Lys Val Asn Glu Ala Tyr Arg Phe Arg Val Ala Leu Pro Ala
100 105 110
Tyr Pro Ala Ser Leu Thr Asp Val Ser Leu Ala Leu Ser Glu Leu Arg
115 120 125

Pro Asn Asp Ser Gly Ile Tyr Arg Cys Glu Val Gln His Gly Ile Asp
130 135 140
Asp Ser Ser Asp Ala Val Glu Val Lys Val Lys Gly Val Val Phe Leu
145 150 155 160
Tyr Arg Glu Gly Ser Ala Arg Tyr Ala Phe Ser Phe Ser Gly Ala Gln
165 170 175
Glu Ala Cys Ala Arg Ile Gly Ala His Ile Ala Thr Pro Glu Gln Leu
180 185 190

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

Gly Glu Leu Phe Leu Gly Asp Pro Pro Glu Lys Leu Thr Leu Glu Glu
260 265 270
Ala Arg Ala Tyr Cys Gln Glu Arg Gly Ala Glu Ile Ala Thr Thr Gly
275 280 285
Gln Leu Tyr Ala Ala Trp Asp Gly Gly Leu Asp His Cys Ser Pro Gly
290 295 300

Trp Leu Ala Asp Gly Ser Val Arg Tyr Pro Ile Val Thr Pro Ser Gln
305 310 315 320

Arg Cys Gly Gly Gly Leu Pro Gly Val Lys Thr Leu Phe Leu Phe Pro
325 330 335
Asn Gln Thr Gly Phe Pro Asn Lys His Ser Arg Phe Asn Val Tyr Cys
340 345 350
Phe Arg Asp Ser Ala Gln Pro Ser Ala Ile Pro Glu Ala Ser Asn Pro
355 360 365
Ala Ser Asn Pro Ala Ser Asp Gly Leu Glu Ala Ile Val Thr Val Thr
370 375 380

Glu Thr Leu Glu Glu Leu Gln Leu Pro Gln Glu Ala Thr Glu Ser Glu
385 390 395 400
Ser Arg Gly Ala Ile Tyr Ser Ile Pro Ile Met Glu Asp Gly Gly Gly
405 410 415
Gly Ser Ser Thr Pro Glu Asp Pro Ala Glu Ala Pro Arg Thr Leu Leu
420 425 430
Glu Phe Glu Thr Gln Ser Met Val Pro Pro Thr Gly Phe Ser Glu Glu
435 440 445

Glu Gly Lys Ala Leu Glu Glu Glu Glu Lys Tyr Glu Asp Glu Glu Glu
450 455 460
Lys Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Val Glu Asp Glu Ala Leu Trp
465 470 475 480
Ala Trp Pro Ser Glu Leu Ser Ser Pro Gly Pro Glu Ala Ser Leu Pro
485 490 495
Thr Glu Pro Ala Ala Gln Glu Glu Ser Leu Ser Gln Ala Pro Ala Arg
500 505 510

Ala Val Leu Gln Pro Gly Ala Ser Pro Leu Pro Asp Gly Glu Ser Glu
515 520 525
Ala Ser Arg Pro Pro Arg Val His Gly Pro Pro Thr Glu Thr Leu Pro
530 535 540
Thr Pro Arg Glu Arg Asn Leu Ala Ser Pro Ser Pro Ser Thr Leu Val

545 550 555 560

Glu Ala Arg Glu Val Gly Glu Ala Thr Gly Gly Pro Glu Leu Ser Gly

565 570 575

Val Pro Arg Gly Glu Ser Glu Glu Thr Gly Ser Ser Glu Gly Ala Pro

580 585 590

Ser Leu Leu Pro Ala Thr Arg Ala Pro Glu Gly Thr Arg Glu Leu Glu

595 600 605

Ala Pro Ser Glu Asp Asn Ser Gly Arg Thr Ala Pro Ala Gly Thr Ser

610 615 620

Val Gln Ala Gln Pro Val Leu Pro Thr Asp Ser Ala Ser Arg Gly Gly

625 630 635 640

Val Ala Val Val Pro Ala Ser Gly Asp Cys Val Pro Ser Pro Cys His

645 650 655

Asn Gly Gly Thr Cys Leu Glu Glu Glu Glu Gly Val Arg Cys Leu Cys

660 665 670

Leu Pro Gly Tyr Gly Gly Asp Leu Cys Asp Val Gly Leu Arg Phe Cys

675 680 685

Asn Pro Gly Trp Asp Ala Phe Gln Gly Ala Cys Tyr Lys His Phe Ser

690 695 700

Thr Arg Arg Ser Trp Glu Glu Ala Glu Thr Gln Cys Arg Met Tyr Gly

705 710 715 720

Ala His Leu Ala Ser Ile Ser Thr Pro Glu Glu Gln Asp Phe Ile Asn

725 730 735

Asn Arg Tyr Arg Glu Tyr Gln Trp Ile Gly Leu Asn Asp Arg Thr Ile

740 745 750

Glu Gly Asp Phe Leu Trp Ser Asp Gly Val Pro Leu Leu Tyr Glu Asn

755 760 765

Trp Asn Pro Gly Gln Pro Asp Ser Tyr Phe Leu Ser Gly Glu Asn Cys

770 775 780

Val Val Met Val Trp His Asp Gln Gly Gln Trp Ser Asp Val Pro Cys

785 790 795 800

Asn Tyr His Leu Ser Tyr Thr Cys Lys Met Gly Leu Val Ser Cys Gly
805 810 815
Pro Pro Pro Glu Leu Pro Leu Ala Gln Val Phe Gly Arg Pro Arg Leu
820 825 830

Arg Tyr Glu Val Asp Thr Val Leu Arg Tyr Arg Cys Arg Glu Gly Leu
835 840 845
Ala Gln Arg Asn Leu Pro Leu Ile Arg Cys Gln Glu Asn Gly Arg Trp
850 855 860
Glu Ala Pro Gln Ile Ser Cys Val Pro Arg Arg Pro Ala Arg Ala Leu
865 870 875 880
His Pro Glu Glu Asp Pro Glu Gly Arg Gln Gly Arg Leu Leu Gly Arg
885 890 895

Trp Lys Ala Leu Leu Ile Pro Pro Ser Ser Pro Met Pro Gly Pro
900 905 910

<210> 585
<211> 1106
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PGFRB__Homo_sapiens__P09619
<400> 585
Met Arg Leu Pro Gly Ala Met Pro Ala Leu Ala Leu Lys Gly Glu Leu
1 5 10 15
Leu Leu Leu Ser Leu Leu Leu Leu Leu Glu Pro Gln Ile Ser Gln Gly
20 25 30
Leu Val Val Thr Pro Pro Gly Pro Glu Leu Val Leu Asn Val Ser Ser

35 40 45
Thr Phe Val Leu Thr Cys Ser Gly Ser Ala Pro Val Val Trp Glu Arg
50 55 60
Met Ser Gln Glu Pro Pro Gln Glu Met Ala Lys Ala Gln Asp Gly Thr
65 70 75 80
Phe Ser Ser Val Leu Thr Leu Thr Asn Leu Thr Gly Leu Asp Thr Gly
85 90 95

Glu Tyr Phe Cys Thr His Asn Asp Ser Arg Gly Leu Glu Thr Asp Glu

100 105 110

Arg Lys Arg Leu Tyr Ile Phe Val Pro Asp Pro Thr Val Gly Phe Leu

115 120 125

Pro Asn Asp Ala Glu Glu Leu Phe Ile Phe Leu Thr Glu Ile Thr Glu

130 135 140

Ile Thr Ile Pro Cys Arg Val Thr Asp Pro Gln Leu Val Val Thr Leu

145 150 155 160

His Glu Lys Lys Gly Asp Val Ala Leu Pro Val Pro Tyr Asp His Gln

165 170 175

Arg Gly Phe Ser Gly Ile Phe Glu Asp Arg Ser Tyr Ile Cys Lys Thr

180 185 190

Thr Ile Gly Asp Arg Glu Val Asp Ser Asp Ala Tyr Tyr Val Tyr Arg

195 200 205

Leu Gln Val Ser Ser Ile Asn Val Ser Val Asn Ala Val Gln Thr Val

210 215 220

Val Arg Gln Gly Glu Asn Ile Thr Leu Met Cys Ile Val Ile Gly Asn

225 230 235 240

Glu Val Val Asn Phe Glu Trp Thr Tyr Pro Arg Lys Glu Ser Gly Arg

245 250 255

Leu Val Glu Pro Val Thr Asp Phe Leu Leu Asp Met Pro Tyr His Ile

260 265 270

Arg Ser Ile Leu His Ile Pro Ser Ala Glu Leu Glu Asp Ser Gly Thr

275 280 285

Tyr Thr Cys Asn Val Thr Glu Ser Val Asn Asp His Gln Asp Glu Lys

290 295 300

Ala Ile Asn Ile Thr Val Val Glu Ser Gly Tyr Val Arg Leu Leu Gly

305 310 315 320

Glu Val Gly Thr Leu Gln Phe Ala Glu Leu His Arg Ser Arg Thr Leu

325 330 335

Gln Val Val Phe Glu Ala Tyr Pro Pro Pro Thr Val Leu Trp Phe Lys

340 345 350

Asp Asn Arg Thr Leu Gly Asp Ser Ser Ala Gly Glu Ile Ala Leu Ser

355 360 365

Thr Arg Asn Val Ser Glu Thr Arg Tyr Val Ser Glu Leu Thr Leu Val

370 375 380

Arg Val Lys Val Ala Glu Ala Gly His Tyr Thr Met Arg Ala Phe His

385 390 395 400

Glu Asp Ala Glu Val Gln Leu Ser Phe Gln Leu Gln Ile Asn Val Pro

405 410 415

Val Arg Val Leu Glu Leu Ser Glu Ser His Pro Asp Ser Gly Glu Gln

420 425 430

Thr Val Arg Cys Arg Gly Arg Gly Met Pro Gln Pro Asn Ile Ile Trp

435 440 445

Ser Ala Cys Arg Asp Leu Lys Arg Cys Pro Arg Glu Leu Pro Pro Thr

450 455 460

Leu Leu Gly Asn Ser Ser Glu Glu Glu Ser Gln Leu Glu Thr Asn Val

465 470 475 480

Thr Tyr Trp Glu Glu Glu Gln Glu Phe Glu Val Val Ser Thr Leu Arg

485 490 495

Leu Gln His Val Asp Arg Pro Leu Ser Val Arg Cys Thr Leu Arg Asn

500 505 510

Ala Val Gly Gln Asp Thr Gln Glu Val Ile Val Val Pro His Ser Leu

515 520 525

Pro Phe Lys Val Val Val Ile Ser Ala Ile Leu Ala Leu Val Val Leu

530 535 540

Thr Ile Ile Ser Leu Ile Ile Leu Ile Met Leu Trp Gln Lys Lys Pro

545 550 555 560

Arg Tyr Glu Ile Arg Trp Lys Val Ile Glu Ser Val Ser Ser Asp Gly

565 570 575

His Glu Tyr Ile Tyr Val Asp Pro Met Gln Leu Pro Tyr Asp Ser Thr

580 585 590

Trp Glu Leu Pro Arg Asp Gln Leu Val Leu Gly Arg Thr Leu Gly Ser
595 600 605
Gly Ala Phe Gly Gln Val Val Glu Ala Thr Ala His Gly Leu Ser His

610 615 620
Ser Gln Ala Thr Met Lys Val Ala Val Lys Met Leu Lys Ser Thr Ala
625 630 635 640
Arg Ser Ser Glu Lys Gln Ala Leu Met Ser Glu Leu Lys Ile Met Ser
645 650 655
His Leu Gly Pro His Leu Asn Val Val Asn Leu Leu Gly Ala Cys Thr
660 665 670
Lys Gly Gly Pro Ile Tyr Ile Ile Thr Glu Tyr Cys Arg Tyr Gly Asp

675 680 685
Leu Val Asp Tyr Leu His Arg Asn Lys His Thr Phe Leu Gln His His
690 695 700
Ser Asp Lys Arg Arg Pro Pro Ser Ala Glu Leu Tyr Ser Asn Ala Leu
705 710 715 720
Pro Val Gly Leu Pro Leu Pro Ser His Val Ser Leu Thr Gly Glu Ser
725 730 735
Asp Gly Gly Tyr Met Asp Met Ser Lys Asp Glu Ser Val Asp Tyr Val

740 745 750
Pro Met Leu Asp Met Lys Gly Asp Val Lys Tyr Ala Asp Ile Glu Ser
755 760 765
Ser Asn Tyr Met Ala Pro Tyr Asp Asn Tyr Val Pro Ser Ala Pro Glu
770 775 780
Arg Thr Cys Arg Ala Thr Leu Ile Asn Glu Ser Pro Val Leu Ser Tyr
785 790 795 800
Met Asp Leu Val Gly Phe Ser Tyr Gln Val Ala Asn Gly Met Glu Phe

805 810 815
Leu Ala Ser Lys Asn Cys Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val
820 825 830
Leu Ile Cys Glu Gly Lys Leu Val Lys Ile Cys Asp Phe Gly Leu Ala

835 840 845

Arg Asp Ile Met Arg Asp Ser Asn Tyr Ile Ser Lys Gly Ser Thr Phe

850 855 860

Leu Pro Leu Lys Trp Met Ala Pro Glu Ser Ile Phe Asn Ser Leu Tyr

865 870 875 880

Thr Thr Leu Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Ile Leu Leu Trp Glu Ile

885 890 895

Phe Thr Leu Gly Gly Thr Pro Tyr Pro Glu Leu Pro Met Asn Glu Gln

900 905 910

Phe Tyr Asn Ala Ile Lys Arg Gly Tyr Arg Met Ala Gln Pro Ala His

915 920 925

Ala Ser Asp Glu Ile Tyr Glu Ile Met Gln Lys Cys Trp Glu Glu Lys

930 935 940

Phe Glu Ile Arg Pro Pro Phe Ser Gln Leu Val Leu Leu Leu Glu Arg

945 950 955 960

Leu Leu Gly Glu Gly Tyr Lys Lys Lys Tyr Gln Gln Val Asp Glu Glu

965 970 975

Phe Leu Arg Ser Asp His Pro Ala Ile Leu Arg Ser Gln Ala Arg Leu

980 985 990

Pro Gly Phe His Gly Leu Arg Ser Pro Leu Asp Thr Ser Ser Val Leu

995 1000 1005

Tyr Thr Ala Val Gln Pro Asn Glu Gly Asp Asn Asp Tyr Ile Ile

1010 1015 1020

Pro Leu Pro Asp Pro Lys Pro Glu Val Ala Asp Glu Gly Pro Leu

1025 1030 1035

Glu Gly Ser Pro Ser Leu Ala Ser Ser Thr Leu Asn Glu Val Asn

1040 1045 1050

Thr Ser Ser Thr Ile Ser Cys Asp Ser Pro Leu Glu Pro Gln Asp

1055 1060 1065

Glu Pro Glu Pro Glu Pro Gln Leu Glu Leu Gln Val Glu Pro Glu

1070 1075 1080

Pro Glu Leu Glu Gln Leu Pro Asp Ser Gly Cys Pro Ala Pro Arg
1085 1090 1095

Ala Glu Ala Glu Asp Ser Phe Leu
1100 1105

<210> 586

<211> 313

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Pim-1_-Kinase__Homo_sapiens__A0A024RD25

<400> 586

Met Leu Leu Ser Lys Ile Asn Ser Leu Ala His Leu Arg Ala Ala Pro
1 5 10 15

Cys Asn Asp Leu His Ala Thr Lys Leu Ala Pro Gly Lys Glu Lys Glu
20 25 30

Pro Leu Glu Ser Gln Tyr Gln Val Gly Pro Leu Leu Gly Ser Gly Gly
35 40 45

Phe Gly Ser Val Tyr Ser Gly Ile Arg Val Ser Asp Asn Leu Pro Val
50 55 60

Ala Ile Lys His Val Glu Lys Asp Arg Ile Ser Asp Trp Gly Glu Leu
65 70 75 80

Pro Asn Gly Thr Arg Val Pro Met Glu Val Val Leu Leu Lys Lys Val
85 90 95

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

Pro Asp Ser Phe Val Leu Ile Leu Glu Arg Pro Glu Pro Val Gln Asp
115 120 125

Leu Phe Asp Phe Ile Thr Glu Arg Gly Ala Leu Gln Glu Glu Leu Ala
130 135 140

Arg Ser Phe Phe Trp Gln Val Leu Glu Ala Val Arg His Cys His Asn
145 150 155 160

Cys Gly Val Leu His Arg Asp Ile Lys Asp Glu Asn Ile Leu Ile Asp
165 170 175

Leu Asn Arg Gly Glu Leu Lys Leu Ile Asp Phe Gly Ser Gly Ala Leu
180 185 190

Leu Lys Asp Thr Val Tyr Thr Asp Phe Asp Gly Thr Arg Val Tyr Ser
195 200 205

Pro Pro Glu Trp Ile Arg Tyr His Arg Tyr His Gly Arg Ser Ala Ala
210 215 220

Val Trp Ser Leu Gly Ile Leu Leu Tyr Asp Met Val Cys Gly Asp Ile
225 230 235 240

Pro Phe Glu His Asp Glu Glu Ile Ile Arg Gly Gln Val Phe Phe Arg
245 250 255

Gln Arg Val Ser Ser Glu Cys Gln His Leu Ile Arg Trp Cys Leu Ala
260 265 270

Leu Arg Pro Ser Asp Arg Pro Thr Phe Glu Glu Ile Gln Asn His Pro
275 280 285

Trp Met Gln Asp Val Leu Leu Pro Gln Glu Thr Ala Glu Ile His Leu
290 295 300

His Ser Leu Ser Pro Gly Pro Ser Lys
305 310

<210> 587

<211> 100

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Pin-1__Homo_sapiens__O15428

<400> 587

Met Ala Asp Glu Glu Lys Leu Pro Pro Gly Trp Glu Lys Arg Met Ser
1 5 10 15

Arg Pro Ser Gly Arg Gly Tyr Tyr Phe Asn His Ile Thr Asn Pro Ser
20 25 30

Gln Trp Glu Arg Pro Ser Gly Asn Ser Ser Ser Gly Gly Lys Ile Trp
35 40 45

Gln Gly Glu Pro Ala Arg Val Arg Arg Ser His Leu Leu Val Lys Pro

50 55 60

Val Lys Ala Ala Leu Asp Leu Ala Ala Gly Asn His Pro Asp Gln Gly

65 70 75 80

Gly Gly Pro Gly Ala Asp Gln Arg Leu His Pro Glu Asp Gln Gly Arg

85 90 95

Arg Glu Gly Leu

100

<210> 588

<211> 163

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Pin-1__Homo_sapiens__Q13526

<400> 588

Met Ala Asp Glu Glu Lys Leu Pro Pro Gly Trp Glu Lys Arg Met Ser

1 5 10 15

Arg Ser Ser Gly Arg Val Tyr Tyr Phe Asn His Ile Thr Asn Ala Ser

20 25 30

Gln Trp Glu Arg Pro Ser Gly Asn Ser Ser Ser Gly Gly Lys Asn Gly

35 40 45

Gln Gly Glu Pro Ala Arg Val Arg Cys Ser His Leu Leu Val Lys His

50 55 60

Ser Gln Ser Arg Arg Pro Ser Ser Trp Arg Gln Glu Lys Ile Thr Arg

65 70 75 80

Thr Lys Glu Glu Ala Leu Glu Leu Ile Asn Gly Tyr Ile Gln Lys Ile

85 90 95

Lys Ser Gly Glu Glu Asp Phe Glu Ser Leu Ala Ser Gln Phe Ser Asp

100 105 110

Cys Ser Ser Ala Lys Ala Arg Gly Asp Leu Gly Ala Phe Ser Arg Gly

115 120 125

Gln Met Gln Lys Pro Phe Glu Asp Ala Ser Phe Ala Leu Arg Thr Gly

130 135 140

Glu Met Ser Gly Pro Val Phe Thr Asp Ser Gly Ile His Ile Ile Leu

145 150 155 160

Arg Thr Glu

<210> 589

<211> 45

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Pin-1__Homo_sapiens__Q49AR7

<400> 589

Met Gln Lys Pro Phe Glu Asp Ala Ser Phe Ala Leu Arg Thr Gly Glu

1 5 10 15

Met Ser Gly Pro Val Phe Thr Asp Ser Gly Ile His Ile Ile Leu Arg

20 25 30

Thr Glu Cys Trp Arg Gln Thr Arg Gly Pro Asn Cys Phe

35 40 45

<210> 590

<211> 212

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PLAC1__Homo_sapiens__Q9HBJ0

<400> 590

Met Lys Val Phe Lys Phe Ile Gly Leu Met Ile Leu Leu Thr Ser Ala

1 5 10 15

Phe Ser Ala Gly Ser Gly Gln Ser Pro Met Thr Val Leu Cys Ser Ile

20 25 30

Asp Trp Phe Met Val Thr Val His Pro Phe Met Leu Asn Asn Asp Val

35 40 45

Cys Val His Phe His Glu Leu His Leu Gly Leu Gly Cys Pro Pro Asn

50 55 60

His Val Gln Pro His Ala Tyr Gln Phe Thr Tyr Arg Val Thr Glu Cys

65 70 75 80

Gly Ile Arg Ala Lys Ala Val Ser Gln Asp Met Val Ile Tyr Ser Thr

85 90 95

Glu Ile His Tyr Ser Ser Lys Gly Thr Pro Ser Lys Phe Val Ile Pro
100 105 110
Val Ser Cys Ala Ala Pro Gln Lys Ser Pro Trp Leu Thr Lys Pro Cys
115 120 125
Ser Met Arg Val Ala Ser Lys Ser Arg Ala Thr Ala Gln Lys Asp Glu
130 135 140
Lys Cys Tyr Glu Val Phe Ser Leu Ser Gln Ser Ser Gln Arg Pro Asn
145 150 155 160

Cys Asp Cys Pro Pro Cys Val Phe Ser Glu Glu Glu His Thr Gln Val
165 170 175
Pro Cys His Gln Ala Gly Ala Gln Glu Ala Gln Pro Leu Gln Pro Ser
180 185 190
His Phe Leu Asp Ile Ser Glu Asp Trp Ser Leu His Thr Asp Asp Met
195 200 205
Ile Gly Ser Met
210

<210> 591
<211> 661
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PMEL__Homo_sapiens__P40967

<400> 591
Met Asp Leu Val Leu Lys Arg Cys Leu Leu His Leu Ala Val Ile Gly
1 5 10 15
Ala Leu Leu Ala Val Gly Ala Thr Lys Val Pro Arg Asn Gln Asp Trp
20 25 30
Leu Gly Val Ser Arg Gln Leu Arg Thr Lys Ala Trp Asn Arg Gln Leu
35 40 45
Tyr Pro Glu Trp Thr Glu Ala Gln Arg Leu Asp Cys Trp Arg Gly Gly
50 55 60

Gln Val Ser Leu Lys Val Ser Asn Asp Gly Pro Thr Leu Ile Gly Ala
65 70 75 80

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

Ala Cys Ile Phe Pro Asp Gly Gly Pro Cys Pro Ser Gly Ser Trp Ser
130 135 140
Gln Lys Arg Ser Phe Val Tyr Val Trp Lys Thr Trp Gly Gln Tyr Trp
145 150 155 160
Gln Val Leu Gly Gly Pro Val Ser Gly Leu Ser Ile Gly Thr Gly Arg
165 170 175
Ala Met Leu Gly Thr His Thr Met Glu Val Thr Val Tyr His Arg Arg
180 185 190

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

Ser Tyr Thr Trp Asp Phe Gly Asp Ser Ser Gly Thr Leu Ile Ser Arg
260 265 270
Ala Leu Val Val Thr His Thr Tyr Leu Glu Pro Gly Pro Val Thr Ala
275 280 285
Gln Val Val Leu Gln Ala Ala Ile Pro Leu Thr Ser Cys Gly Ser Ser
290 295 300
Pro Val Pro Gly Thr Thr Asp Gly His Arg Pro Thr Ala Glu Ala Pro
305 310 315 320

Asn Thr Thr Ala Gly Gln Val Pro Thr Thr Glu Val Val Gly Thr Thr

325 330 335

Pro Gly Gln Ala Pro Thr Ala Glu Pro Ser Gly Thr Thr Ser Val Gln

340 345 350

Val Pro Thr Thr Glu Val Ile Ser Thr Ala Pro Val Gln Met Pro Thr

355 360 365

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

370 375 380

Met Gly Thr Thr Leu Ala Glu Met Ser Thr Pro Glu Ala Thr Gly Met

385 390 395 400

Thr Pro Ala Glu Val Ser Ile Val Val Leu Ser Gly Thr Thr Ala Ala

405 410 415

Gln Val Thr Thr Thr Glu Trp Val Glu Thr Thr Ala Arg Glu Leu Pro

420 425 430

Ile Pro Glu Pro Glu Gly Pro Asp Ala Ser Ser Ile Met Ser Thr Glu

435 440 445

Ser Ile Thr Gly Ser Leu Gly Pro Leu Leu Asp Gly Thr Ala Thr Leu

450 455 460

Arg Leu Val Lys Arg Gln Val Pro Leu Asp Cys Val Leu Tyr Arg Tyr

465 470 475 480

Gly Ser Phe Ser Val Thr Leu Asp Ile Val Gln Gly Ile Glu Ser Ala

485 490 495

Glu Ile Leu Gln Ala Val Pro Ser Gly Glu Gly Asp Ala Phe Glu Leu

500 505 510

Thr Val Ser Cys Gln Gly Gly Leu Pro Lys Glu Ala Cys Met Glu Ile

515 520 525

Ser Ser Pro Gly Cys Gln Pro Pro Ala Gln Arg Leu Cys Gln Pro Val

530 535 540

Leu Pro Ser Pro Ala Cys Gln Leu Val Leu His Gln Ile Leu Lys Gly

545 550 555 560

Gly Ser Gly Thr Tyr Cys Leu Asn Val Ser Leu Ala Asp Thr Asn Ser

565 570 575

Leu Ala Val Val Ser Thr Gln Leu Ile Met Pro Gly Gln Glu Ala Gly
580 585 590

Leu Gly Gln Val Pro Leu Ile Val Gly Ile Leu Leu Val Leu Met Ala
595 600 605

Val Val Leu Ala Ser Leu Ile Tyr Arg Arg Arg Leu Met Lys Gln Asp
610 615 620

Phe Ser Val Pro Gln Leu Pro His Ser Ser Ser His Trp Leu Arg Leu
625 630 635 640

Pro Arg Ile Phe Cys Ser Cys Pro Ile Gly Glu Asn Ser Pro Leu Leu
645 650 655

Ser Gly Gln Gln Val
660

<210> 592

<211> 882

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PML__Homo_sapiens__P29590

<400> 592

Met Glu Pro Ala Pro Ala Arg Ser Pro Arg Pro Gln Gln Asp Pro Ala
1 5 10 15

Arg Pro Gln Glu Pro Thr Met Pro Pro Pro Glu Thr Pro Ser Glu Gly
20 25 30

Arg Gln Pro Ser Pro Ser Pro Ser Pro Thr Glu Arg Ala Pro Ala Ser
35 40 45

Glu Glu Glu Phe Gln Phe Leu Arg Cys Gln Gln Cys Gln Ala Glu Ala
50 55 60

Lys Cys Pro Lys Leu Leu Pro Cys Leu His Thr Leu Cys Ser Gly Cys
65 70 75 80

Leu Glu Ala Ser Gly Met Gln Cys Pro Ile Cys Gln Ala Pro Trp Pro
85 90 95

Leu Gly Ala Asp Thr Pro Ala Leu Asp Asn Val Phe Phe Glu Ser Leu
100 105 110

Gln Arg Arg Leu Ser Val Tyr Arg Gln Ile Val Asp Ala Gln Ala Val
115 120 125
Cys Thr Arg Cys Lys Glu Ser Ala Asp Phe Trp Cys Phe Glu Cys Glu
130 135 140
Gln Leu Leu Cys Ala Lys Cys Phe Glu Ala His Gln Trp Phe Leu Lys
145 150 155 160

His Glu Ala Arg Pro Leu Ala Glu Leu Arg Asn Gln Ser Val Arg Glu
165 170 175
Phe Leu Asp Gly Thr Arg Lys Thr Asn Asn Ile Phe Cys Ser Asn Pro
180 185 190
Asn His Arg Thr Pro Thr Leu Thr Ser Ile Tyr Cys Arg Gly Cys Ser
195 200 205
Lys Pro Leu Cys Cys Ser Cys Ala Leu Leu Asp Ser Ser His Ser Glu
210 215 220

Leu Lys Cys Asp Ile Ser Ala Glu Ile Gln Gln Arg Gln Glu Glu Leu
225 230 235 240
Asp Ala Met Thr Gln Ala Leu Gln Glu Gln Asp Ser Ala Phe Gly Ala
245 250 255
Val His Ala Gln Met His Ala Ala Val Gly Gln Leu Gly Arg Ala Arg
260 265 270
Ala Glu Thr Glu Glu Leu Ile Arg Glu Arg Val Arg Gln Val Val Ala
275 280 285

His Val Arg Ala Gln Glu Arg Glu Leu Leu Glu Ala Val Asp Ala Arg
290 295 300
Tyr Gln Arg Asp Tyr Glu Glu Met Ala Ser Arg Leu Gly Arg Leu Asp
305 310 315 320
Ala Val Leu Gln Arg Ile Arg Thr Gly Ser Ala Leu Val Gln Arg Met
325 330 335
Lys Cys Tyr Ala Ser Asp Gln Glu Val Leu Asp Met His Gly Phe Leu
340 345 350

Arg Gln Ala Leu Cys Arg Leu Arg Gln Glu Glu Pro Gln Ser Leu Gln

355 360 365

Ala Ala Val Arg Thr Asp Gly Phe Asp Glu Phe Lys Val Arg Leu Gln

370 375 380

Asp Leu Ser Ser Cys Ile Thr Gln Gly Lys Asp Ala Ala Val Ser Lys

385 390 395 400

Lys Ala Ser Pro Glu Ala Ala Ser Thr Pro Arg Asp Pro Ile Asp Val

405 410 415

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

420 425 430

Gly Leu Ala Glu Ala Gln Pro Met Ala Val Val Gln Ser Val Pro Gly

435 440 445

Ala His Pro Val Pro Val Tyr Ala Phe Ser Ile Lys Gly Pro Ser Tyr

450 455 460

Gly Glu Asp Val Ser Asn Thr Thr Thr Ala Gln Lys Arg Lys Cys Ser

465 470 475 480

Gln Thr Gln Cys Pro Arg Lys Val Ile Lys Met Glu Ser Glu Glu Gly

485 490 495

Lys Glu Ala Arg Leu Ala Arg Ser Ser Pro Glu Gln Pro Arg Pro Ser

500 505 510

Thr Ser Lys Ala Val Ser Pro Pro His Leu Asp Gly Pro Pro Ser Pro

515 520 525

Arg Ser Pro Val Ile Gly Ser Glu Val Phe Leu Pro Asn Ser Asn His

530 535 540

Val Ala Ser Gly Ala Gly Glu Ala Glu Glu Arg Val Val Val Ile Ser

545 550 555 560

Ser Ser Glu Asp Ser Asp Ala Glu Asn Ser Ser Ser Arg Glu Leu Asp

565 570 575

Asp Ser Ser Ser Glu Ser Ser Asp Leu Gln Leu Glu Gly Pro Ser Thr

580 585 590

Leu Arg Val Leu Asp Glu Asn Leu Ala Asp Pro Gln Ala Glu Asp Arg

595 600 605

Pro Leu Val Phe Phe Asp Leu Lys Ile Asp Asn Glu Thr Gln Lys Ile
610 615 620
Ser Gln Leu Ala Ala Val Asn Arg Glu Ser Lys Phe Arg Val Val Ile
625 630 635 640
Gln Pro Glu Ala Phe Phe Ser Ile Tyr Ser Lys Ala Val Ser Leu Glu
645 650 655
Val Gly Leu Gln His Phe Leu Ser Phe Leu Ser Ser Met Arg Arg Pro
660 665 670

Ile Leu Ala Cys Tyr Lys Leu Trp Gly Pro Gly Leu Pro Asn Phe Phe
675 680 685
Arg Ala Leu Glu Asp Ile Asn Arg Leu Trp Glu Phe Gln Glu Ala Ile
690 695 700
Ser Gly Phe Leu Ala Ala Leu Pro Leu Ile Arg Glu Arg Val Pro Gly
705 710 715 720
Ala Ser Ser Phe Lys Leu Lys Asn Leu Ala Gln Thr Tyr Leu Ala Arg
725 730 735

Asn Met Ser Glu Arg Ser Ala Met Ala Ala Val Leu Ala Met Arg Asp
740 745 750
Leu Cys Arg Leu Leu Glu Val Ser Pro Gly Pro Gln Leu Ala Gln His
755 760 765
Val Tyr Pro Phe Ser Ser Leu Gln Cys Phe Ala Ser Leu Gln Pro Leu
770 775 780
Val Gln Ala Ala Val Leu Pro Arg Ala Glu Ala Arg Leu Leu Ala Leu
785 790 795 800

His Asn Val Ser Phe Met Glu Leu Leu Ser Ala His Arg Arg Asp Arg
805 810 815
Gln Gly Gly Leu Lys Lys Tyr Ser Arg Tyr Leu Ser Leu Gln Thr Thr
820 825 830
Thr Leu Pro Pro Ala Gln Pro Ala Phe Asn Leu Gln Ala Leu Gly Thr
835 840 845
Tyr Phe Glu Gly Leu Leu Glu Gly Pro Ala Leu Ala Arg Ala Glu Gly

850 855 860

Val Ser Thr Pro Leu Ala Gly Arg Gly Leu Ala Glu Arg Ala Ser Gln
865 870 875 880
Gln Ser

<210> 593
<211> 1075
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> POTEF__Homo_sapiens__A5A3E0
<400> 593

Met Val Val Glu Val Asp Ser Met Pro Ala Ala Ser Ser Val Lys Lys
1 5 10 15
Pro Phe Gly Leu Arg Ser Lys Met Gly Lys Trp Cys Cys Arg Cys Phe
20 25 30

Pro Cys Cys Arg Glu Ser Gly Lys Ser Asn Val Gly Thr Ser Gly Asp
35 40 45
His Asp Asp Ser Ala Met Lys Thr Leu Arg Ser Lys Met Gly Lys Trp
50 55 60
Cys Arg His Cys Phe Pro Cys Cys Arg Gly Ser Gly Lys Ser Asn Val
65 70 75 80
Gly Ala Ser Gly Asp His Asp Asp Ser Ala Met Lys Thr Leu Arg Asn
85 90 95

Lys Met Gly Lys Trp Cys Cys His Cys Phe Pro Cys Cys Arg Gly Ser
100 105 110
Ser Lys Ser Lys Val Gly Ala Trp Gly Asp Tyr Asp Asp Ser Ala Phe
115 120 125
Met Glu Pro Arg Tyr His Val Arg Gly Glu Asp Leu Asp Lys Leu His
130 135 140
Arg Ala Ala Trp Trp Gly Lys Val Pro Arg Lys Asp Leu Ile Val Met
145 150 155 160

Leu Arg Asp Thr Asp Val Asn Lys Gln Asp Lys Gln Lys Arg Thr Ala

165 170 175

Leu His Leu Ala Ser Ala Asn Gly Asn Ser Glu Val Val Lys Leu Leu

180 185 190

Leu Asp Arg Arg Cys Gln Leu Asn Val Leu Asp Asn Lys Lys Arg Thr

195 200 205

Ala Leu Ile Lys Ala Val Gln Cys Gln Glu Asp Glu Cys Ala Leu Met

210 215 220

Leu Leu Glu His Gly Thr Asp Pro Asn Ile Pro Asp Glu Tyr Gly Asn

225 230 235 240

Thr Thr Leu His Tyr Ala Ile Tyr Asn Glu Asp Lys Leu Met Ala Lys

245 250 255

Ala Leu Leu Leu Tyr Gly Ala Asp Ile Glu Ser Lys Asn Lys His Gly

260 265 270

Leu Thr Pro Leu Leu Leu Gly Val His Glu Gln Lys Gln Gln Val Val

275 280 285

Lys Phe Leu Ile Lys Lys Lys Ala Asn Leu Asn Ala Leu Asp Arg Tyr

290 295 300

Gly Arg Thr Ala Leu Ile Leu Ala Val Cys Cys Gly Ser Ala Ser Ile

305 310 315 320

Val Ser Leu Leu Leu Glu Gln Asn Ile Asp Val Ser Ser Gln Asp Leu

325 330 335

Ser Gly Gln Thr Ala Arg Glu Tyr Ala Val Ser Ser His His His Val

340 345 350

Ile Cys Gln Leu Leu Ser Asp Tyr Lys Glu Lys Gln Met Leu Lys Ile

355 360 365

Ser Ser Glu Asn Ser Asn Pro Glu Gln Asp Leu Lys Leu Thr Ser Glu

370 375 380

Glu Glu Ser Gln Arg Phe Lys Gly Ser Glu Asn Ser Gln Pro Glu Lys

385 390 395 400

Met Ser Gln Glu Pro Glu Ile Asn Lys Asp Gly Asp Arg Glu Val Glu

405 410 415

Glu Glu Met Lys Lys His Glu Ser Asn Asn Val Gly Leu Leu Glu Asn
420 425 430

Leu Thr Asn Gly Val Thr Ala Gly Asn Gly Asp Asn Gly Leu Ile Pro
435 440 445

Gln Arg Lys Ser Arg Thr Pro Glu Asn Gln Gln Phe Pro Asp Asn Glu
450 455 460

Ser Glu Glu Tyr His Arg Ile Cys Glu Leu Leu Ser Asp Tyr Lys Glu
465 470 475 480

Lys Gln Met Pro Lys Tyr Ser Ser Glu Asn Ser Asn Pro Glu Gln Asp
485 490 495

Leu Lys Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ser Gln Arg Leu Lys Gly Ser Glu
500 505 510

Asn Gly Gln Pro Glu Lys Arg Ser Gln Glu Pro Glu Ile Asn Lys Asp
515 520 525

Gly Asp Arg Glu Leu Glu Asn Phe Met Ala Ile Glu Glu Met Lys Lys
530 535 540

His Arg Ser Thr His Val Gly Phe Pro Glu Asn Leu Thr Asn Gly Ala
545 550 555 560

Thr Ala Gly Asn Gly Asp Asp Gly Leu Ile Pro Pro Arg Lys Ser Arg
565 570 575

Thr Pro Glu Ser Gln Gln Phe Pro Asp Thr Glu Asn Glu Glu Tyr His
580 585 590

Ser Asp Glu Gln Asn Asp Thr Gln Lys Gln Phe Cys Glu Glu Gln Asn
595 600 605

Thr Gly Ile Leu His Asp Glu Ile Leu Ile His Glu Glu Lys Gln Ile
610 615 620

Glu Val Val Glu Lys Met Asn Ser Glu Leu Ser Leu Ser Cys Lys Lys
625 630 635 640

Glu Lys Asp Ile Leu His Glu Asn Ser Thr Leu Arg Glu Glu Ile Ala
645 650 655

Met Leu Arg Leu Glu Leu Asp Thr Met Lys His Gln Ser Gln Leu Arg

660 665 670

Glu Lys Lys Tyr Leu Glu Asp Ile Glu Ser Val Lys Lys Arg Asn Asp
675 680 685
Asn Leu Leu Lys Ala Leu Gln Leu Asn Glu Leu Thr Met Asp Asp Asp
690 695 700
Thr Ala Val Leu Val Ile Asp Asn Gly Ser Gly Met Cys Lys Ala Gly
705 710 715 720
Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val Phe Pro Ser Ile Val Gly
725 730 735

Arg Pro Arg Gln Gln Gly Met Met Gly Gly Met His Gln Lys Glu Ser
740 745 750
Tyr Val Gly Lys Glu Ala Gln Ser Lys Arg Gly Ile Leu Thr Leu Lys
755 760 765
Tyr Pro Met Glu His Gly Ile Ile Thr Asn Trp Asp Asp Met Glu Lys
770 775 780
Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu Arg Val Ala Pro Glu Glu
785 790 795 800

His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala Thr Leu Asn Pro Lys Ala Asn Arg
805 810 815
Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr Phe Asn Thr Pro Ala Met
820 825 830
Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu Tyr Thr Ser Gly Arg Thr
835 840 845
Thr Gly Ile Val Met Asp Ser Gly Asp Gly Val Thr His Thr Val Pro
850 855 860

Ile Tyr Glu Gly Asn Ala Leu Pro His Ala Thr Leu Arg Leu Asp Leu
865 870 875 880
Ala Gly Arg Glu Leu Pro Asp Tyr Leu Met Lys Ile Leu Thr Glu His
885 890 895
Gly Tyr Arg Phe Thr Thr Met Ala Glu Arg Glu Ile Val Arg Asp Ile
900 905 910

Lys Glu Lys Leu Cys Tyr Val Ala Leu Asp Phe Glu Gln Glu Met Ala
915 920 925

Thr Val Ala Ser Ser Ser Ser Leu Glu Lys Ser Tyr Glu Leu Pro Asp
930 935 940
Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Asn Glu Arg Phe Arg Cys Pro Glu Ala
945 950 955 960
Leu Phe Gln Pro Cys Phe Leu Gly Met Glu Ser Cys Gly Ile His Glu
965 970 975
Thr Thr Phe Asn Ser Ile Met Lys Ser Asp Val Asp Ile Arg Lys Asp
980 985 990

Leu Tyr Thr Asn Thr Val Leu Ser Gly Gly Thr Thr Met Tyr Pro Gly
995 1000 1005
Met Ala His Arg Met Gln Lys Glu Ile Ala Ala Leu Ala Pro Ser
1010 1015 1020
Met Met Lys Ile Arg Ile Ile Ala Pro Pro Lys Arg Lys Tyr Ser
1025 1030 1035
Val Trp Val Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser Thr Phe Gln
1040 1045 1050

Gln Met Trp Ile Ser Lys Gln Glu Tyr Asp Glu Ser Gly Pro Ser
1055 1060 1065
Ile Val His Arg Lys Cys Leu
1070 1075
<210> 594
<211> 584
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> POTE__Homo_sapiens__Q86YR6
<400> 594
Met Val Ala Glu Val Cys Ser Met Pro Thr Ala Ser Thr Val Lys Lys
1 5 10 15
Pro Phe Asp Leu Arg Ser Lys Met Gly Lys Trp Cys His His Arg Phe

20 25 30

Pro Cys Cys Arg Gly Ser Gly Lys Ser Asn Met Gly Thr Ser Gly Asp

35 40 45

His Asp Asp Ser Phe Met Lys Met Leu Arg Ser Lys Met Gly Lys Cys

50 55 60

Cys Arg His Cys Phe Pro Cys Cys Arg Gly Ser Gly Thr Ser Asn Val

65 70 75 80

Gly Thr Ser Gly Asp His Glu Asn Ser Phe Met Lys Met Leu Arg Ser

85 90 95

Lys Met Gly Lys Trp Cys Cys His Cys Phe Pro Cys Cys Arg Gly Ser

100 105 110

Gly Lys Ser Asn Val Gly Ala Trp Gly Asp Tyr Asp His Ser Ala Phe

115 120 125

Met Glu Pro Arg Tyr His Ile Arg Arg Glu Asp Leu Asp Lys Leu His

130 135 140

Arg Ala Ala Trp Trp Gly Lys Val Pro Arg Lys Asp Leu Ile Val Met

145 150 155 160

Leu Arg Asp Thr Asp Met Asn Lys Arg Asp Lys Glu Lys Arg Thr Ala

165 170 175

Leu His Leu Ala Ser Ala Asn Gly Asn Ser Glu Val Val Gln Leu Leu

180 185 190

Leu Asp Arg Arg Cys Gln Leu Asn Val Leu Asp Asn Lys Lys Arg Thr

195 200 205

Ala Leu Ile Lys Ala Ile Gln Cys Gln Glu Asp Glu Cys Val Leu Met

210 215 220

Leu Leu Glu His Gly Ala Asp Arg Asn Ile Pro Asp Glu Tyr Gly Asn

225 230 235 240

Thr Ala Leu His Tyr Ala Ile Tyr Asn Glu Asp Lys Leu Met Ala Lys

245 250 255

Ala Leu Leu Leu Tyr Gly Ala Asp Ile Glu Ser Lys Asn Lys Cys Gly

260 265 270

Leu Thr Pro Leu Leu Leu Gly Val His Glu Gln Lys Gln Gln Val Val

275 280 285

Lys Phe Leu Ile Lys Lys Lys Ala Asn Leu Asn Val Leu Asp Arg Tyr

290 295 300

Gly Arg Thr Ala Leu Ile Leu Ala Val Cys Cys Gly Ser Ala Ser Ile

305 310 315 320

Val Asn Leu Leu Leu Glu Gln Asn Val Asp Val Ser Ser Gln Asp Leu

325 330 335

Ser Gly Gln Thr Ala Arg Glu Tyr Ala Val Ser Ser His His His Val

340 345 350

Ile Cys Glu Leu Leu Ser Asp Tyr Lys Glu Lys Gln Met Leu Lys Ile

355 360 365

Ser Ser Glu Asn Ser Asn Pro Glu Gln Asp Leu Lys Leu Thr Ser Glu

370 375 380

Glu Glu Ser Gln Arg Leu Lys Val Ser Glu Asn Ser Gln Pro Glu Lys

385 390 395 400

Met Ser Gln Glu Pro Glu Ile Asn Lys Asp Cys Asp Arg Glu Val Glu

405 410 415

Glu Glu Ile Lys Lys His Gly Ser Asn Pro Val Gly Leu Pro Glu Asn

420 425 430

Leu Thr Asn Gly Ala Ser Ala Gly Asn Gly Asp Asp Gly Leu Ile Pro

435 440 445

Gln Arg Arg Ser Arg Lys Pro Glu Asn Gln Gln Phe Pro Asp Thr Glu

450 455 460

Asn Glu Glu Tyr His Ser Asp Glu Gln Asn Asp Thr Arg Lys Gln Leu

465 470 475 480

Ser Glu Glu Gln Asn Thr Gly Ile Ser Gln Asp Glu Ile Leu Thr Asn

485 490 495

Lys Gln Lys Gln Ile Glu Val Ala Glu Gln Lys Met Asn Ser Glu Leu

500 505 510

Ser Leu Ser His Lys Lys Glu Glu Asp Leu Leu Arg Glu Asn Ser Val

515 520 525

Leu Gln Glu Glu Ile Ala Met Leu Arg Leu Glu Leu Asp Glu Thr Lys

530 535 540

His Gln Asn Gln Leu Arg Glu Asn Lys Ile Leu Glu Glu Ile Glu Ser

545 550 555 560

Val Lys Glu Lys Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Met Gln Leu Asn Glu

565 570 575

Glu Ala Leu Thr Lys Thr Asn Ile

580

<210> 595

<211> 509

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PRAME__Homo_sapiens__A0A024R1E6

<400> 595

Met Glu Arg Arg Arg Leu Trp Gly Ser Ile Gln Ser Arg Tyr Ile Ser

1 5 10 15

Met Ser Val Trp Thr Ser Pro Arg Arg Leu Val Glu Leu Ala Gly Gln

20 25 30

Ser Leu Leu Lys Asp Glu Ala Leu Ala Ile Ala Ala Leu Glu Leu Leu

35 40 45

Pro Arg Glu Leu Phe Pro Pro Leu Phe Met Ala Ala Phe Asp Gly Arg

50 55 60

His Ser Gln Thr Leu Lys Ala Met Val Gln Ala Trp Pro Phe Thr Cys

65 70 75 80

Leu Pro Leu Gly Val Leu Met Lys Gly Gln His Leu His Leu Glu Thr

85 90 95

Phe Lys Ala Val Leu Asp Gly Leu Asp Val Leu Leu Ala Gln Glu Val

100 105 110

Arg Pro Arg Arg Trp Lys Leu Gln Val Leu Asp Leu Arg Lys Asn Ser

115 120 125

His Gln Asp Phe Trp Thr Val Trp Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Tyr

130 135 140

Ser Phe Pro Glu Pro Glu Ala Ala Gln Pro Met Thr Lys Lys Arg Lys
145 150 155 160
Val Asp Gly Leu Ser Thr Glu Ala Glu Gln Pro Phe Ile Pro Val Glu
165 170 175
Val Leu Val Asp Leu Phe Leu Lys Glu Gly Ala Cys Asp Glu Leu Phe
180 185 190
Ser Tyr Leu Ile Glu Lys Val Lys Arg Lys Lys Asn Val Leu Arg Leu

195 200 205

Cys Cys Lys Lys Leu Lys Ile Phe Ala Met Pro Met Gln Asp Ile Lys
210 215 220
Met Ile Leu Lys Met Val Gln Leu Asp Ser Ile Glu Asp Leu Glu Val
225 230 235 240
Thr Cys Thr Trp Lys Leu Pro Thr Leu Ala Lys Phe Ser Pro Tyr Leu
245 250 255
Gly Gln Met Ile Asn Leu Arg Arg Leu Leu Leu Ser His Ile His Ala

260 265 270

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

325 330 335

Gly Asp Val Met His Leu Ser Gln Ser Pro Ser Val Ser Gln Leu Ser
340 345 350
Val Leu Ser Leu Ser Gly Val Met Leu Thr Asp Val Ser Pro Glu Pro
355 360 365
Leu Gln Ala Leu Leu Glu Arg Ala Ser Ala Thr Leu Gln Asp Leu Val

370 375 380

Phe Asp Glu Cys Gly Ile Thr Asp Asp Gln Leu Leu Ala Leu Leu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Ser His Cys Ser Gln Leu Thr Thr Leu Ser Phe Tyr Gly Asn

405 410 415

Ser Ile Ser Ile Ser Ala Leu Gln Ser Leu Leu Gln His Leu Ile Gly

420 425 430

Leu Ser Asn Leu Thr His Val Leu Tyr Pro Val Pro Leu Glu Ser Tyr

435 440 445

Glu Asp Ile His Gly Thr Leu His Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Leu His

450 455 460

Ala Arg Leu Arg Glu Leu Leu Cys Glu Leu Gly Arg Pro Ser Met Val

465 470 475 480

Trp Leu Ser Ala Asn Pro Cys Pro His Cys Gly Asp Arg Thr Phe Tyr

485 490 495

Asp Pro Glu Pro Ile Leu Cys Pro Cys Phe Met Pro Asn

500 505

<210> 596

<211> 509

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PRAME__Homo_sapiens__P78395

<400> 596

Met Glu Arg Arg Arg Leu Trp Gly Ser Ile Gln Ser Arg Tyr Ile Ser

1 5 10 15

Met Ser Val Trp Thr Ser Pro Arg Arg Leu Val Glu Leu Ala Gly Gln

20 25 30

Ser Leu Leu Lys Asp Glu Ala Leu Ala Ile Ala Ala Leu Glu Leu Leu

35 40 45

Pro Arg Glu Leu Phe Pro Pro Leu Phe Met Ala Ala Phe Asp Gly Arg

50 55 60

His Ser Gln Thr Leu Lys Ala Met Val Gln Ala Trp Pro Phe Thr Cys
65 70 75 80
Leu Pro Leu Gly Val Leu Met Lys Gly Gln His Leu His Leu Glu Thr
85 90 95
Phe Lys Ala Val Leu Asp Gly Leu Asp Val Leu Leu Ala Gln Glu Val
100 105 110
Arg Pro Arg Arg Trp Lys Leu Gln Val Leu Asp Leu Arg Lys Asn Ser
115 120 125

His Gln Asp Phe Trp Thr Val Trp Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Tyr
130 135 140
Ser Phe Pro Glu Pro Glu Ala Ala Gln Pro Met Thr Lys Lys Arg Lys
145 150 155 160
Val Asp Gly Leu Ser Thr Glu Ala Glu Gln Pro Phe Ile Pro Val Glu
165 170 175
Val Leu Val Asp Leu Phe Leu Lys Glu Gly Ala Cys Asp Glu Leu Phe
180 185 190

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

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

305 310 315 320

Met Asn Pro Leu Glu Thr Leu Ser Ile Thr Asn Cys Arg Leu Ser Glu
325 330 335
Gly Asp Val Met His Leu Ser Gln Ser Pro Ser Val Ser Gln Leu Ser
340 345 350
Val Leu Ser Leu Ser Gly Val Met Leu Thr Asp Val Ser Pro Glu Pro
355 360 365
Leu Gln Ala Leu Leu Glu Arg Ala Ser Ala Thr Leu Gln Asp Leu Val
370 375 380

Phe Asp Glu Cys Gly Ile Thr Asp Asp Gln Leu Leu Ala Leu Leu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Ser His Cys Ser Gln Leu Thr Thr Leu Ser Phe Tyr Gly Asn
405 410 415
Ser Ile Ser Ile Ser Ala Leu Gln Ser Leu Leu Gln His Leu Ile Gly
420 425 430
Leu Ser Asn Leu Thr His Val Leu Tyr Pro Val Pro Leu Glu Ser Tyr
435 440 445

Glu Asp Ile His Gly Thr Leu His Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Leu His
450 455 460
Ala Arg Leu Arg Glu Leu Leu Cys Glu Leu Gly Arg Pro Ser Met Val
465 470 475 480
Trp Leu Ser Ala Asn Pro Cys Pro His Cys Gly Asp Arg Thr Phe Tyr
485 490 495
Asp Pro Glu Pro Ile Leu Cys Pro Cys Phe Met Pro Asn
500 505

<210> 597

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PRDX5/m__Homo_sapiens__P30044

<400> 597

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

50 55 60
Val Glu Val Phe Glu Gly Glu Pro Gly Asn Lys Val Asn Leu Ala Glu
65 70 75 80
Leu Phe Lys Gly Lys Lys Gly Val Leu Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe
85 90 95
Thr Pro Gly Cys Ser Lys Thr His Leu Pro Gly Phe Val Glu Gln Ala
100 105 110
Glu Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Gln Val Val Ala Cys Leu Ser Val

115 120 125
Asn Asp Ala Phe Val Thr Gly Glu Trp Gly Arg Ala His Lys Ala Glu
130 135 140
Gly Lys Val Arg Leu Leu Ala Asp Pro Thr Gly Ala Phe Gly Lys Glu
145 150 155 160
Thr Asp Leu Leu Leu Asp Asp Ser Leu Val Ser Ile Phe Gly Asn Arg
165 170 175
Arg Leu Lys Arg Phe Ser Met Val Val Gln Asp Gly Ile Val Lys Ala

180 185 190
Leu Asn Val Glu Pro Asp Gly Thr Gly Leu Thr Cys Ser Leu Ala Pro
195 200 205
Asn Ile Ile Ser Gln Leu
210
<210> 598
<211> 102
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> PRM2__Homo_sapiens__P04554

<400> 598

Met Val Arg Tyr Arg Val Arg Ser Leu Ser Glu Arg Ser His Glu Val
1 5 10 15

Tyr Arg Gln Gln Leu His Gly Gln Glu Gln Gly His His Gly Gln Glu

20 25 30

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

Gly Gln Ser His Tyr Arg Arg Arg His Cys Ser Arg Arg Arg Leu His
50 55 60

Arg Ile His Arg Arg Gln His Arg Ser Cys Arg Arg Arg Lys Arg Arg
65 70 75 80

Ser Cys Arg His Arg Arg Arg His Arg Arg Gly Cys Arg Thr Arg Lys

85 90 95

Arg Thr Cys Arg Arg His

100

<210> 599

<211> 553

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> prostein__Homo_sapiens__Q96JT2

<400> 599

Met Val Gln Arg Leu Trp Val Ser Arg Leu Leu Arg His Arg Lys Ala
1 5 10 15

Gln Leu Leu Leu Val Asn Leu Leu Thr Phe Gly Leu Glu Val Cys Leu

20 25 30

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

35 40 45

Glu Glu Lys Phe Met Thr Met Val Leu Gly Ile Gly Pro Val Leu Gly
50 55 60

Leu Val Cys Val Pro Leu Leu Gly Ser Ala Ser Asp His Trp Arg Gly
65 70 75 80

Arg Tyr Gly Arg Arg Arg Pro Phe Ile Trp Ala Leu Ser Leu Gly Ile
85 90 95
Leu Leu Ser Leu Phe Leu Ile Pro Arg Ala Gly Trp Leu Ala Gly Leu

100 105 110
Leu Cys Pro Asp Pro Arg Pro Leu Glu Leu Ala Leu Leu Ile Leu Gly
115 120 125
Val Gly Leu Leu Asp Phe Cys Gly Gln Val Cys Phe Thr Pro Leu Glu
130 135 140
Ala Leu Leu Ser Asp Leu Phe Arg Asp Pro Asp His Cys Arg Gln Ala
145 150 155 160
Tyr Ser Val Tyr Ala Phe Met Ile Ser Leu Gly Gly Cys Leu Gly Tyr

165 170 175
Leu Leu Pro Ala Ile Asp Trp Asp Thr Ser Ala Leu Ala Pro Tyr Leu
180 185 190
Gly Thr Gln Glu Glu Cys Leu Phe Gly Leu Leu Thr Leu Ile Phe Leu
195 200 205
Thr Cys Val Ala Ala Thr Leu Leu Val Ala Glu Glu Ala Ala Leu Gly
210 215 220
Pro Thr Glu Pro Ala Glu Gly Leu Ser Ala Pro Ser Leu Ser Pro His

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

290 295 300
Pro Arg Ala Glu Pro Gly Thr Glu Ala Arg Arg His Tyr Asp Glu Gly
305 310 315 320
Val Arg Met Gly Ser Leu Gly Leu Phe Leu Gln Cys Ala Ile Ser Leu

325 330 335

Val Phe Ser Leu Val Met Asp Arg Leu Val Gln Arg Phe Gly Thr Arg

340 345 350

Ala Val Tyr Leu Ala Ser Val Ala Ala Phe Pro Val Ala Ala Gly Ala

355 360 365

Thr Cys Leu Ser His Ser Val Ala Val Val Thr Ala Ser Ala Ala Leu

370 375 380

Thr Gly Phe Thr Phe Ser Ala Leu Gln Ile Leu Pro Tyr Thr Leu Ala

385 390 395 400

Ser Leu Tyr His Arg Glu Lys Gln Val Phe Leu Pro Lys Tyr Arg Gly

405 410 415

Asp Thr Gly Gly Ala Ser Ser Glu Asp Ser Leu Met Thr Ser Phe Leu

420 425 430

Pro Gly Pro Lys Pro Gly Ala Pro Phe Pro Asn Gly His Val Gly Ala

435 440 445

Gly Gly Ser Gly Leu Leu Pro Pro Pro Pro Ala Leu Cys Gly Ala Ser

450 455 460

Ala Cys Asp Val Ser Val Arg Val Val Val Gly Glu Pro Thr Glu Ala

465 470 475 480

Arg Val Val Pro Gly Arg Gly Ile Cys Leu Asp Leu Ala Ile Leu Asp

485 490 495

Ser Ala Phe Leu Leu Ser Gln Val Ala Pro Ser Leu Phe Met Gly Ser

500 505 510

Ile Val Gln Leu Ser Gln Ser Val Thr Ala Tyr Met Val Ser Ala Ala

515 520 525

Gly Leu Gly Leu Val Ala Ile Tyr Phe Ala Thr Gln Val Val Phe Asp

530 535 540

Lys Ser Asp Leu Ala Lys Tyr Ser Ala

545 550

<210> 600

<211> 215

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> proteinase-3__Homo_sapiens__D6CHE9

<400> 600

Met Ala Ser Leu Gln Met Arg Gly Asn Pro Gly Ser His Phe Cys Gly
1 5 10 15

Gly Thr Leu Ile His Pro Ser Phe Val Leu Thr Ala Ala His Cys Leu
20 25 30

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

Val Arg Thr Gln Glu Pro Thr Gln Gln His Phe Ser Val Ala Gln Val
50 55 60

Phe Leu Asn Asn Tyr Asp Ala Glu Asn Lys Leu Asn Asp Ile Leu Leu
65 70 75 80

Ile Gln Leu Ser Ser Pro Ala Asn Leu Ser Ala Ser Val Ala Thr Val
85 90 95

Gln Leu Pro Gln Gln Asp Gln Pro Val Pro His Gly Thr Gln Cys Leu
100 105 110

Ala Met Gly Trp Gly Arg Val Gly Ala His Asp Pro Pro Ala Gln Val
115 120 125

Leu Gln Glu Leu Asn Val Thr Val Val Thr Phe Phe Cys Arg Pro His
130 135 140

Asn Ile Cys Thr Phe Val Pro Arg Arg Lys Ala Gly Ile Cys Phe Gly
145 150 155 160

Asp Ser Gly Gly Pro Leu Ile Cys Asp Gly Ile Ile Gln Gly Ile Asp
165 170 175

Ser Phe Val Ile Trp Gly Cys Ala Thr Arg Leu Phe Pro Asp Phe Phe
180 185 190

Thr Arg Val Ala Leu Tyr Val Asp Trp Ile Arg Ser Thr Leu Arg Arg
195 200 205

Val Glu Ala Lys Gly Arg Pro
210 215

<210> 601

<211> 256

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> proteinase-3__Homo_sapiens__P24158

<400> 601

Met Ala His Arg Pro Pro Ser Pro Ala Leu Ala Ser Val Leu Leu Ala

1 5 10 15

Leu Leu Leu Ser Gly Ala Ala Arg Ala Ala Glu Ile Val Gly Gly His

20 25 30

Glu Ala Gln Pro His Ser Arg Pro Tyr Met Ala Ser Leu Gln Met Arg

35 40 45

Gly Asn Pro Gly Ser His Phe Cys Gly Gly Thr Leu Ile His Pro Ser

50 55 60

Phe Val Leu Thr Ala Ala His Cys Leu Arg Asp Ile Pro Gln Arg Leu

65 70 75 80

Val Asn Val Val Leu Gly Ala His Asn Val Arg Thr Gln Glu Pro Thr

85 90 95

Gln Gln His Phe Ser Val Ala Gln Val Phe Leu Asn Asn Tyr Asp Ala

100 105 110

Glu Asn Lys Leu Asn Asp Val Leu Leu Ile Gln Leu Ser Ser Pro Ala

115 120 125

Asn Leu Ser Ala Ser Val Ala Thr Val Gln Leu Pro Gln Gln Asp Gln

130 135 140

Pro Val Pro His Gly Thr Gln Cys Leu Ala Met Gly Trp Gly Arg Val

145 150 155 160

Gly Ala His Asp Pro Pro Ala Gln Val Leu Gln Glu Leu Asn Val Thr

165 170 175

Val Val Thr Phe Phe Cys Arg Pro His Asn Ile Cys Thr Phe Val Pro

180 185 190

Arg Arg Lys Ala Gly Ile Cys Phe Gly Asp Ser Gly Gly Pro Leu Ile

195 200 205

Cys Asp Gly Ile Ile Gln Gly Ile Asp Ser Phe Val Ile Trp Gly Cys

210 215 220

Ala Thr Arg Leu Phe Pro Asp Phe Phe Thr Arg Val Ala Leu Tyr Val

225 230 235 240

Asp Trp Ile Arg Ser Thr Leu Arg Arg Val Glu Ala Lys Gly Arg Pro

245 250 255

<210> 602

<211> 919

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSA__Homo_sapiens__P55786

<400> 602

Met Trp Leu Ala Ala Ala Ala Pro Ser Leu Ala Arg Arg Leu Leu Phe

1 5 10 15

Leu Gly Pro Pro Pro Pro Pro Leu Leu Leu Leu Val Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Ser Arg Arg Arg Leu His Ser Leu Gly Leu Ala Ala Met Pro Glu Lys

35 40 45

Arg Pro Phe Glu Arg Leu Pro Ala Asp Val Ser Pro Ile Asn Tyr Ser

50 55 60

Leu Cys Leu Lys Pro Asp Leu Leu Asp Phe Thr Phe Glu Gly Lys Leu

65 70 75 80

Glu Ala Ala Ala Gln Val Arg Gln Ala Thr Asn Gln Ile Val Met Asn

85 90 95

Cys Ala Asp Ile Asp Ile Ile Thr Ala Ser Tyr Ala Pro Glu Gly Asp

100 105 110

Glu Glu Ile His Ala Thr Gly Phe Asn Tyr Gln Asn Glu Asp Glu Lys

115 120 125

Val Thr Leu Ser Phe Pro Ser Thr Leu Gln Thr Gly Thr Gly Thr Leu

130 135 140

Lys Ile Asp Phe Val Gly Glu Leu Asn Asp Lys Met Lys Gly Phe Tyr

145 150 155 160

Arg Ser Lys Tyr Thr Thr Pro Ser Gly Glu Val Arg Tyr Ala Ala Val

165 170 175

Thr Gln Phe Glu Ala Thr Asp Ala Arg Arg Ala Phe Pro Cys Trp Asp

180 185 190

Glu Pro Ala Ile Lys Ala Thr Phe Asp Ile Ser Leu Val Val Pro Lys

195 200 205

Asp Arg Val Ala Leu Ser Asn Met Asn Val Ile Asp Arg Lys Pro Tyr

210 215 220

Pro Asp Asp Glu Asn Leu Val Glu Val Lys Phe Ala Arg Thr Pro Val

225 230 235 240

Met Ser Thr Tyr Leu Val Ala Phe Val Val Gly Glu Tyr Asp Phe Val

245 250 255

Glu Thr Arg Ser Lys Asp Gly Val Cys Val Arg Val Tyr Thr Pro Val

260 265 270

Gly Lys Ala Glu Gln Gly Lys Phe Ala Leu Glu Val Ala Ala Lys Thr

275 280 285

Leu Pro Phe Tyr Lys Asp Tyr Phe Asn Val Pro Tyr Pro Leu Pro Lys

290 295 300

Ile Asp Leu Ile Ala Ile Ala Asp Phe Ala Ala Gly Ala Met Glu Asn

305 310 315 320

Trp Gly Leu Val Thr Tyr Arg Glu Thr Ala Leu Leu Ile Asp Pro Lys

325 330 335

Asn Ser Cys Ser Ser Ser Arg Gln Trp Val Ala Leu Val Val Gly His

340 345 350

Glu Leu Ala His Gln Trp Phe Gly Asn Leu Val Thr Met Glu Trp Trp

355 360 365

Thr His Leu Trp Leu Asn Glu Gly Phe Ala Ser Trp Ile Glu Tyr Leu

370 375 380

Cys Val Asp His Cys Phe Pro Glu Tyr Asp Ile Trp Thr Gln Phe Val

385 390 395 400

Ser Ala Asp Tyr Thr Arg Ala Gln Glu Leu Asp Ala Leu Asp Asn Ser
405 410 415
His Pro Ile Glu Val Ser Val Gly His Pro Ser Glu Val Asp Glu Ile
420 425 430
Phe Asp Ala Ile Ser Tyr Ser Lys Gly Ala Ser Val Ile Arg Met Leu

435 440 445
His Asp Tyr Ile Gly Asp Lys Asp Phe Lys Lys Gly Met Asn Met Tyr
450 455 460
Leu Thr Lys Phe Gln Gln Lys Asn Ala Ala Thr Glu Asp Leu Trp Glu
465 470 475 480
Ser Leu Glu Asn Ala Ser Gly Lys Pro Ile Ala Ala Val Met Asn Thr
485 490 495
Trp Thr Lys Gln Met Gly Phe Pro Leu Ile Tyr Val Glu Ala Glu Gln

500 505 510
Val Glu Asp Asp Arg Leu Leu Arg Leu Ser Gln Lys Lys Phe Cys Ala
515 520 525
Gly Gly Ser Tyr Val Gly Glu Asp Cys Pro Gln Trp Met Val Pro Ile
530 535 540
Thr Ile Ser Thr Ser Glu Asp Pro Asn Gln Ala Lys Leu Lys Ile Leu
545 550 555 560
Met Asp Lys Pro Glu Met Asn Val Val Leu Lys Asn Val Lys Pro Asp

565 570 575
Gln Trp Val Lys Leu Asn Leu Gly Thr Val Gly Phe Tyr Arg Thr Gln
580 585 590
Tyr Ser Ser Ala Met Leu Glu Ser Leu Leu Pro Gly Ile Arg Asp Leu
595 600 605
Ser Leu Pro Pro Val Asp Arg Leu Gly Leu Gln Asn Asp Leu Phe Ser
610 615 620
Leu Ala Arg Ala Gly Ile Ile Ser Thr Val Glu Val Leu Lys Val Met

625 630 635 640
Glu Ala Phe Val Asn Glu Pro Asn Tyr Thr Val Trp Ser Asp Leu Ser

645 650 655

Cys Asn Leu Gly Ile Leu Ser Thr Leu Leu Ser His Thr Asp Phe Tyr

660 665 670

Glu Glu Ile Gln Glu Phe Val Lys Asp Val Phe Ser Pro Ile Gly Glu

675 680 685

Arg Leu Gly Trp Asp Pro Lys Pro Gly Glu Gly His Leu Asp Ala Leu

690 695 700

Leu Arg Gly Leu Val Leu Gly Lys Leu Gly Lys Ala Gly His Lys Ala

705 710 715 720

Thr Leu Glu Glu Ala Arg Arg Arg Phe Lys Asp His Val Glu Gly Lys

725 730 735

Gln Ile Leu Ser Ala Asp Leu Arg Ser Pro Val Tyr Leu Thr Val Leu

740 745 750

Lys His Gly Asp Gly Thr Thr Leu Asp Ile Met Leu Lys Leu His Lys

755 760 765

Gln Ala Asp Met Gln Glu Glu Lys Asn Arg Ile Glu Arg Val Leu Gly

770 775 780

Ala Thr Leu Leu Pro Asp Leu Ile Gln Lys Val Leu Thr Phe Ala Leu

785 790 795 800

Ser Glu Glu Val Arg Pro Gln Asp Thr Val Ser Val Ile Gly Gly Val

805 810 815

Ala Gly Gly Ser Lys His Gly Arg Lys Ala Ala Trp Lys Phe Ile Lys

820 825 830

Asp Asn Trp Glu Glu Leu Tyr Asn Arg Tyr Gln Gly Gly Phe Leu Ile

835 840 845

Ser Arg Leu Ile Lys Leu Ser Val Glu Gly Phe Ala Val Asp Lys Met

850 855 860

Ala Gly Glu Val Lys Ala Phe Phe Glu Ser His Pro Ala Pro Ser Ala

865 870 875 880

Glu Arg Thr Ile Gln Gln Cys Cys Glu Asn Ile Leu Leu Asn Ala Ala

885 890 895

Trp Leu Lys Arg Asp Ala Glu Ser Ile His Gln Tyr Leu Leu Gln Arg
900 905 910

Lys Ala Ser Pro Pro Thr Val
915

<210> 603

<211> 219

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSB9__Homo_sapiens__P28065

<400> 603

Met Leu Arg Ala Gly Ala Pro Thr Gly Asp Leu Pro Arg Ala Gly Glu
1 5 10 15

Val His Thr Gly Thr Thr Ile Met Ala Val Glu Phe Asp Gly Gly Val
20 25 30

Val Met Gly Ser Asp Ser Arg Val Ser Ala Gly Glu Ala Val Val Asn
35 40 45

Arg Val Phe Asp Lys Leu Ser Pro Leu His Glu Arg Ile Tyr Cys Ala
50 55 60

Leu Ser Gly Ser Ala Ala Asp Ala Gln Ala Val Ala Asp Met Ala Ala
65 70 75 80

Tyr Gln Leu Glu Leu His Gly Ile Glu Leu Glu Glu Pro Pro Leu Val
85 90 95

Leu Ala Ala Ala Asn Val Val Arg Asn Ile Ser Tyr Lys Tyr Arg Glu
100 105 110

Asp Leu Ser Ala His Leu Met Val Ala Gly Trp Asp Gln Arg Glu Gly
115 120 125

Gly Gln Val Tyr Gly Thr Leu Gly Gly Met Leu Thr Arg Gln Pro Phe
130 135 140

Ala Ile Gly Gly Ser Gly Ser Thr Phe Ile Tyr Gly Tyr Val Asp Ala
145 150 155 160

Ala Tyr Lys Pro Gly Met Ser Pro Glu Glu Cys Arg Arg Phe Thr Thr
165 170 175

Asp Ala Ile Ala Leu Ala Met Ser Arg Asp Gly Ser Ser Gly Gly Val
180 185 190
Ile Tyr Leu Val Thr Ile Thr Ala Ala Gly Val Asp His Arg Val Ile
195 200 205
Leu Gly Asn Glu Leu Pro Lys Phe Tyr Asp Glu
210 215

<210> 604
<211> 114
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA__Homo_sapiens__D3DWI6
<400> 604
Met Ala Gly Leu Ala Leu Gln Pro Gly Thr Ala Leu Leu Cys Tyr Ser
1 5 10 15
Cys Lys Ala Gln Val Ser Asn Glu Asp Cys Leu Gln Val Glu Asn Cys
20 25 30
Thr Gln Leu Gly Glu Gln Cys Trp Thr Ala Arg Ile Arg Ala Val Gly
35 40 45

Leu Leu Thr Val Ile Ser Lys Gly Cys Ser Leu Asn Cys Val Asp Asp
50 55 60
Ser Gln Asp Tyr Tyr Val Gly Lys Lys Asn Ile Thr Cys Cys Asp Thr
65 70 75 80
Asp Leu Cys Asn Ala Ser Gly Ala His Ala Leu Gln Pro Ala Ala Ala
85 90 95
Ile Leu Ala Leu Leu Pro Ala Leu Gly Leu Leu Leu Trp Gly Pro Gly
100 105 110

Gln Leu
<210> 605
<211> 123
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA__Homo_sapiens__O43653

<400> 605

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

Trp Thr Ala Arg Ile Arg Ala Val Gly Leu Leu Thr Val Ile Ser Lys
50 55 60
Gly Cys Ser Leu Asn Cys Val Asp Asp Ser Gln Asp Tyr Tyr Val Gly
65 70 75 80
Lys Lys Asn Ile Thr Cys Cys Asp Thr Asp Leu Cys Asn Ala Ser Gly
85 90 95
Ala His Ala Leu Gln Pro Ala Ala Ala Ile Leu Ala Leu Leu Pro Ala
100 105 110

Leu Gly Leu Leu Leu Trp Gly Pro Gly Gln Leu
115 120

<210> 606

<211> 320

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSGR__Homo_sapiens__Q9H255

<400> 606

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

35 40 45
Arg Thr Glu Arg Ser Leu His Ala Pro Met Tyr Leu Phe Leu Cys Met
50 55 60
Leu Ala Ala Ile Asp Leu Ala Leu Ser Thr Ser Thr Met Pro Lys Ile

65 70 75 80

Leu Ala Leu Phe Trp Phe Asp Ser Arg Glu Ile Ser Phe Glu Ala Cys

85 90 95

Leu Thr Gln Met Phe Phe Ile His Ala Leu Ser Ala Ile Glu Ser Thr

100 105 110

Ile Leu Leu Ala Met Ala Phe Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys His Pro

115 120 125

Leu Arg His Ala Ala Val Leu Asn Asn Thr Val Thr Ala Gln Ile Gly

130 135 140

Ile Val Ala Val Val Arg Gly Ser Leu Phe Phe Phe Pro Leu Pro Leu

145 150 155 160

Leu Ile Lys Arg Leu Ala Phe Cys His Ser Asn Val Leu Ser His Ser

165 170 175

Tyr Cys Val His Gln Asp Val Met Lys Leu Ala Tyr Ala Asp Thr Leu

180 185 190

Pro Asn Val Val Tyr Gly Leu Thr Ala Ile Leu Leu Val Met Gly Val

195 200 205

Asp Val Met Phe Ile Ser Leu Ser Tyr Phe Leu Ile Ile Arg Thr Val

210 215 220

Leu Gln Leu Pro Ser Lys Ser Glu Arg Ala Lys Ala Phe Gly Thr Cys

225 230 235 240

Val Ser His Ile Gly Val Val Leu Ala Phe Tyr Val Pro Leu Ile Gly

245 250 255

Leu Ser Val Val His Arg Phe Gly Asn Ser Leu His Pro Ile Val Arg

260 265 270

Val Val Met Gly Asp Ile Tyr Leu Leu Leu Pro Pro Val Ile Asn Pro

275 280 285

Ile Ile Tyr Gly Ala Lys Thr Lys Gln Ile Arg Thr Arg Val Leu Ala

290 295 300

Met Phe Lys Ile Ser Cys Asp Lys Asp Leu Gln Ala Val Gly Gly Lys

305 310 315 320

<210> 607

<211> 750

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSM__Homo_sapiens__Q04609

<400> 607

Met Trp Asn Leu Leu His Glu Thr Asp Ser Ala Val Ala Thr Ala Arg
1 5 10 15

Arg Pro Arg Trp Leu Cys Ala Gly Ala Leu Val Leu Ala Gly Gly Phe

20 25 30

Phe Leu Leu Gly Phe Leu Phe Gly Trp Phe Ile Lys Ser Ser Asn Glu
35 40 45

Ala Thr Asn Ile Thr Pro Lys His Asn Met Lys Ala Phe Leu Asp Glu
50 55 60

Leu Lys Ala Glu Asn Ile Lys Lys Phe Leu Tyr Asn Phe Thr Gln Ile
65 70 75 80

Pro His Leu Ala Gly Thr Glu Gln Asn Phe Gln Leu Ala Lys Gln Ile

85 90 95

Gln Ser Gln Trp Lys Glu Phe Gly Leu Asp Ser Val Glu Leu Ala His
100 105 110

Tyr Asp Val Leu Leu Ser Tyr Pro Asn Lys Thr His Pro Asn Tyr Ile
115 120 125

Ser Ile Ile Asn Glu Asp Gly Asn Glu Ile Phe Asn Thr Ser Leu Phe
130 135 140

Glu Pro Pro Pro Pro Gly Tyr Glu Asn Val Ser Asp Ile Val Pro Pro

145 150 155 160

Phe Ser Ala Phe Ser Pro Gln Gly Met Pro Glu Gly Asp Leu Val Tyr
165 170 175

Val Asn Tyr Ala Arg Thr Glu Asp Phe Phe Lys Leu Glu Arg Asp Met
180 185 190

Lys Ile Asn Cys Ser Gly Lys Ile Val Ile Ala Arg Tyr Gly Lys Val
195 200 205

Phe Arg Gly Asn Lys Val Lys Asn Ala Gln Leu Ala Gly Ala Lys Gly

210 215 220

Val Ile Leu Tyr Ser Asp Pro Ala Asp Tyr Phe Ala Pro Gly Val Lys

225 230 235 240

Ser Tyr Pro Asp Gly Trp Asn Leu Pro Gly Gly Gly Val Gln Arg Gly

245 250 255

Asn Ile Leu Asn Leu Asn Gly Ala Gly Asp Pro Leu Thr Pro Gly Tyr

260 265 270

Pro Ala Asn Glu Tyr Ala Tyr Arg Arg Gly Ile Ala Glu Ala Val Gly

275 280 285

Leu Pro Ser Ile Pro Val His Pro Ile Gly Tyr Tyr Asp Ala Gln Lys

290 295 300

Leu Leu Glu Lys Met Gly Gly Ser Ala Pro Pro Asp Ser Ser Trp Arg

305 310 315 320

Gly Ser Leu Lys Val Pro Tyr Asn Val Gly Pro Gly Phe Thr Gly Asn

325 330 335

Phe Ser Thr Gln Lys Val Lys Met His Ile His Ser Thr Asn Glu Val

340 345 350

Thr Arg Ile Tyr Asn Val Ile Gly Thr Leu Arg Gly Ala Val Glu Pro

355 360 365

Asp Arg Tyr Val Ile Leu Gly Gly His Arg Asp Ser Trp Val Phe Gly

370 375 380

Gly Ile Asp Pro Gln Ser Gly Ala Ala Val Val His Glu Ile Val Arg

385 390 395 400

Ser Phe Gly Thr Leu Lys Lys Glu Gly Trp Arg Pro Arg Arg Thr Ile

405 410 415

Leu Phe Ala Ser Trp Asp Ala Glu Glu Phe Gly Leu Leu Gly Ser Thr

420 425 430

Glu Trp Ala Glu Glu Asn Ser Arg Leu Leu Gln Glu Arg Gly Val Ala

435 440 445

Tyr Ile Asn Ala Asp Ser Ser Ile Glu Gly Asn Tyr Thr Leu Arg Val

450 455 460

Asp Cys Thr Pro Leu Met Tyr Ser Leu Val His Asn Leu Thr Lys Glu

465 470 475 480

Leu Lys Ser Pro Asp Glu Gly Phe Glu Gly Lys Ser Leu Tyr Glu Ser

485 490 495

Trp Thr Lys Lys Ser Pro Ser Pro Glu Phe Ser Gly Met Pro Arg Ile

500 505 510

Ser Lys Leu Gly Ser Gly Asn Asp Phe Glu Val Phe Phe Gln Arg Leu

515 520 525

Gly Ile Ala Ser Gly Arg Ala Arg Tyr Thr Lys Asn Trp Glu Thr Asn

530 535 540

Lys Phe Ser Gly Tyr Pro Leu Tyr His Ser Val Tyr Glu Thr Tyr Glu

545 550 555 560

Leu Val Glu Lys Phe Tyr Asp Pro Met Phe Lys Tyr His Leu Thr Val

565 570 575

Ala Gln Val Arg Gly Gly Met Val Phe Glu Leu Ala Asn Ser Ile Val

580 585 590

Leu Pro Phe Asp Cys Arg Asp Tyr Ala Val Val Leu Arg Lys Tyr Ala

595 600 605

Asp Lys Ile Tyr Ser Ile Ser Met Lys His Pro Gln Glu Met Lys Thr

610 615 620

Tyr Ser Val Ser Phe Asp Ser Leu Phe Ser Ala Val Lys Asn Phe Thr

625 630 635 640

Glu Ile Ala Ser Lys Phe Ser Glu Arg Leu Gln Asp Phe Asp Lys Ser

645 650 655

Asn Pro Ile Val Leu Arg Met Met Asn Asp Gln Leu Met Phe Leu Glu

660 665 670

Arg Ala Phe Ile Asp Pro Leu Gly Leu Pro Asp Arg Pro Phe Tyr Arg

675 680 685

His Val Ile Tyr Ala Pro Ser Ser His Asn Lys Tyr Ala Gly Glu Ser

690 695 700

Phe Pro Gly Ile Tyr Asp Ala Leu Phe Asp Ile Glu Ser Lys Val Asp
705 710 715 720
Pro Ser Lys Ala Trp Gly Glu Val Lys Arg Gln Ile Tyr Val Ala Ala

725 730 735
Phe Thr Val Gln Ala Ala Ala Glu Thr Leu Ser Glu Val Ala
740 745 750

<210> 608
<211> 1306
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PTPRC__Homo_sapiens__NP_002829
<400> 608
Met Thr Met Tyr Leu Trp Leu Lys Leu Leu Ala Phe Gly Phe Ala Phe
1 5 10 15
Leu Asp Thr Glu Val Phe Val Thr Gly Gln Ser Pro Thr Pro Ser Pro
20 25 30

Thr Gly Leu Thr Thr Ala Lys Met Pro Ser Val Pro Leu Ser Ser Asp
35 40 45
Pro Leu Pro Thr His Thr Thr Ala Phe Ser Pro Ala Ser Thr Phe Glu
50 55 60
Arg Glu Asn Asp Phe Ser Glu Thr Thr Thr Ser Leu Ser Pro Asp Asn
65 70 75 80
Thr Ser Thr Gln Val Ser Pro Asp Ser Leu Asp Asn Ala Ser Ala Phe
85 90 95

Asn Thr Thr Gly Val Ser Ser Val Gln Thr Pro His Leu Pro Thr His
100 105 110
Ala Asp Ser Gln Thr Pro Ser Ala Gly Thr Asp Thr Gln Thr Phe Ser
115 120 125
Gly Ser Ala Ala Asn Ala Lys Leu Asn Pro Thr Pro Gly Ser Asn Ala
130 135 140
Ile Ser Asp Val Pro Gly Glu Arg Ser Thr Ala Ser Thr Phe Pro Thr

145 150 155 160

Asp Pro Val Ser Pro Leu Thr Thr Thr Leu Ser Leu Ala His His Ser
165 170 175
Ser Ala Ala Leu Pro Ala Arg Thr Ser Asn Thr Thr Ile Thr Ala Asn
180 185 190
Thr Ser Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Ser Glu Thr Thr Thr Leu Ser Pro
195 200 205
Ser Gly Ser Ala Val Ile Ser Thr Thr Thr Ile Ala Thr Thr Pro Ser
210 215 220

Lys Pro Thr Cys Asp Glu Lys Tyr Ala Asn Ile Thr Val Asp Tyr Leu
225 230 235 240
Tyr Asn Lys Glu Thr Lys Leu Phe Thr Ala Lys Leu Asn Val Asn Glu
245 250 255
Asn Val Glu Cys Gly Asn Asn Thr Cys Thr Asn Asn Glu Val His Asn
260 265 270
Leu Thr Glu Cys Lys Asn Ala Ser Val Ser Ile Ser His Asn Ser Cys
275 280 285

Thr Ala Pro Asp Lys Thr Leu Ile Leu Asp Val Pro Pro Gly Val Glu
290 295 300
Lys Phe Gln Leu His Asp Cys Thr Gln Val Glu Lys Ala Asp Thr Thr
305 310 315 320
Ile Cys Leu Lys Trp Lys Asn Ile Glu Thr Phe Thr Cys Asp Thr Gln
325 330 335
Asn Ile Thr Tyr Arg Phe Gln Cys Gly Asn Met Ile Phe Asp Asn Lys
340 345 350

Glu Ile Lys Leu Glu Asn Leu Glu Pro Glu His Glu Tyr Lys Cys Asp
355 360 365
Ser Glu Ile Leu Tyr Asn Asn His Lys Phe Thr Asn Ala Ser Lys Ile
370 375 380
Ile Lys Thr Asp Phe Gly Ser Pro Gly Glu Pro Gln Ile Ile Phe Cys
385 390 395 400

Arg Ser Glu Ala Ala His Gln Gly Val Ile Thr Trp Asn Pro Pro Gln
405 410 415

Arg Ser Phe His Asn Phe Thr Leu Cys Tyr Ile Lys Glu Thr Glu Lys
420 425 430

Asp Cys Leu Asn Leu Asp Lys Asn Leu Ile Lys Tyr Asp Leu Gln Asn
435 440 445

Leu Lys Pro Tyr Thr Lys Tyr Val Leu Ser Leu His Ala Tyr Ile Ile
450 455 460

Ala Lys Val Gln Arg Asn Gly Ser Ala Ala Met Cys His Phe Thr Thr
465 470 475 480

Lys Ser Ala Pro Pro Ser Gln Val Trp Asn Met Thr Val Ser Met Thr
485 490 495

Ser Asp Asn Ser Met His Val Lys Cys Arg Pro Pro Arg Asp Arg Asn
500 505 510

Gly Pro His Glu Arg Tyr His Leu Glu Val Glu Ala Gly Asn Thr Leu
515 520 525

Val Arg Asn Glu Ser His Lys Asn Cys Asp Phe Arg Val Lys Asp Leu
530 535 540

Gln Tyr Ser Thr Asp Tyr Thr Phe Lys Ala Tyr Phe His Asn Gly Asp
545 550 555 560

Tyr Pro Gly Glu Pro Phe Ile Leu His His Ser Thr Ser Tyr Asn Ser
565 570 575

Lys Ala Leu Ile Ala Phe Leu Ala Phe Leu Ile Ile Val Thr Ser Ile
580 585 590

Ala Leu Leu Val Val Leu Tyr Lys Ile Tyr Asp Leu His Lys Lys Arg
595 600 605

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

Lys Gln Leu Met Asn Val Glu Pro Ile His Ala Asp Ile Leu Leu Glu
625 630 635 640

Thr Tyr Lys Arg Lys Ile Ala Asp Glu Gly Arg Leu Phe Leu Ala Glu

645 650 655

Phe Gln Ser Ile Pro Arg Val Phe Ser Lys Phe Pro Ile Lys Glu Ala

660 665 670

Arg Lys Pro Phe Asn Gln Asn Lys Asn Arg Tyr Val Asp Ile Leu Pro

675 680 685

Tyr Asp Tyr Asn Arg Val Glu Leu Ser Glu Ile Asn Gly Asp Ala Gly

690 695 700

Ser Asn Tyr Ile Asn Ala Ser Tyr Ile Asp Gly Phe Lys Glu Pro Arg

705 710 715 720

Lys Tyr Ile Ala Ala Gln Gly Pro Arg Asp Glu Thr Val Asp Asp Phe

725 730 735

Trp Arg Met Ile Trp Glu Gln Lys Ala Thr Val Ile Val Met Val Thr

740 745 750

Arg Cys Glu Glu Gly Asn Arg Asn Lys Cys Ala Glu Tyr Trp Pro Ser

755 760 765

Met Glu Glu Gly Thr Arg Ala Phe Gly Asp Val Val Val Lys Ile Asn

770 775 780

Gln His Lys Arg Cys Pro Asp Tyr Ile Ile Gln Lys Leu Asn Ile Val

785 790 795 800

Asn Lys Lys Glu Lys Ala Thr Gly Arg Glu Val Thr His Ile Gln Phe

805 810 815

Thr Ser Trp Pro Asp His Gly Val Pro Glu Asp Pro His Leu Leu Leu

820 825 830

Lys Leu Arg Arg Arg Val Asn Ala Phe Ser Asn Phe Phe Ser Gly Pro

835 840 845

Ile Val Val His Cys Ser Ala Gly Val Gly Arg Thr Gly Thr Tyr Ile

850 855 860

Gly Ile Asp Ala Met Leu Glu Gly Leu Glu Ala Glu Asn Lys Val Asp

865 870 875 880

Val Tyr Gly Tyr Val Val Lys Leu Arg Arg Gln Arg Cys Leu Met Val

885 890 895

Gln Val Glu Ala Gln Tyr Ile Leu Ile His Gln Ala Leu Val Glu Tyr
900 905 910
Asn Gln Phe Gly Glu Thr Glu Val Asn Leu Ser Glu Leu His Pro Tyr
915 920 925

Leu His Asn Met Lys Lys Arg Asp Pro Pro Ser Glu Pro Ser Pro Leu
930 935 940
Glu Ala Glu Phe Gln Arg Leu Pro Ser Tyr Arg Ser Trp Arg Thr Gln
945 950 955 960
His Ile Gly Asn Gln Glu Glu Asn Lys Ser Lys Asn Arg Asn Ser Asn
965 970 975
Val Ile Pro Tyr Asp Tyr Asn Arg Val Pro Leu Lys His Glu Leu Glu
980 985 990

Met Ser Lys Glu Ser Glu His Asp Ser Asp Glu Ser Ser Asp Asp Asp
995 1000 1005
Ser Asp Ser Glu Glu Pro Ser Lys Tyr Ile Asn Ala Ser Phe Ile
1010 1015 1020
Met Ser Tyr Trp Lys Pro Glu Val Met Ile Ala Ala Gln Gly Pro
1025 1030 1035
Leu Lys Glu Thr Ile Gly Asp Phe Trp Gln Met Ile Phe Gln Arg
1040 1045 1050

Lys Val Lys Val Ile Val Met Leu Thr Glu Leu Lys His Gly Asp
1055 1060 1065
Gln Glu Ile Cys Ala Gln Tyr Trp Gly Glu Gly Lys Gln Thr Tyr
1070 1075 1080
Gly Asp Ile Glu Val Asp Leu Lys Asp Thr Asp Lys Ser Ser Thr
1085 1090 1095
Tyr Thr Leu Arg Val Phe Glu Leu Arg His Ser Lys Arg Lys Asp
1100 1105 1110

Ser Arg Thr Val Tyr Gln Tyr Gln Tyr Thr Asn Trp Ser Val Glu
1115 1120 1125
Gln Leu Pro Ala Glu Pro Lys Glu Leu Ile Ser Met Ile Gln Val

1130 1135 1140

Val Lys Gln Lys Leu Pro Gln Lys Asn Ser Ser Glu Gly Asn Lys

1145 1150 1155

His His Lys Ser Thr Pro Leu Leu Ile His Cys Arg Asp Gly Ser

1160 1165 1170

Gln Gln Thr Gly Ile Phe Cys Ala Leu Leu Asn Leu Leu Glu Ser

1175 1180 1185

Ala Glu Thr Glu Glu Val Val Asp Ile Phe Gln Val Val Lys Ala

1190 1195 1200

Leu Arg Lys Ala Arg Pro Gly Met Val Ser Thr Phe Glu Gln Tyr

1205 1210 1215

Gln Phe Leu Tyr Asp Val Ile Ala Ser Thr Tyr Pro Ala Gln Asn

1220 1225 1230

Gly Gln Val Lys Lys Asn Asn His Gln Glu Asp Lys Ile Glu Phe

1235 1240 1245

Asp Asn Glu Val Asp Lys Val Lys Gln Asp Ala Asn Cys Val Asn

1250 1255 1260

Pro Leu Gly Ala Pro Glu Lys Leu Pro Glu Ala Lys Glu Gln Ala

1265 1270 1275

Glu Gly Ser Glu Pro Thr Ser Gly Thr Glu Gly Pro Glu His Ser

1280 1285 1290

Val Asn Gly Pro Ala Ser Pro Ala Leu Asn Gln Gly Ser

1295 1300 1305

<210> 609

<211> 207

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> RAB8A__Homo_sapiens__P61006

<400> 609

Met Ala Lys Thr Tyr Asp Tyr Leu Phe Lys Leu Leu Leu Ile Gly Asp

1 5 10 15

Ser Gly Val Gly Lys Thr Cys Val Leu Phe Arg Phe Ser Glu Asp Ala

20 25 30

Phe Asn Ser Thr Phe Ile Ser Thr Ile Gly Ile Asp Phe Lys Ile Arg

35 40 45

Thr Ile Glu Leu Asp Gly Lys Arg Ile Lys Leu Gln Ile Trp Asp Thr

50 55 60

Ala Gly Gln Glu Arg Phe Arg Thr Ile Thr Thr Ala Tyr Tyr Arg Gly

65 70 75 80

Ala Met Gly Ile Met Leu Val Tyr Asp Ile Thr Asn Glu Lys Ser Phe

85 90 95

Asp Asn Ile Arg Asn Trp Ile Arg Asn Ile Glu Glu His Ala Ser Ala

100 105 110

Asp Val Glu Lys Met Ile Leu Gly Asn Lys Cys Asp Val Asn Asp Lys

115 120 125

Arg Gln Val Ser Lys Glu Arg Gly Glu Lys Leu Ala Leu Asp Tyr Gly

130 135 140

Ile Lys Phe Met Glu Thr Ser Ala Lys Ala Asn Ile Asn Val Glu Asn

145 150 155 160

Ala Phe Phe Thr Leu Ala Arg Asp Ile Lys Ala Lys Met Asp Lys Lys

165 170 175

Leu Glu Gly Asn Ser Pro Gln Gly Ser Asn Gln Gly Val Lys Ile Thr

180 185 190

Pro Asp Gln Gln Lys Arg Ser Ser Phe Phe Arg Cys Val Leu Leu

195 200 205

<210> 610

<211> 419

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> RAGE-1__Homo_sapiens__Q9UQ07

<400> 610

Met Lys Asn Tyr Lys Ala Ile Gly Lys Ile Gly Glu Gly Thr Phe Ser

1 5 10 15

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

Ile Cys Glu Leu Met Asp Met Asn Ile Tyr Glu Leu Ile Arg Gly Arg
85 90 95
Arg Tyr Pro Leu Ser Glu Lys Lys Ile Met His Tyr Met Tyr Gln Leu
100 105 110
Cys Lys Ser Leu Asp His Ile His Arg Asn Gly Ile Phe His Arg Asp
115 120 125
Val Lys Pro Glu Asn Ile Leu Ile Lys Gln Asp Val Leu Lys Leu Gly
130 135 140

Asp Phe Gly Ser Cys Arg Ser Val Tyr Ser Lys Gln Pro Tyr Thr Glu
145 150 155 160
Tyr Ile Ser Thr Arg Trp Tyr Arg Ala Pro Glu Cys Leu Leu Thr Asp
165 170 175
Gly Phe Tyr Thr Tyr Lys Met Asp Leu Trp Ser Ala Gly Cys Val Phe
180 185 190
Tyr Glu Ile Ala Ser Leu Gln Pro Leu Phe Pro Gly Val Asn Glu Leu
195 200 205

Asp Gln Ile Ser Lys Ile His Asp Val Ile Gly Thr Pro Ala Gln Lys
210 215 220
Ile Leu Thr Lys Phe Lys Gln Ser Arg Ala Met Asn Phe Asp Phe Pro
225 230 235 240
Phe Lys Lys Gly Ser Gly Ile Pro Leu Leu Thr Thr Asn Leu Ser Pro
245 250 255
Gln Cys Leu Ser Leu Leu His Ala Met Val Ala Tyr Asp Pro Asp Glu

260 265 270

Arg Ile Ala Ala His Gln Ala Leu Gln His Pro Tyr Phe Gln Glu Gln
275 280 285
Arg Lys Thr Glu Lys Arg Ala Leu Gly Ser His Arg Lys Ala Gly Phe
290 295 300
Pro Glu His Pro Val Ala Pro Glu Pro Leu Ser Asn Ser Cys Gln Ile
305 310 315 320
Ser Lys Glu Gly Arg Lys Gln Lys Gln Ser Leu Lys Gln Glu Glu Asp
325 330 335

Arg Pro Lys Arg Arg Gly Pro Ala Tyr Val Met Glu Leu Pro Lys Leu
340 345 350
Lys Leu Ser Gly Val Val Arg Leu Ser Ser Tyr Ser Ser Pro Thr Leu
355 360 365
Gln Ser Val Leu Gly Ser Gly Thr Asn Gly Arg Val Pro Val Leu Arg
370 375 380
Pro Leu Lys Cys Ile Pro Ala Ser Lys Lys Thr Asp Pro Gln Lys Asp
385 390 395 400

Leu Lys Pro Ala Pro Gln Gln Cys Arg Leu Pro Thr Ile Val Arg Lys
405 410 415
Gly Gly Arg

<210> 611
<211> 462
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> RARA__Homo_sapiens__P10276
<400> 611

Met Ala Ser Asn Ser Ser Ser Cys Pro Thr Pro Gly Gly Gly His Leu
1 5 10 15
Asn Gly Tyr Pro Val Pro Pro Tyr Ala Phe Phe Phe Pro Pro Met Leu
20 25 30

Gly Gly Leu Ser Pro Pro Gly Ala Leu Thr Thr Leu Gln His Gln Leu

35 40 45

Pro Val Ser Gly Tyr Ser Thr Pro Ser Pro Ala Thr Ile Glu Thr Gln

50 55 60

Ser Ser Ser Ser Glu Glu Ile Val Pro Ser Pro Pro Ser Pro Pro Pro

65 70 75 80

Leu Pro Arg Ile Tyr Lys Pro Cys Phe Val Cys Gln Asp Lys Ser Ser

85 90 95

Gly Tyr His Tyr Gly Val Ser Ala Cys Glu Gly Cys Lys Gly Phe Phe

100 105 110

Arg Arg Ser Ile Gln Lys Asn Met Val Tyr Thr Cys His Arg Asp Lys

115 120 125

Asn Cys Ile Ile Asn Lys Val Thr Arg Asn Arg Cys Gln Tyr Cys Arg

130 135 140

Leu Gln Lys Cys Phe Glu Val Gly Met Ser Lys Glu Ser Val Arg Asn

145 150 155 160

Asp Arg Asn Lys Lys Lys Lys Glu Val Pro Lys Pro Glu Cys Ser Glu

165 170 175

Ser Tyr Thr Leu Thr Pro Glu Val Gly Glu Leu Ile Glu Lys Val Arg

180 185 190

Lys Ala His Gln Glu Thr Phe Pro Ala Leu Cys Gln Leu Gly Lys Tyr

195 200 205

Thr Thr Asn Asn Ser Ser Glu Gln Arg Val Ser Leu Asp Ile Asp Leu

210 215 220

Trp Asp Lys Phe Ser Glu Leu Ser Thr Lys Cys Ile Ile Lys Thr Val

225 230 235 240

Glu Phe Ala Lys Gln Leu Pro Gly Phe Thr Thr Leu Thr Ile Ala Asp

245 250 255

Gln Ile Thr Leu Leu Lys Ala Ala Cys Leu Asp Ile Leu Ile Leu Arg

260 265 270

Ile Cys Thr Arg Tyr Thr Pro Glu Gln Asp Thr Met Thr Phe Ser Asp

275 280 285

Gly Leu Thr Leu Asn Arg Thr Gln Met His Asn Ala Gly Phe Gly Pro
290 295 300
Leu Thr Asp Leu Val Phe Ala Phe Ala Asn Gln Leu Leu Pro Leu Glu
305 310 315 320
Met Asp Asp Ala Glu Thr Gly Leu Leu Ser Ala Ile Cys Leu Ile Cys
325 330 335
Gly Asp Arg Gln Asp Leu Glu Gln Pro Asp Arg Val Asp Met Leu Gln
340 345 350

Glu Pro Leu Leu Glu Ala Leu Lys Val Tyr Val Arg Lys Arg Arg Pro
355 360 365
Ser Arg Pro His Met Phe Pro Lys Met Leu Met Lys Ile Thr Asp Leu
370 375 380
Arg Ser Ile Ser Ala Lys Gly Ala Glu Arg Val Ile Thr Leu Lys Met
385 390 395 400
Glu Ile Pro Gly Ser Met Pro Pro Leu Ile Gln Glu Met Leu Glu Asn
405 410 415

Ser Glu Gly Leu Asp Thr Leu Ser Gly Gln Pro Gly Gly Gly Gly Arg
420 425 430
Asp Gly Gly Gly Leu Ala Pro Pro Pro Gly Ser Cys Ser Pro Ser Leu
435 440 445
Ser Pro Ser Ser Asn Arg Ser Ser Pro Ala Thr His Ser Pro
450 455 460

<210> 612
<211> 189
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> RASH__Homo_sapiens__P01112
<400> 612
Met Thr Glu Tyr Lys Leu Val Val Val Gly Ala Gly Gly Val Gly Lys

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

Asp Pro Thr Ile Glu Asp Ser Tyr Arg Lys Gln Val Val Ile Asp Gly
35 40 45
Glu Thr Cys Leu Leu Asp Ile Leu Asp Thr Ala Gly Gln Glu Glu Tyr
50 55 60
Ser Ala Met Arg Asp Gln Tyr Met Arg Thr Gly Glu Gly Phe Leu Cys

65 70 75 80
Val Phe Ala Ile Asn Asn Thr Lys Ser Phe Glu Asp Ile His Gln Tyr
85 90 95
Arg Glu Gln Ile Lys Arg Val Lys Asp Ser Asp Asp Val Pro Met Val
100 105 110
Leu Val Gly Asn Lys Cys Asp Leu Ala Ala Arg Thr Val Glu Ser Arg
115 120 125
Gln Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ser Tyr Gly Ile Pro Tyr Ile Glu Thr

130 135 140
Ser Ala Lys Thr Arg Gln Gly Val Glu Asp Ala Phe Tyr Thr Leu Val
145 150 155 160
Arg Glu Ile Arg Gln His Lys Leu Arg Lys Leu Asn Pro Pro Asp Glu
165 170 175
Ser Gly Pro Gly Cys Met Ser Cys Lys Cys Val Leu Ser
180 185
<210> 613
<211> 189
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> RASK__Homo_sapiens__P01116

<400> 613
Met Thr Glu Tyr Lys Leu Val Val Val Gly Ala Gly Gly Val Gly Lys
1 5 10 15
Ser Ala Leu Thr Ile Gln Leu Ile Gln Asn His Phe Val Asp Glu Tyr
20 25 30
Asp Pro Thr Ile Glu Asp Ser Tyr Arg Lys Gln Val Val Ile Asp Gly
35 40 45

Glu Thr Cys Leu Leu Asp Ile Leu Asp Thr Ala Gly Gln Glu Glu Tyr
50 55 60

Ser Ala Met Arg Asp Gln Tyr Met Arg Thr Gly Glu Gly Phe Leu Cys
65 70 75 80
Val Phe Ala Ile Asn Asn Thr Lys Ser Phe Glu Asp Ile His His Tyr
85 90 95
Arg Glu Gln Ile Lys Arg Val Lys Asp Ser Glu Asp Val Pro Met Val
100 105 110
Leu Val Gly Asn Lys Cys Asp Leu Pro Ser Arg Thr Val Asp Thr Lys
115 120 125

Gln Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ser Tyr Gly Ile Pro Phe Ile Glu Thr
130 135 140
Ser Ala Lys Thr Arg Gln Arg Val Glu Asp Ala Phe Tyr Thr Leu Val
145 150 155 160
Arg Glu Ile Arg Gln Tyr Arg Leu Lys Lys Ile Ser Lys Glu Glu Lys
165 170 175
Thr Pro Gly Cys Val Lys Ile Lys Lys Cys Ile Ile Met
180 185

<210> 614
<211> 189

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> RASN__Homo_sapiens__P01111
<400> 614
Met Thr Glu Tyr Lys Leu Val Val Val Gly Ala Gly Gly Val Gly Lys
1 5 10 15
Ser Ala Leu Thr Ile Gln Leu Ile Gln Asn His Phe Val Asp Glu Tyr
20 25 30
Asp Pro Thr Ile Glu Asp Ser Tyr Arg Lys Gln Val Val Ile Asp Gly
35 40 45
Glu Thr Cys Leu Leu Asp Ile Leu Asp Thr Ala Gly Gln Glu Glu Tyr

50 55 60

Ser Ala Met Arg Asp Gln Tyr Met Arg Thr Gly Glu Gly Phe Leu Cys

65 70 75 80

Val Phe Ala Ile Asn Asn Ser Lys Ser Phe Ala Asp Ile Asn Leu Tyr

85 90 95

Arg Glu Gln Ile Lys Arg Val Lys Asp Ser Asp Asp Val Pro Met Val

100 105 110

Leu Val Gly Asn Lys Cys Asp Leu Pro Thr Arg Thr Val Asp Thr Lys

115 120 125

Gln Ala His Glu Leu Ala Lys Ser Tyr Gly Ile Pro Phe Ile Glu Thr

130 135 140

Ser Ala Lys Thr Arg Gln Gly Val Glu Asp Ala Phe Tyr Thr Leu Val

145 150 155 160

Arg Glu Ile Arg Gln Tyr Arg Met Lys Lys Leu Asn Ser Ser Asp Asp

165 170 175

Gly Thr Gln Gly Cys Met Gly Leu Pro Cys Val Val Met

180 185

<210> 615

<211> 181

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> RGS5__Homo_sapiens__O15539

<400> 615

Met Cys Lys Gly Leu Ala Ala Leu Pro His Ser Cys Leu Glu Arg Ala

1 5 10 15

Lys Glu Ile Lys Ile Lys Leu Gly Ile Leu Leu Gln Lys Pro Asp Ser

20 25 30

Val Gly Asp Leu Val Ile Pro Tyr Asn Glu Lys Pro Glu Lys Pro Ala

35 40 45

Lys Thr Gln Lys Thr Ser Leu Asp Glu Ala Leu Gln Trp Arg Asp Ser

50 55 60

Leu Asp Lys Leu Leu Gln Asn Asn Tyr Gly Leu Ala Ser Phe Lys Ser

65 70 75 80

Phe Leu Lys Ser Glu Phe Ser Glu Glu Asn Leu Glu Phe Trp Ile Ala

85 90 95

Cys Glu Asp Tyr Lys Lys Ile Lys Ser Pro Ala Lys Met Ala Glu Lys

100 105 110

Ala Lys Gln Ile Tyr Glu Glu Phe Ile Gln Thr Glu Ala Pro Lys Glu

115 120 125

Val Asn Ile Asp His Phe Thr Lys Asp Ile Thr Met Lys Asn Leu Val

130 135 140

Glu Pro Ser Leu Ser Ser Phe Asp Met Ala Gln Lys Arg Ile His Ala

145 150 155 160

Leu Met Glu Lys Asp Ser Leu Pro Arg Phe Val Arg Ser Glu Phe Tyr

165 170 175

Gln Glu Leu Ile Lys

180

<210> 616

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> RHAMM/CD168__Homo_sapiens__O75330

<400> 616

Met Ser Phe Pro Lys Ala Pro Leu Lys Arg Phe Asn Asp Pro Ser Gly

1 5 10 15

Cys Ala Pro Ser Pro Gly Ala Tyr Asp Val Lys Thr Leu Glu Val Leu

20 25 30

Lys Gly Pro Val Ser Phe Gln Lys Ser Gln Arg Phe Lys Gln Gln Lys

35 40 45

Glu Ser Lys Gln Asn Leu Asn Val Asp Lys Asp Thr Thr Leu Pro Ala

50 55 60

Ser Ala Arg Lys Val Lys Ser Ser Glu Ser Lys Glu Ser Gln Lys Asn

65 70 75 80

Asp Lys Asp Leu Lys Ile Leu Glu Lys Glu Ile Arg Val Leu Leu Gln

85 90 95

Glu Arg Gly Ala Gln Asp Arg Arg Ile Gln Asp Leu Glu Thr Glu Leu

100 105 110

Glu Lys Met Glu Ala Arg Leu Asn Ala Ala Leu Arg Glu Lys Thr Ser

115 120 125

Leu Ser Ala Asn Asn Ala Thr Leu Glu Lys Gln Leu Ile Glu Leu Thr

130 135 140

Arg Thr Asn Glu Leu Leu Lys Ser Lys Phe Ser Glu Asn Gly Asn Gln

145 150 155 160

Lys Asn Leu Arg Ile Leu Ser Leu Glu Leu Met Lys Leu Arg Asn Lys

165 170 175

Arg Glu Thr Lys Met Arg Gly Met Met Ala Lys Gln Glu Gly Met Glu

180 185 190

Met Lys Leu Gln Val Thr Gln Arg Ser Leu Glu Glu Ser Gln Gly Lys

195 200 205

Ile Ala Gln Leu Glu Gly Lys Leu Val Ser Ile Glu Lys Glu Lys Ile

210 215 220

Asp Glu Lys Ser Glu Thr Glu Lys Leu Leu Glu Tyr Ile Glu Glu Ile

225 230 235 240

Ser Cys Ala Ser Asp Gln Val Glu Lys Tyr Lys Leu Asp Ile Ala Gln

245 250 255

Leu Glu Glu Asn Leu Lys Glu Lys Asn Asp Glu Ile Leu Ser Leu Lys

260 265 270

Gln Ser Leu Glu Glu Asn Ile Val Ile Leu Ser Lys Gln Val Glu Asp

275 280 285

Leu Asn Val Lys Cys Gln Leu Leu Glu Lys Glu Lys Glu Asp His Val

290 295 300

Asn Arg Asn Arg Glu His Asn Glu Asn Leu Asn Ala Glu Met Gln Asn

305 310 315 320

Leu Lys Gln Lys Phe Ile Leu Glu Gln Gln Glu Arg Glu Lys Leu Gln

325 330 335

Gln Lys Glu Leu Gln Ile Asp Ser Leu Leu Gln Gln Glu Lys Glu Leu
340 345 350
Ser Ser Ser Leu His Gln Lys Leu Cys Ser Phe Gln Glu Glu Met Val
355 360 365

Lys Glu Lys Asn Leu Phe Glu Glu Glu Leu Lys Gln Thr Leu Asp Glu
370 375 380
Leu Asp Lys Leu Gln Gln Lys Glu Glu Gln Ala Glu Arg Leu Val Lys
385 390 395 400
Gln Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ser Arg Ala Glu Glu Leu Lys Leu Leu
405 410 415
Glu Glu Lys Leu Lys Gly Lys Glu Ala Glu Leu Glu Lys Ser Ser Ala
420 425 430

Ala His Thr Gln Ala Thr Leu Leu Leu Gln Glu Lys Tyr Asp Ser Met
435 440 445
Val Gln Ser Leu Glu Asp Val Thr Ala Gln Phe Glu Ser Tyr Lys Ala
450 455 460
Leu Thr Ala Ser Glu Ile Glu Asp Leu Lys Leu Glu Asn Ser Ser Leu
465 470 475 480
Gln Glu Lys Ala Ala Lys Ala Gly Lys Asn Ala Glu Asp Val Gln His
485 490 495

Gln Ile Leu Ala Thr Glu Ser Ser Asn Gln Glu Tyr Val Arg Met Leu
500 505 510
Leu Asp Leu Gln Thr Lys Ser Ala Leu Lys Glu Thr Glu Ile Lys Glu
515 520 525
Ile Thr Val Ser Phe Leu Gln Lys Ile Thr Asp Leu Gln Asn Gln Leu
530 535 540
Lys Gln Gln Glu Glu Asp Phe Arg Lys Gln Leu Glu Asp Glu Glu Gly
545 550 555 560

Arg Lys Ala Glu Lys Glu Asn Thr Thr Ala Glu Leu Thr Glu Glu Ile
565 570 575
Asn Lys Trp Arg Leu Leu Tyr Glu Glu Leu Tyr Asn Lys Thr Lys Pro

580 585 590

Phe Gln Leu Gln Leu Asp Ala Phe Glu Val Glu Lys Gln Ala Leu Leu
595 600 605

Asn Glu His Gly Ala Ala Gln Glu Gln Leu Asn Lys Ile Arg Asp Ser
610 615 620

Tyr Ala Lys Leu Leu Gly His Gln Asn Leu Lys Gln Lys Ile Lys His
625 630 635 640

Val Val Lys Leu Lys Asp Glu Asn Ser Gln Leu Lys Ser Glu Val Ser
645 650 655

Lys Leu Arg Cys Gln Leu Ala Lys Lys Lys Gln Ser Glu Thr Lys Leu
660 665 670

Gln Glu Glu Leu Asn Lys Val Leu Gly Ile Lys His Phe Asp Pro Ser
675 680 685

Lys Ala Phe His His Glu Ser Lys Glu Asn Phe Ala Leu Lys Thr Pro
690 695 700

Leu Lys Glu Gly Asn Thr Asn Cys Tyr Arg Ala Pro Met Glu Cys Gln
705 710 715 720

Glu Ser Trp Lys

<210> 617

<211> 193

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> RHOC__Homo_sapiens__P08134

<400> 617

Met Ala Ala Ile Arg Lys Lys Leu Val Ile Val Gly Asp Gly Ala Cys
1 5 10 15

Gly Lys Thr Cys Leu Leu Ile Val Phe Ser Lys Asp Gln Phe Pro Glu
20 25 30

Val Tyr Val Pro Thr Val Phe Glu Asn Tyr Ile Ala Asp Ile Glu Val
35 40 45

Asp Gly Lys Gln Val Glu Leu Ala Leu Trp Asp Thr Ala Gly Gln Glu
50 55 60

Asp Tyr Asp Arg Leu Arg Pro Leu Ser Tyr Pro Asp Thr Asp Val Ile
65 70 75 80

Leu Met Cys Phe Ser Ile Asp Ser Pro Asp Ser Leu Glu Asn Ile Pro
85 90 95
Glu Lys Trp Thr Pro Glu Val Lys His Phe Cys Pro Asn Val Pro Ile
100 105 110
Ile Leu Val Gly Asn Lys Lys Asp Leu Arg Gln Asp Glu His Thr Arg
115 120 125
Arg Glu Leu Ala Lys Met Lys Gln Glu Pro Val Arg Ser Glu Glu Gly
130 135 140

Arg Asp Met Ala Asn Arg Ile Ser Ala Phe Gly Tyr Leu Glu Cys Ser
145 150 155 160
Ala Lys Thr Lys Glu Gly Val Arg Glu Val Phe Glu Met Ala Thr Arg
165 170 175
Ala Gly Leu Gln Val Arg Lys Asn Lys Arg Arg Arg Gly Cys Pro Ile
180 185 190
Leu

<210> 618
<211> 295
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> RSSA__Homo_sapiens__P08865

<400> 618
Met Ser Gly Ala Leu Asp Val Leu Gln Met Lys Glu Glu Asp Val Leu
1 5 10 15
Lys Phe Leu Ala Ala Gly Thr His Leu Gly Gly Thr Asn Leu Asp Phe
20 25 30
Gln Met Glu Gln Tyr Ile Tyr Lys Arg Lys Ser Asp Gly Ile Tyr Ile
35 40 45
Ile Asn Leu Lys Arg Thr Trp Glu Lys Leu Leu Leu Ala Ala Arg Ala
50 55 60

Ile Val Ala Ile Glu Asn Pro Ala Asp Val Ser Val Ile Ser Ser Arg
65 70 75 80
Asn Thr Gly Gln Arg Ala Val Leu Lys Phe Ala Ala Ala Thr Gly Ala
85 90 95
Thr Pro Ile Ala Gly Arg Phe Thr Pro Gly Thr Phe Thr Asn Gln Ile
100 105 110
Gln Ala Ala Phe Arg Glu Pro Arg Leu Leu Val Val Thr Asp Pro Arg
115 120 125

Ala Asp His Gln Pro Leu Thr Glu Ala Ser Tyr Val Asn Leu Pro Thr
130 135 140
Ile Ala Leu Cys Asn Thr Asp Ser Pro Leu Arg Tyr Val Asp Ile Ala
145 150 155 160
Ile Pro Cys Asn Asn Lys Gly Ala His Ser Val Gly Leu Met Trp Trp
165 170 175
Met Leu Ala Arg Glu Val Leu Arg Met Arg Gly Thr Ile Ser Arg Glu
180 185 190

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

Val Pro Ile Gln Gln Phe Pro Thr Glu Asp Trp Ser Ala Gln Pro Ala
260 265 270
Thr Glu Asp Trp Ser Ala Ala Pro Thr Ala Gln Ala Thr Glu Trp Val
275 280 285
Gly Ala Thr Thr Asp Trp Ser
290 295
<210> 619
<211> 866

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> RU1__Homo_sapiens__Q9UHJ3

<400> 619

Met Asn Gly Glu Gln Gln Leu Asp Ala Asp Ala Gly Ser Gly Met Glu

1 5 10 15

Glu Val Glu Leu Ser Trp Glu Asp Tyr Leu Glu Glu Thr Gly Ser Thr

20 25 30

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

35 40 45

Gly Phe Ala Pro Gly Met Lys Leu Glu Val Ala Val Arg Thr Asp Pro

50 55 60

Glu Thr Tyr Trp Val Ala Thr Val Ile Thr Thr Cys Glu Gln Leu Leu

65 70 75 80

Leu Leu Arg Tyr Asp Gly Tyr Gly Glu Asp Arg Arg Ala Asp Phe Trp

85 90 95

Cys Asp Ile Arg Lys Ala Asp Leu Tyr Pro Ile Gly Trp Cys Glu Gln

100 105 110

Asn Lys Lys Thr Leu Glu Ala Pro Glu Gly Ile Arg Asp Lys Val Ser

115 120 125

Asp Trp Asp Glu Phe Leu Arg Gln Thr Leu Ile Gly Ala Cys Ser Pro

130 135 140

Pro Val Pro Leu Leu Glu Gly Leu Arg Asn Gly Arg Asn Pro Leu Asp

145 150 155 160

Leu Ile Ala Pro Gly Ser Arg Leu Glu Cys Gln Ala Phe Gln Asp Ser

165 170 175

Leu Ser Thr Trp Ile Val Thr Val Val Glu Asn Ile Gly Gly Arg Leu

180 185 190

Lys Leu Arg Tyr Glu Gly Leu Glu Ser Ser Asp Asn Tyr Glu His Trp

195 200 205

Leu Tyr Tyr Leu Asp Pro Phe Leu His His Val Gly Trp Ala Ala Gln

210 215 220

Gln Gly Tyr Glu Leu Gln Pro Pro Ser Ala Ile Arg His Leu Lys Asn

225 230 235 240

Glu Ala Glu Trp Gln Glu Ile Leu Ala Lys Val Lys Glu Glu Glu Glu

245 250 255

Glu Pro Leu Pro Ser Tyr Leu Phe Lys Asp Lys Gln Val Ile Gly Ile

260 265 270

His Thr Phe Ser Val Asn Met Lys Leu Glu Ala Val Asp Pro Trp Ser

275 280 285

Pro Phe Gly Ile Ser Pro Ala Thr Val Val Lys Val Phe Asp Glu Lys

290 295 300

Tyr Phe Leu Val Glu Met Asp Asp Leu Arg Pro Glu Asn His Ala Arg

305 310 315 320

Arg Ser Phe Val Cys His Ala Asp Ser Pro Gly Ile Phe Pro Val Gln

325 330 335

Trp Ser Leu Lys Asn Gly Leu His Ile Ser Pro Pro Pro Gly Tyr Pro

340 345 350

Ser Gln Asp Phe Asp Trp Ala Asp Tyr Leu Lys Gln Cys Gly Ala Glu

355 360 365

Ala Ala Pro Gln Arg Cys Phe Pro Pro Leu Ile Ser Glu His Glu Phe

370 375 380

Lys Glu Asn Met Lys Leu Glu Ala Val Asn Pro Ile Leu Pro Glu Glu

385 390 395 400

Val Cys Val Ala Thr Ile Thr Ala Val Arg Gly Ser Tyr Leu Trp Leu

405 410 415

Gln Leu Glu Gly Ser Lys Lys Pro Ile Pro Glu Cys Ile Val Ser Val

420 425 430

Glu Ser Met Asp Ile Phe Pro Leu Gly Trp Cys Glu Thr Asn Gly His

435 440 445

Pro Leu Ser Thr Pro Arg Arg Ala Arg Val Tyr Lys Gln Arg Lys Ile

450 455 460

Ala Val Val Gln Pro Glu Lys Gln Val Pro Ser Ser Arg Thr Val His
465 470 475 480
Glu Gly Leu Arg Asn Gln Glu Leu Asn Ser Thr Glu Ser Val Met Ile
485 490 495
Asn Gly Lys Tyr Cys Cys Pro Lys Ile Tyr Phe Asn His Arg Cys Phe
500 505 510
Ser Gly Pro Tyr Leu Asn Lys Gly Arg Ile Ala Glu Leu Pro Gln Cys

515 520 525
Val Gly Pro Gly Asn Cys Val Leu Val Leu Arg Glu Val Leu Thr Leu
530 535 540
Leu Ile Asn Ala Ala Tyr Lys Pro Ser Arg Val Leu Arg Glu Leu Gln
545 550 555 560
Leu Asp Lys Asp Ser Val Trp His Gly Cys Gly Glu Val Leu Lys Ala
565 570 575
Lys Tyr Lys Gly Lys Ser Tyr Arg Ala Thr Val Glu Ile Val Lys Thr

580 585 590
Ala Asp Arg Val Thr Glu Phe Cys Arg Gln Thr Cys Ile Lys Leu Glu
595 600 605
Cys Cys Pro Asn Leu Phe Gly Pro Arg Met Val Leu Asp Lys Cys Ser
610 615 620
Glu Asn Cys Ser Val Leu Thr Lys Thr Lys Tyr Thr His Tyr Tyr Gly
625 630 635 640
Lys Lys Lys Asn Lys Arg Ile Gly Arg Pro Pro Gly Gly His Ser Asn

645 650 655
Leu Ala Cys Ala Leu Lys Lys Ala Ser Lys Arg Arg Lys Arg Arg Lys
660 665 670
Asn Val Phe Val His Lys Lys Lys Arg Ser Ser Ala Ser Val Asp Asn
675 680 685
Thr Pro Ala Gly Ser Pro Gln Gly Ser Gly Gly Glu Asp Glu Asp Asp
690 695 700
Pro Asp Glu Gly Asp Asp Asp Ser Leu Ser Glu Gly Ser Thr Ser Glu

705 710 715 720

Gln Gln Asp Glu Leu Gln Glu Glu Ser Glu Met Ser Glu Lys Lys Ser

725 730 735

Cys Ser Ser Ser Pro Thr Gln Ser Glu Ile Ser Thr Ser Leu Pro Pro

740 745 750

Asp Arg Gln Arg Arg Lys Arg Glu Leu Arg Thr Phe Ser Phe Ser Asp

755 760 765

Asp Glu Asn Lys Pro Pro Ser Pro Lys Glu Ile Arg Ile Glu Val Ala

770 775 780

Glu Arg Leu His Leu Asp Ser Asn Pro Leu Lys Trp Ser Val Ala Asp

785 790 795 800

Val Val Arg Phe Ile Arg Ser Thr Asp Cys Ala Pro Leu Ala Arg Ile

805 810 815

Phe Leu Asp Gln Glu Ile Asp Gly Gln Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu

820 825 830

Pro Thr Val Gln Glu Cys Met Asp Leu Lys Leu Gly Pro Ala Ile Lys

835 840 845

Leu Cys His His Ile Glu Arg Ile Lys Phe Ala Phe Tyr Glu Gln Phe

850 855 860

Ala Asn

865

<210> 620

<211> 476

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> RU2__Homo_sapiens__Q9UHG0

<400> 620

Met Ser Gly Ser Ser Ala Arg Ser Ser His Leu Ser Gln Pro Val Val

1 5 10 15

Lys Ser Val Leu Val Tyr Arg Asn Gly Asp Pro Phe Tyr Ala Gly Arg

20 25 30

Arg Val Val Ile His Glu Lys Lys Val Ser Ser Phe Glu Val Phe Leu

35 40 45

Lys Glu Val Thr Gly Gly Val Gln Ala Pro Phe Gly Ala Val Arg Asn

50 55 60

Ile Tyr Thr Pro Arg Thr Gly His Arg Ile Arg Lys Leu Asp Gln Ile

65 70 75 80

Gln Ser Gly Gly Asn Tyr Val Ala Gly Gly Gln Glu Ala Phe Lys Lys

85 90 95

Leu Asn Tyr Leu Asp Ile Gly Glu Ile Lys Lys Arg Pro Met Glu Val

100 105 110

Val Asn Thr Glu Val Lys Pro Val Ile His Ser Arg Ile Asn Val Ser

115 120 125

Ala Arg Phe Arg Lys Pro Leu Gln Glu Pro Cys Thr Ile Phe Leu Ile

130 135 140

Ala Asn Gly Asp Leu Ile Asn Pro Ala Ser Arg Leu Leu Ile Pro Arg

145 150 155 160

Lys Thr Leu Asn Gln Trp Asp His Val Leu Gln Met Val Thr Glu Lys

165 170 175

Ile Thr Leu Arg Ser Gly Ala Val His Arg Leu Tyr Thr Leu Glu Gly

180 185 190

Lys Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Leu Glu Asn Gly Gln Phe Tyr Val

195 200 205

Ala Val Gly Arg Asp Lys Phe Lys Lys Leu Pro Tyr Ser Glu Leu Leu

210 215 220

Phe Asp Lys Ser Thr Met Arg Arg Pro Phe Gly Gln Lys Ala Ser Ser

225 230 235 240

Leu Pro Pro Ile Val Gly Ser Arg Lys Ser Lys Gly Ser Gly Asn Asp

245 250 255

Arg His Ser Lys Ser Thr Val Gly Ser Ser Asp Asn Ser Ser Pro Gln

260 265 270

Pro Leu Lys Arg Lys Gly Lys Lys Glu Asp Val Asn Ser Glu Lys Leu

275 280 285

Thr Lys Leu Lys Gln Asn Val Lys Leu Lys Asn Ser Gln Glu Thr Ile
290 295 300
Pro Asn Ser Asp Glu Gly Ile Phe Lys Ala Gly Ala Glu Arg Ser Glu
305 310 315 320
Thr Arg Gly Ala Ala Glu Val Gln Glu Asp Glu Asp Thr Gln Val Glu
325 330 335
Val Pro Val Asp Gln Arg Pro Ala Glu Ile Val Asp Glu Glu Glu Asp

340 345 350
Gly Glu Lys Ala Asn Lys Asp Ala Glu Gln Lys Glu Asp Phe Ser Gly
355 360 365
Met Asn Gly Asp Leu Glu Glu Glu Gly Gly Arg Glu Ala Thr Asp Ala
370 375 380
Pro Glu Gln Val Glu Glu Ile Leu Asp His Ser Glu Gln Gln Ala Arg
385 390 395 400
Pro Ala Arg Val Asn Gly Gly Thr Asp Glu Glu Asn Gly Glu Glu Leu

405 410 415
Gln Gln Val Asn Asn Glu Leu Gln Leu Val Leu Asp Lys Glu Arg Lys
420 425 430
Ser Gln Gly Ala Gly Ser Gly Gln Asp Glu Ala Asp Val Asp Pro Gln
435 440 445
Arg Pro Pro Arg Pro Glu Val Lys Ile Thr Ser Pro Glu Glu Asn Glu
450 455 460
Asn Asn Gln Gln Asn Lys Asp Tyr Ala Ala Val Ala

465 470 475
<210> 621
<211> 453
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> RUNX1__Homo_sapiens__Q01196
<400> 621
Met Arg Ile Pro Val Asp Ala Ser Thr Ser Arg Arg Phe Thr Pro Pro
1 5 10 15

Ser Thr Ala Leu Ser Pro Gly Lys Met Ser Glu Ala Leu Pro Leu Gly
20 25 30
Ala Pro Asp Ala Gly Ala Ala Leu Ala Gly Lys Leu Arg Ser Gly Asp
35 40 45

Arg Ser Met Val Glu Val Leu Ala Asp His Pro Gly Glu Leu Val Arg
50 55 60
Thr Asp Ser Pro Asn Phe Leu Cys Ser Val Leu Pro Thr His Trp Arg
65 70 75 80
Cys Asn Lys Thr Leu Pro Ile Ala Phe Lys Val Val Ala Leu Gly Asp
85 90 95
Val Pro Asp Gly Thr Leu Val Thr Val Met Ala Gly Asn Asp Glu Asn
100 105 110

Tyr Ser Ala Glu Leu Arg Asn Ala Thr Ala Ala Met Lys Asn Gln Val
115 120 125
Ala Arg Phe Asn Asp Leu Arg Phe Val Gly Arg Ser Gly Arg Gly Lys
130 135 140
Ser Phe Thr Leu Thr Ile Thr Val Phe Thr Asn Pro Pro Gln Val Ala
145 150 155 160
Thr Tyr His Arg Ala Ile Lys Ile Thr Val Asp Gly Pro Arg Glu Pro
165 170 175

Arg Arg His Arg Gln Lys Leu Asp Asp Gln Thr Lys Pro Gly Ser Leu
180 185 190
Ser Phe Ser Glu Arg Leu Ser Glu Leu Glu Gln Leu Arg Arg Thr Ala
195 200 205
Met Arg Val Ser Pro His His Pro Ala Pro Thr Pro Asn Pro Arg Ala
210 215 220
Ser Leu Asn His Ser Thr Ala Phe Asn Pro Gln Pro Gln Ser Gln Met
225 230 235 240

Gln Asp Thr Arg Gln Ile Gln Pro Ser Pro Pro Trp Ser Tyr Asp Gln
245 250 255
Ser Tyr Gln Tyr Leu Gly Ser Ile Ala Ser Pro Ser Val His Pro Ala

260 265 270

Thr Pro Ile Ser Pro Gly Arg Ala Ser Gly Met Thr Thr Leu Ser Ala

275 280 285

Glu Leu Ser Ser Arg Leu Ser Thr Ala Pro Asp Leu Thr Ala Phe Ser

290 295 300

Asp Pro Arg Gln Phe Pro Ala Leu Pro Ser Ile Ser Asp Pro Arg Met

305 310 315 320

His Tyr Pro Gly Ala Phe Thr Tyr Ser Pro Thr Pro Val Thr Ser Gly

325 330 335

Ile Gly Ile Gly Met Ser Ala Met Gly Ser Ala Thr Arg Tyr His Thr

340 345 350

Tyr Leu Pro Pro Pro Tyr Pro Gly Ser Ser Gln Ala Gln Gly Gly Pro

355 360 365

Phe Gln Ala Ser Ser Pro Ser Tyr His Leu Tyr Tyr Gly Ala Ser Ala

370 375 380

Gly Ser Tyr Gln Phe Ser Met Val Gly Gly Glu Arg Ser Pro Pro Arg

385 390 395 400

Ile Leu Pro Pro Cys Thr Asn Ala Ser Thr Gly Ser Ala Leu Leu Asn

405 410 415

Pro Ser Leu Pro Asn Gln Ser Asp Val Val Glu Ala Glu Gly Ser His

420 425 430

Ser Asn Ser Pro Thr Asn Met Ala Pro Ser Ala Arg Leu Glu Glu Ala

435 440 445

Val Trp Arg Pro Tyr

450

<210> 622

<211> 359

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> S-100__Homo_sapiens__V9HW39

<400> 622

Met Pro Leu Glu Leu Glu Leu Cys Pro Gly Arg Trp Val Gly Gly Gln

1 5 10 15

His Pro Cys Phe Ile Ile Ala Glu Ile Gly Gln Asn His Gln Gly Asp

20 25 30

Leu Asp Val Ala Lys Arg Met Ile Arg Met Ala Lys Glu Cys Gly Ala

35 40 45

Asp Cys Ala Lys Phe Gln Lys Ser Glu Leu Glu Phe Lys Phe Asn Arg

50 55 60

Lys Ala Leu Glu Arg Pro Tyr Thr Ser Lys His Ser Trp Gly Lys Thr

65 70 75 80

Tyr Gly Glu His Lys Arg His Leu Glu Phe Ser His Asp Gln Tyr Arg

85 90 95

Glu Leu Gln Arg Tyr Ala Glu Glu Val Gly Ile Phe Phe Thr Ala Ser

100 105 110

Gly Met Asp Glu Met Ala Val Glu Phe Leu His Glu Leu Asn Val Pro

115 120 125

Phe Phe Lys Val Gly Ser Gly Asp Thr Asn Asn Phe Pro Tyr Leu Glu

130 135 140

Lys Thr Ala Lys Lys Gly Arg Pro Met Val Ile Ser Ser Gly Met Gln

145 150 155 160

Ser Met Asp Thr Met Lys Gln Val Tyr Gln Ile Val Lys Pro Leu Asn

165 170 175

Pro Asn Phe Cys Phe Leu Gln Cys Thr Ser Ala Tyr Pro Leu Gln Pro

180 185 190

Glu Asp Val Asn Leu Arg Val Ile Ser Glu Tyr Gln Lys Leu Phe Pro

195 200 205

Asp Ile Pro Ile Gly Tyr Ser Gly His Glu Thr Gly Ile Ala Ile Ser

210 215 220

Val Ala Ala Val Ala Leu Gly Ala Lys Val Leu Glu Arg His Ile Thr

225 230 235 240

Leu Asp Lys Thr Trp Lys Gly Ser Asp His Ser Ala Ser Leu Glu Pro

245 250 255

Gly Glu Leu Ala Glu Leu Val Arg Ser Val Arg Leu Val Glu Arg Ala
260 265 270
Leu Gly Ser Pro Thr Lys Gln Leu Leu Pro Cys Glu Met Ala Cys Asn
275 280 285

Glu Lys Leu Gly Lys Ser Val Val Ala Lys Val Lys Ile Pro Glu Gly
290 295 300
Thr Ile Leu Thr Met Asp Met Leu Thr Val Lys Val Gly Glu Pro Lys
305 310 315 320
Ala Tyr Pro Pro Glu Asp Ile Phe Asn Leu Val Gly Lys Lys Val Leu
325 330 335
Val Thr Val Glu Glu Asp Asp Thr Ile Met Glu Glu Leu Val Asp Asn
340 345 350

His Gly Lys Lys Ile Lys Ser
355

<210> 623
<211> 904
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> SAGE__Homo_sapiens__Q9NXZ1
<400> 623
Met Gln Ala Ser Pro Leu Gln Thr Ser Gln Pro Thr Pro Pro Glu Glu
1 5 10 15
Leu His Ala Ala Ala Tyr Val Phe Thr Asn Asp Gly Gln Gln Met Arg
20 25 30
Ser Asp Glu Val Asn Leu Val Ala Thr Gly His Gln Ser Lys Lys Lys
35 40 45

His Ser Arg Lys Ser Lys Arg His Ser Ser Ser Lys Arg Arg Lys Ser
50 55 60
Met Ser Ser Trp Leu Asp Lys Gln Glu Asp Ala Ala Val Thr His Ser
65 70 75 80
Ile Cys Glu Glu Arg Ile Asn Asn Gly Gln Pro Val Ala Asp Asn Val
85 90 95

Leu Ser Thr Ala Pro Pro Trp Pro Asp Ala Thr Ile Ala His Asn Ile
100 105 110

Arg Glu Glu Arg Met Glu Asn Gly Gln Ser Arg Thr Asp Lys Val Leu
115 120 125
Ser Thr Ala Pro Pro Gln Leu Val His Met Ala Ala Ala Gly Ile Pro
130 135 140
Ser Met Ser Thr Arg Asp Leu His Ser Thr Val Thr His Asn Ile Arg
145 150 155 160
Glu Glu Arg Met Glu Asn Gly Gln Pro Gln Pro Asp Asn Val Leu Ser
165 170 175

Thr Gly Pro Thr Gly Leu Ile Asn Met Ala Ala Thr Pro Ile Pro Ala
180 185 190
Met Ser Ala Arg Asp Leu Tyr Ala Thr Val Thr His Asn Val Cys Glu
195 200 205
Gln Lys Met Glu Asn Val Gln Pro Ala Pro Asp Asn Val Leu Leu Thr
210 215 220
Leu Arg Pro Arg Arg Ile Asn Met Thr Asp Thr Gly Ile Ser Pro Met
225 230 235 240

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

Met Glu Asn Asp Gln Pro Gln Pro Asn Asn Val Leu Ser Thr Val Gln
305 310 315 320
Pro Val Ile Ile Tyr Leu Thr Ala Thr Gly Ile Pro Gly Met Asn Thr
325 330 335
Arg Asp Gln Tyr Ala Thr Ile Thr His Asn Val Cys Glu Glu Arg Val

340 345 350

Val Asn Asn Gln Pro Leu Pro Ser Asn Ala Leu Ser Thr Val Leu Pro

355 360 365

Gly Leu Ala Tyr Leu Ala Thr Ala Asp Met Pro Ala Met Ser Thr Arg

370 375 380

Asp Gln His Ala Thr Ile Ile His Asn Leu Arg Glu Glu Lys Lys Asp

385 390 395 400

Asn Ser Gln Pro Thr Pro Asp Asn Val Leu Ser Ala Val Thr Pro Glu

405 410 415

Leu Ile Asn Leu Ala Gly Ala Gly Ile Pro Pro Met Ser Thr Arg Asp

420 425 430

Gln Tyr Ala Thr Val Asn His His Val His Glu Ala Arg Met Glu Asn

435 440 445

Gly Gln Arg Lys Gln Asp Asn Val Leu Ser Asn Val Leu Ser Gly Leu

450 455 460

Ile Asn Met Ala Gly Ala Ser Ile Pro Ala Met Ser Ser Arg Asp Leu

465 470 475 480

Tyr Ala Thr Ile Thr His Ser Val Arg Glu Glu Lys Met Glu Ser Gly

485 490 495

Lys Pro Gln Thr Asp Lys Val Ile Ser Asn Asp Ala Pro Gln Leu Gly

500 505 510

His Met Ala Ala Gly Gly Ile Pro Ser Met Ser Thr Lys Asp Leu Tyr

515 520 525

Ala Thr Val Thr Gln Asn Val His Glu Glu Arg Met Glu Asn Asn Gln

530 535 540

Pro Gln Pro Ser Tyr Asp Leu Ser Thr Val Leu Pro Gly Leu Thr Tyr

545 550 555 560

Leu Thr Val Ala Gly Ile Pro Ala Met Ser Thr Arg Asp Gln Tyr Ala

565 570 575

Thr Val Thr His Asn Val His Glu Glu Lys Ile Lys Asn Gly Gln Ala

580 585 590

Ala Ser Asp Asn Val Phe Ser Thr Val Pro Pro Ala Phe Ile Asn Met
595 600 605
Ala Ala Thr Gly Val Ser Ser Met Ser Thr Arg Asp Gln Tyr Ala Ala
610 615 620

Val Thr His Asn Ile Arg Glu Glu Lys Ile Asn Asn Ser Gln Pro Ala
625 630 635 640
Pro Gly Asn Ile Leu Ser Thr Ala Pro Pro Trp Leu Arg His Met Ala
645 650 655
Ala Ala Gly Ile Ser Ser Thr Ile Thr Arg Asp Leu Tyr Val Thr Ala
660 665 670
Thr His Ser Val His Glu Glu Lys Met Thr Asn Gly Gln Gln Ala Pro
675 680 685

Asp Asn Ser Leu Ser Thr Val Pro Pro Gly Cys Ile Asn Leu Ser Gly
690 695 700
Ala Gly Ile Ser Cys Arg Ser Thr Arg Asp Leu Tyr Ala Thr Val Ile
705 710 715 720
His Asp Ile Gln Glu Glu Glu Met Glu Asn Asp Gln Thr Pro Pro Asp
725 730 735
Gly Phe Leu Ser Asn Ser Asp Ser Pro Glu Leu Ile Asn Met Thr Gly
740 745 750

His Cys Met Pro Pro Asn Ala Leu Asp Ser Phe Ser His Asp Phe Thr
755 760 765
Ser Leu Ser Lys Asp Glu Leu Leu Tyr Lys Pro Asp Ser Asn Glu Phe
770 775 780
Ala Val Gly Thr Lys Asn Tyr Ser Val Ser Ala Gly Asp Pro Pro Val
785 790 795 800
Thr Val Met Ser Leu Val Glu Thr Val Pro Asn Thr Pro Gln Ile Ser
805 810 815

Pro Ala Met Ala Lys Lys Ile Asn Asp Asp Ile Lys Tyr Gln Leu Met
820 825 830
Lys Glu Val Arg Arg Phe Gly Gln Asn Tyr Glu Arg Ile Phe Ile Leu

835 840 845

Leu Glu Glu Val Gln Gly Ser Met Lys Val Lys Arg Gln Phe Val Glu

850 855 860

Phe Thr Ile Lys Glu Ala Ala Arg Phe Lys Lys Val Val Leu Ile Gln

865 870 875 880

Gln Leu Glu Lys Ala Leu Lys Glu Ile Asp Ser His Cys His Leu Arg

885 890 895

Lys Val Lys His Met Arg Lys Arg

900

<210> 624

<211> 800

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SART-_1__Homo_sapiens__O43290

<400> 624

Met Gly Ser Ser Lys Lys His Arg Gly Glu Lys Glu Ala Ala Gly Thr

1 5 10 15

Thr Ala Ala Ala Gly Thr Gly Gly Ala Thr Glu Gln Pro Pro Arg His

20 25 30

Arg Glu His Lys Lys His Lys His Arg Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser

35 40 45

Gly Gly Glu Arg Arg Lys Arg Ser Arg Glu Arg Gly Gly Glu Arg Gly

50 55 60

Ser Gly Arg Arg Gly Ala Glu Ala Glu Ala Arg Ser Ser Thr His Gly

65 70 75 80

Arg Glu Arg Ser Gln Ala Glu Pro Ser Glu Arg Arg Val Lys Arg Glu

85 90 95

Lys Arg Asp Asp Gly Tyr Glu Ala Ala Ala Ser Ser Lys Thr Ser Ser

100 105 110

Gly Asp Ala Ser Ser Leu Ser Ile Glu Glu Thr Asn Lys Leu Arg Ala

115 120 125

Lys Leu Gly Leu Lys Pro Leu Glu Val Asn Ala Ile Lys Lys Glu Ala

130 135 140

Gly Thr Lys Glu Glu Pro Val Thr Ala Asp Val Ile Asn Pro Met Ala
145 150 155 160

Leu Arg Gln Arg Glu Glu Leu Arg Glu Lys Leu Ala Ala Ala Lys Glu
165 170 175

Lys Arg Leu Leu Asn Gln Lys Leu Gly Lys Ile Lys Thr Leu Gly Glu
180 185 190

Asp Asp Pro Trp Leu Asp Asp Thr Ala Ala Trp Ile Glu Arg Ser Arg
195 200 205

Gln Leu Gln Lys Glu Lys Asp Leu Ala Glu Lys Arg Ala Lys Leu Leu
210 215 220

Glu Glu Met Asp Gln Glu Phe Gly Val Ser Thr Leu Val Glu Glu Glu
225 230 235 240

Phe Gly Gln Arg Arg Gln Asp Leu Tyr Ser Ala Arg Asp Leu Gln Gly
245 250 255

Leu Thr Val Glu His Ala Ile Asp Ser Phe Arg Glu Gly Glu Thr Met
260 265 270

Ile Leu Thr Leu Lys Asp Lys Gly Val Leu Gln Glu Glu Glu Asp Val
275 280 285

Leu Val Asn Val Asn Leu Val Asp Lys Glu Arg Ala Glu Lys Asn Val
290 295 300

Glu Leu Arg Lys Lys Lys Pro Asp Tyr Leu Pro Tyr Ala Glu Asp Glu
305 310 315 320

Ser Val Asp Asp Leu Ala Gln Gln Lys Pro Arg Ser Ile Leu Ser Lys
325 330 335

Tyr Asp Glu Glu Leu Glu Gly Glu Arg Pro His Ser Phe Arg Leu Glu
340 345 350

Gln Gly Gly Thr Ala Asp Gly Leu Arg Glu Arg Glu Leu Glu Glu Ile
355 360 365

Arg Ala Lys Leu Arg Leu Gln Ala Gln Ser Leu Ser Thr Val Gly Pro
370 375 380

Arg Leu Ala Ser Glu Tyr Leu Thr Pro Glu Glu Met Val Thr Phe Lys
385 390 395 400
Lys Thr Lys Arg Arg Val Lys Lys Ile Arg Lys Lys Glu Lys Glu Val
405 410 415

Val Val Arg Ala Asp Asp Leu Leu Pro Leu Gly Asp Gln Thr Gln Asp
420 425 430
Gly Asp Phe Gly Ser Arg Leu Arg Gly Arg Gly Arg Arg Arg Val Ser
435 440 445
Glu Val Glu Glu Glu Lys Glu Pro Val Pro Gln Pro Leu Pro Ser Asp
450 455 460
Asp Thr Arg Val Glu Asn Met Asp Ile Ser Asp Glu Glu Glu Gly Gly
465 470 475 480

Ala Pro Pro Pro Gly Ser Pro Gln Val Leu Glu Glu Asp Glu Ala Glu
485 490 495
Leu Glu Leu Gln Lys Gln Leu Glu Lys Gly Arg Arg Leu Arg Gln Leu
500 505 510
Gln Gln Leu Gln Gln Leu Arg Asp Ser Gly Glu Lys Val Val Glu Ile
515 520 525
Val Lys Lys Leu Glu Ser Arg Gln Arg Gly Trp Glu Glu Asp Glu Asp
530 535 540

Pro Glu Arg Lys Gly Ala Ile Val Phe Asn Ala Thr Ser Glu Phe Cys
545 550 555 560
Arg Thr Leu Gly Glu Ile Pro Thr Tyr Gly Leu Ala Gly Asn Arg Glu
565 570 575
Glu Gln Glu Glu Leu Met Asp Phe Glu Arg Asp Glu Glu Arg Ser Ala
580 585 590
Asn Gly Gly Ser Glu Ser Asp Gly Glu Glu Asn Ile Gly Trp Ser Thr
595 600 605

Val Asn Leu Asp Glu Glu Lys Gln Gln Gln Asp Phe Ser Ala Ser Ser
610 615 620
Thr Thr Ile Leu Asp Glu Glu Pro Ile Val Asn Arg Gly Leu Ala Ala

625 630 635 640

Ala Leu Leu Leu Cys Gln Asn Lys Gly Leu Leu Glu Thr Thr Val Gln

645 650 655

Lys Val Ala Arg Val Lys Ala Pro Asn Lys Ser Leu Pro Ser Ala Val

660 665 670

Tyr Cys Ile Glu Asp Lys Met Ala Ile Asp Asp Lys Tyr Ser Arg Arg

675 680 685

Glu Glu Tyr Arg Gly Phe Thr Gln Asp Phe Lys Glu Lys Asp Gly Tyr

690 695 700

Lys Pro Asp Val Lys Ile Glu Tyr Val Asp Glu Thr Gly Arg Lys Leu

705 710 715 720

Thr Pro Lys Glu Ala Phe Arg Gln Leu Ser His Arg Phe His Gly Lys

725 730 735

Gly Ser Gly Lys Met Lys Thr Glu Arg Arg Met Lys Lys Leu Asp Glu

740 745 750

Glu Ala Leu Leu Lys Lys Met Ser Ser Ser Asp Thr Pro Leu Gly Thr

755 760 765

Val Ala Leu Leu Gln Glu Lys Gln Lys Ala Gln Lys Thr Pro Tyr Ile

770 775 780

Val Leu Ser Gly Ser Gly Lys Ser Met Asn Ala Asn Thr Ile Thr Lys

785 790 795 800

<210> 625

<211> 958

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SART-2__Homo_sapiens__Q9UL01

<400> 625

Met Arg Thr His Thr Arg Gly Ala Pro Ser Val Phe Phe Ile Tyr Leu

1 5 10 15

Leu Cys Phe Val Ser Ala Tyr Ile Thr Asp Glu Asn Pro Glu Val Met

20 25 30

Ile Pro Phe Thr Asn Ala Asn Tyr Asp Ser His Pro Met Leu Tyr Phe

35 40 45

Ser Arg Ala Glu Val Ala Glu Leu Gln Leu Arg Ala Ala Ser Ser His
50 55 60
Glu His Ile Ala Ala Arg Leu Thr Glu Ala Val His Thr Met Leu Ser
65 70 75 80
Ser Pro Leu Glu Tyr Leu Pro Pro Trp Asp Pro Lys Asp Tyr Ser Ala
85 90 95
Arg Trp Asn Glu Ile Phe Gly Asn Asn Leu Gly Ala Leu Ala Met Phe
100 105 110

Cys Val Leu Tyr Pro Glu Asn Ile Glu Ala Arg Asp Met Ala Lys Asp
115 120 125
Tyr Met Glu Arg Met Ala Ala Gln Pro Ser Trp Leu Val Lys Asp Ala
130 135 140
Pro Trp Asp Glu Val Pro Leu Ala His Ser Leu Val Gly Phe Ala Thr
145 150 155 160
Ala Tyr Asp Phe Leu Tyr Asn Tyr Leu Ser Lys Thr Gln Gln Glu Lys
165 170 175

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

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

Trp Leu Lys Gln His Phe Ala Phe Met Tyr Arg Thr Ile Leu Pro Gly
290 295 300

Phe Gln Arg Thr Val Ala Ile Ala Asp Ser Asn Tyr Asn Trp Phe Tyr
305 310 315 320
Gly Pro Glu Ser Gln Leu Val Phe Leu Asp Lys Phe Val Met Arg Asn
325 330 335
Gly Ser Gly Asn Trp Leu Ala Asp Gln Ile Arg Arg Asn Arg Val Val
340 345 350
Glu Gly Pro Gly Thr Pro Ser Lys Gly Gln Arg Trp Cys Thr Leu His
355 360 365

Thr Glu Phe Leu Trp Tyr Asp Gly Ser Leu Lys Ser Val Pro Pro Pro
370 375 380
Asp Phe Gly Thr Pro Thr Leu His Tyr Phe Glu Asp Trp Gly Val Val
385 390 395 400
Thr Tyr Gly Ser Ala Leu Pro Ala Glu Ile Asn Arg Ser Phe Leu Ser
405 410 415
Phe Lys Ser Gly Lys Leu Gly Gly Arg Ala Ile Tyr Asp Ile Val His
420 425 430

Arg Asn Lys Tyr Lys Asp Trp Ile Lys Gly Trp Arg Asn Phe Asn Ala
435 440 445
Gly His Glu His Pro Asp Gln Asn Ser Phe Thr Phe Ala Pro Asn Gly
450 455 460
Val Pro Phe Ile Thr Glu Ala Leu Tyr Gly Pro Lys Tyr Thr Phe Phe
465 470 475 480
Asn Asn Val Leu Met Phe Ser Pro Ala Val Ser Lys Ser Cys Phe Ser
485 490 495

Pro Trp Val Gly Gln Val Thr Glu Asp Cys Ser Ser Lys Trp Ser Lys
500 505 510
Tyr Lys His Asp Leu Ala Ala Ser Cys Gln Gly Arg Val Val Ala Ala
515 520 525
Glu Glu Lys Asn Gly Val Val Phe Ile Arg Gly Glu Gly Val Gly Ala

530 535 540

Tyr Asn Pro Gln Leu Asn Leu Lys Asn Val Gln Arg Asn Leu Ile Leu
545 550 555 560

Leu His Pro Gln Leu Leu Leu Leu Val Asp Gln Ile His Leu Gly Glu
565 570 575

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

Pro Phe Glu Glu Thr Val Val Asp Gly Val His Gly Ala Phe Ile Arg
595 600 605

Gln Arg Asp Gly Leu Tyr Lys Met Tyr Trp Met Asp Asp Thr Gly Tyr
610 615 620

Ser Glu Lys Ala Thr Phe Ala Ser Val Thr Tyr Pro Arg Gly Tyr Pro
625 630 635 640

Tyr Asn Gly Thr Asn Tyr Val Asn Val Thr Met His Leu Arg Ser Pro
645 650 655

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

Ser Phe Thr Val His Gly Asp Ser Gln Gln Leu Asp Val Phe Ile Ala
675 680 685

Thr Ser Lys His Ala Tyr Ala Thr Tyr Leu Trp Thr Gly Glu Ala Thr
690 695 700

Gly Gln Ser Ala Phe Ala Gln Val Ile Ala Asp Arg His Lys Ile Leu
705 710 715 720

Phe Asp Arg Asn Ser Ala Ile Lys Ser Ser Ile Val Pro Glu Val Lys
725 730 735

Asp Tyr Ala Ala Ile Val Glu Gln Asn Leu Gln His Phe Lys Pro Val
740 745 750

Phe Gln Leu Leu Glu Lys Gln Ile Leu Ser Arg Val Arg Asn Thr Ala
755 760 765

Ser Phe Arg Lys Thr Ala Glu Arg Leu Leu Arg Phe Ser Asp Lys Arg
770 775 780

Gln Thr Glu Glu Ala Ile Asp Arg Ile Phe Ala Ile Ser Gln Gln Gln
785 790 795 800
Gln Gln Gln Ser Lys Ser Lys Lys Asn Arg Arg Ala Gly Lys Arg Tyr
805 810 815

Lys Phe Val Asp Ala Val Pro Asp Ile Phe Ala Gln Ile Glu Val Asn
820 825 830
Glu Lys Lys Ile Arg Gln Lys Ala Gln Ile Leu Ala Gln Lys Glu Leu
835 840 845
Pro Ile Asp Glu Asp Glu Glu Met Lys Asp Leu Leu Asp Phe Ala Asp
850 855 860
Val Thr Tyr Glu Lys His Lys Asn Gly Gly Leu Ile Lys Gly Arg Phe
865 870 875 880

Gly Gln Ala Arg Met Val Thr Thr Thr His Ser Arg Ala Pro Ser Leu
885 890 895
Ser Ala Ser Tyr Thr Arg Leu Phe Leu Ile Leu Asn Ile Ala Ile Phe
900 905 910
Phe Val Met Leu Ala Met Gln Leu Thr Tyr Phe Gln Arg Ala Gln Ser
915 920 925
Leu His Gly Gln Arg Cys Leu Tyr Ala Val Leu Leu Ile Asp Ser Cys
930 935 940

Ile Leu Leu Trp Leu Tyr Ser Ser Cys Ser Gln Ser Gln Cys
945 950 955
<210> 626
<211> 963
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> SART-3__Homo_sapiens__Q15020
<400> 626
Met Ala Thr Ala Ala Glu Thr Ser Ala Ser Glu Pro Glu Ala Glu Ser
1 5 10 15
Lys Ala Gly Pro Lys Ala Asp Gly Glu Glu Asp Glu Val Lys Ala Ala
20 25 30

Arg Thr Arg Arg Lys Val Leu Ser Arg Ala Val Ala Ala Ala Thr Tyr

35 40 45

Lys Thr Met Gly Pro Ala Trp Asp Gln Gln Glu Glu Gly Val Ser Glu

50 55 60

Ser Asp Gly Asp Glu Tyr Ala Met Ala Ser Ser Ala Glu Ser Ser Pro

65 70 75 80

Gly Glu Tyr Glu Trp Glu Tyr Asp Glu Glu Glu Glu Lys Asn Gln Leu

85 90 95

Glu Ile Glu Arg Leu Glu Glu Gln Leu Ser Ile Asn Val Tyr Asp Tyr

100 105 110

Asn Cys His Val Asp Leu Ile Arg Leu Leu Arg Leu Glu Gly Glu Leu

115 120 125

Thr Lys Val Arg Met Ala Arg Gln Lys Met Ser Glu Ile Phe Pro Leu

130 135 140

Thr Glu Glu Leu Trp Leu Glu Trp Leu His Asp Glu Ile Ser Met Ala

145 150 155 160

Gln Asp Gly Leu Asp Arg Glu His Val Tyr Asp Leu Phe Glu Lys Ala

165 170 175

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

180 185 190

Ser Val Gly Gly Ile Gly Gln Lys Gly Gly Leu Glu Lys Val Arg Ser

195 200 205

Val Phe Glu Arg Ala Leu Ser Ser Val Gly Leu His Met Thr Lys Gly

210 215 220

Leu Ala Leu Trp Glu Ala Tyr Arg Glu Phe Glu Ser Ala Ile Val Glu

225 230 235 240

Ala Ala Arg Leu Glu Lys Val His Ser Leu Phe Arg Arg Gln Leu Ala

245 250 255

Ile Pro Leu Tyr Asp Met Glu Ala Thr Phe Ala Glu Tyr Glu Glu Trp

260 265 270

Ser Glu Asp Pro Ile Pro Glu Ser Val Ile Gln Asn Tyr Asn Lys Ala

275 280 285

Leu Gln Gln Leu Glu Lys Tyr Lys Pro Tyr Glu Glu Ala Leu Leu Gln

290 295 300

Ala Glu Ala Pro Arg Leu Ala Glu Tyr Gln Ala Tyr Ile Asp Phe Glu

305 310 315 320

Met Lys Ile Gly Asp Pro Ala Arg Ile Gln Leu Ile Phe Glu Arg Ala

325 330 335

Leu Val Glu Asn Cys Leu Val Pro Asp Leu Trp Ile Arg Tyr Ser Gln

340 345 350

Tyr Leu Asp Arg Gln Leu Lys Val Lys Asp Leu Val Leu Ser Val His

355 360 365

Asn Arg Ala Ile Arg Asn Cys Pro Trp Thr Val Ala Leu Trp Ser Arg

370 375 380

Tyr Leu Leu Ala Met Glu Arg His Gly Val Asp His Gln Val Ile Ser

385 390 395 400

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

405 410 415

Tyr Val Glu Ile Trp Gln Ala Tyr Leu Asp Tyr Leu Arg Arg Arg Val

420 425 430

Asp Phe Lys Gln Asp Ser Ser Lys Glu Leu Glu Glu Leu Arg Ala Ala

435 440 445

Phe Thr Arg Ala Leu Glu Tyr Leu Lys Gln Glu Val Glu Glu Arg Phe

450 455 460

Asn Glu Ser Gly Asp Pro Ser Cys Val Ile Met Gln Asn Trp Ala Arg

465 470 475 480

Ile Glu Ala Arg Leu Cys Asn Asn Met Gln Lys Ala Arg Glu Leu Trp

485 490 495

Asp Ser Ile Met Thr Arg Gly Asn Ala Lys Tyr Ala Asn Met Trp Leu

500 505 510

Glu Tyr Tyr Asn Leu Glu Arg Ala His Gly Asp Thr Gln His Cys Arg

515 520 525

Lys Ala Leu His Arg Ala Val Gln Cys Thr Ser Asp Tyr Pro Glu His
530 535 540
Val Cys Glu Val Leu Leu Thr Met Glu Arg Thr Glu Gly Ser Leu Glu

545 550 555 560
Asp Trp Asp Ile Ala Val Gln Lys Thr Glu Thr Arg Leu Ala Arg Val
565 570 575
Asn Glu Gln Arg Met Lys Ala Ala Glu Lys Glu Ala Ala Leu Val Gln
580 585 590
Gln Glu Glu Glu Lys Ala Glu Gln Arg Lys Arg Ala Arg Ala Glu Lys
595 600 605
Lys Ala Leu Lys Lys Lys Lys Lys Ile Arg Gly Pro Glu Lys Arg Gly

610 615 620
Ala Asp Glu Asp Asp Glu Lys Glu Trp Gly Asp Asp Glu Glu Glu Gln
625 630 635 640
Pro Ser Lys Arg Arg Arg Val Glu Asn Ser Ile Pro Ala Ala Gly Glu
645 650 655
Thr Gln Asn Val Glu Val Ala Ala Gly Pro Ala Gly Lys Cys Ala Ala
660 665 670
Val Asp Val Glu Pro Pro Ser Lys Gln Lys Glu Lys Ala Ala Ser Leu

675 680 685
Lys Arg Asp Met Pro Lys Val Leu His Asp Ser Ser Lys Asp Ser Ile
690 695 700
Thr Val Phe Val Ser Asn Leu Pro Tyr Ser Met Gln Glu Pro Asp Thr
705 710 715 720
Lys Leu Arg Pro Leu Phe Glu Ala Cys Gly Glu Val Val Gln Ile Arg
725 730 735
Pro Ile Phe Ser Asn Arg Gly Asp Phe Arg Gly Tyr Cys Tyr Val Glu

740 745 750
Phe Lys Glu Glu Lys Ser Ala Leu Gln Ala Leu Glu Met Asp Arg Lys
755 760 765
Ser Val Glu Gly Arg Pro Met Phe Val Ser Pro Cys Val Asp Lys Ser

770 775 780

Lys Asn Pro Asp Phe Lys Val Phe Arg Tyr Ser Thr Ser Leu Glu Lys

785 790 795 800

His Lys Leu Phe Ile Ser Gly Leu Pro Phe Ser Cys Thr Lys Glu Glu

805 810 815

Leu Glu Glu Ile Cys Lys Ala His Gly Thr Val Lys Asp Leu Arg Leu

820 825 830

Val Thr Asn Arg Ala Gly Lys Pro Lys Gly Leu Ala Tyr Val Glu Tyr

835 840 845

Glu Asn Glu Ser Gln Ala Ser Gln Ala Val Met Lys Met Asp Gly Met

850 855 860

Thr Ile Lys Glu Asn Ile Ile Lys Val Ala Ile Ser Asn Pro Pro Gln

865 870 875 880

Arg Lys Val Pro Glu Lys Pro Glu Thr Arg Lys Ala Pro Gly Gly Pro

885 890 895

Met Leu Leu Pro Gln Thr Tyr Gly Ala Arg Gly Lys Gly Arg Thr Gln

900 905 910

Leu Ser Leu Leu Pro Arg Ala Leu Gln Arg Pro Ser Ala Ala Ala Pro

915 920 925

Gln Ala Glu Asn Gly Pro Ala Ala Ala Pro Ala Val Ala Ala Pro Ala

930 935 940

Ala Thr Glu Ala Pro Lys Met Ser Asn Ala Asp Phe Ala Lys Leu Phe

945 950 955 960

Leu Arg Lys

<210> 627

<211> 760

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SEPR__Homo_sapiens__Q12884

<400> 627

Met Lys Thr Trp Val Lys Ile Val Phe Gly Val Ala Thr Ser Ala Val

1 5 10 15

Leu Ala Leu Leu Val Met Cys Ile Val Leu Arg Pro Ser Arg Val His

20 25 30

Asn Ser Glu Glu Asn Thr Met Arg Ala Leu Thr Leu Lys Asp Ile Leu

35 40 45

Asn Gly Thr Phe Ser Tyr Lys Thr Phe Phe Pro Asn Trp Ile Ser Gly

50 55 60

Gln Glu Tyr Leu His Gln Ser Ala Asp Asn Asn Ile Val Leu Tyr Asn

65 70 75 80

Ile Glu Thr Gly Gln Ser Tyr Thr Ile Leu Ser Asn Arg Thr Met Lys

85 90 95

Ser Val Asn Ala Ser Asn Tyr Gly Leu Ser Pro Asp Arg Gln Phe Val

100 105 110

Tyr Leu Glu Ser Asp Tyr Ser Lys Leu Trp Arg Tyr Ser Tyr Thr Ala

115 120 125

Thr Tyr Tyr Ile Tyr Asp Leu Ser Asn Gly Glu Phe Val Arg Gly Asn

130 135 140

Glu Leu Pro Arg Pro Ile Gln Tyr Leu Cys Trp Ser Pro Val Gly Ser

145 150 155 160

Lys Leu Ala Tyr Val Tyr Gln Asn Asn Ile Tyr Leu Lys Gln Arg Pro

165 170 175

Gly Asp Pro Pro Phe Gln Ile Thr Phe Asn Gly Arg Glu Asn Lys Ile

180 185 190

Phe Asn Gly Ile Pro Asp Trp Val Tyr Glu Glu Glu Met Leu Ala Thr

195 200 205

Lys Tyr Ala Leu Trp Trp Ser Pro Asn Gly Lys Phe Leu Ala Tyr Ala

210 215 220

Glu Phe Asn Asp Thr Asp Ile Pro Val Ile Ala Tyr Ser Tyr Tyr Gly

225 230 235 240

Asp Glu Gln Tyr Pro Arg Thr Ile Asn Ile Pro Tyr Pro Lys Ala Gly

245 250 255

Ala Lys Asn Pro Val Val Arg Ile Phe Ile Ile Asp Thr Thr Tyr Pro

260 265 270

Ala Tyr Val Gly Pro Gln Glu Val Pro Val Pro Ala Met Ile Ala Ser

275 280 285

Ser Asp Tyr Tyr Phe Ser Trp Leu Thr Trp Val Thr Asp Glu Arg Val

290 295 300

Cys Leu Gln Trp Leu Lys Arg Val Gln Asn Val Ser Val Leu Ser Ile

305 310 315 320

Cys Asp Phe Arg Glu Asp Trp Gln Thr Trp Asp Cys Pro Lys Thr Gln

325 330 335

Glu His Ile Glu Glu Ser Arg Thr Gly Trp Ala Gly Gly Phe Phe Val

340 345 350

Ser Thr Pro Val Phe Ser Tyr Asp Ala Ile Ser Tyr Tyr Lys Ile Phe

355 360 365

Ser Asp Lys Asp Gly Tyr Lys His Ile His Tyr Ile Lys Asp Thr Val

370 375 380

Glu Asn Ala Ile Gln Ile Thr Ser Gly Lys Trp Glu Ala Ile Asn Ile

385 390 395 400

Phe Arg Val Thr Gln Asp Ser Leu Phe Tyr Ser Ser Asn Glu Phe Glu

405 410 415

Glu Tyr Pro Gly Arg Arg Asn Ile Tyr Arg Ile Ser Ile Gly Ser Tyr

420 425 430

Pro Pro Ser Lys Lys Cys Val Thr Cys His Leu Arg Lys Glu Arg Cys

435 440 445

Gln Tyr Tyr Thr Ala Ser Phe Ser Asp Tyr Ala Lys Tyr Tyr Ala Leu

450 455 460

Val Cys Tyr Gly Pro Gly Ile Pro Ile Ser Thr Leu His Asp Gly Arg

465 470 475 480

Thr Asp Gln Glu Ile Lys Ile Leu Glu Glu Asn Lys Glu Leu Glu Asn

485 490 495

Ala Leu Lys Asn Ile Gln Leu Pro Lys Glu Glu Ile Lys Lys Leu Glu

500 505 510

Val Asp Glu Ile Thr Leu Trp Tyr Lys Met Ile Leu Pro Pro Gln Phe
515 520 525
Asp Arg Ser Lys Lys Tyr Pro Leu Leu Ile Gln Val Tyr Gly Gly Pro

530 535 540
Cys Ser Gln Ser Val Arg Ser Val Phe Ala Val Asn Trp Ile Ser Tyr
545 550 555 560
Leu Ala Ser Lys Glu Gly Met Val Ile Ala Leu Val Asp Gly Arg Gly
565 570 575
Thr Ala Phe Gln Gly Asp Lys Leu Leu Tyr Ala Val Tyr Arg Lys Leu
580 585 590
Gly Val Tyr Glu Val Glu Asp Gln Ile Thr Ala Val Arg Lys Phe Ile

595 600 605
Glu Met Gly Phe Ile Asp Glu Lys Arg Ile Ala Ile Trp Gly Trp Ser
610 615 620
Tyr Gly Gly Tyr Val Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ser Gly Thr Gly Leu
625 630 635 640
Phe Lys Cys Gly Ile Ala Val Ala Pro Val Ser Ser Trp Glu Tyr Tyr
645 650 655
Ala Ser Val Tyr Thr Glu Arg Phe Met Gly Leu Pro Thr Lys Asp Asp

660 665 670
Asn Leu Glu His Tyr Lys Asn Ser Thr Val Met Ala Arg Ala Glu Tyr
675 680 685
Phe Arg Asn Val Asp Tyr Leu Leu Ile His Gly Thr Ala Asp Asp Asn
690 695 700
Val His Phe Gln Asn Ser Ala Gln Ile Ala Lys Ala Leu Val Asn Ala
705 710 715 720
Gln Val Asp Phe Gln Ala Met Trp Tyr Ser Asp Gln Asn His Gly Leu

725 730 735
Ser Gly Leu Ser Thr Asn His Leu Tyr Thr His Met Thr His Phe Leu
740 745 750
Lys Gln Cys Phe Ser Leu Ser Asp

755 760

<210> 628

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SIA7F__Homo_sapiens__Q969X2

<400> 628

Met Ala Cys Ser Arg Pro Pro Ser Gln Cys Glu Pro Thr Ser Leu Pro
1 5 10 15

Pro Gly Pro Pro Ala Gly Arg Arg His Leu Pro Leu Ser Arg Arg Arg
20 25 30

Arg Glu Met Ser Ser Asn Lys Glu Gln Arg Ser Ala Val Phe Val Ile
35 40 45

Leu Phe Ala Leu Ile Thr Ile Leu Ile Leu Tyr Ser Ser Asn Ser Ala
50 55 60

Asn Glu Val Phe His Tyr Gly Ser Leu Arg Gly Arg Ser Arg Arg Pro
65 70 75 80

Val Asn Leu Lys Lys Trp Ser Ile Thr Asp Gly Tyr Val Pro Ile Leu
85 90 95

Gly Asn Lys Thr Leu Pro Ser Arg Cys His Gln Cys Val Ile Val Ser
100 105 110

Ser Ser Ser His Leu Leu Gly Thr Lys Leu Gly Pro Glu Ile Glu Arg
115 120 125

Ala Glu Cys Thr Ile Arg Met Asn Asp Ala Pro Thr Thr Gly Tyr Ser
130 135 140

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

Val Phe Arg Val Leu Arg Arg Pro Gln Glu Phe Val Asn Arg Thr Pro
165 170 175

Glu Thr Val Phe Ile Phe Trp Gly Pro Pro Ser Lys Met Gln Lys Pro
180 185 190

Gln Gly Ser Leu Val Arg Val Ile Gln Arg Ala Gly Leu Val Phe Pro

195 200 205

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

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

<210> 629
<211> 356

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> SIA8A__Homo_sapiens__Q92185
<400> 629
Met Ser Pro Cys Gly Arg Ala Arg Arg Gln Thr Ser Arg Gly Ala Met
1 5 10 15
Ala Val Leu Ala Trp Lys Phe Pro Arg Thr Arg Leu Pro Met Gly Ala
20 25 30
Ser Ala Leu Cys Val Val Val Leu Cys Trp Leu Tyr Ile Phe Pro Val
35 40 45
Tyr Arg Leu Pro Asn Glu Lys Glu Ile Val Gln Gly Val Leu Gln Gln

50 55 60

Gly Thr Ala Trp Arg Arg Asn Gln Thr Ala Ala Arg Ala Phe Arg Lys
65 70 75 80
Gln Met Glu Asp Cys Cys Asp Pro Ala His Leu Phe Ala Met Thr Lys
85 90 95
Met Asn Ser Pro Met Gly Lys Ser Met Trp Tyr Asp Gly Glu Phe Leu
100 105 110
Tyr Ser Phe Thr Ile Asp Asn Ser Thr Tyr Ser Leu Phe Pro Gln Ala

115 120 125
Thr Pro Phe Gln Leu Pro Leu Lys Lys Cys Ala Val Val Gly Asn Gly
130 135 140
Gly Ile Leu Lys Lys Ser Gly Cys Gly Arg Gln Ile Asp Glu Ala Asn
145 150 155 160
Phe Val Met Arg Cys Asn Leu Pro Pro Leu Ser Ser Glu Tyr Thr Lys
165 170 175
Asp Val Gly Ser Lys Ser Gln Leu Val Thr Ala Asn Pro Ser Ile Ile

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

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

305 310 315 320

Phe His Ala Met Pro Glu Glu Phe Leu Gln Leu Trp Tyr Leu His Lys

325 330 335

Ile Gly Ala Leu Arg Met Gln Leu Asp Pro Cys Glu Asp Thr Ser Leu

340 345 350

Gln Pro Thr Ser

355

<210> 630

<211> 418

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SIAT9__Homo_sapiens__Q9UNP4

<400> 630

Met Arg Thr Lys Ala Ala Gly Cys Ala Glu Arg Arg Pro Leu Gln Pro

1 5 10 15

Arg Thr Glu Ala Ala Ala Ala Pro Ala Gly Arg Ala Met Pro Ser Glu

20 25 30

Tyr Thr Tyr Val Lys Leu Arg Ser Asp Cys Ser Arg Pro Ser Leu Gln

35 40 45

Trp Tyr Thr Arg Ala Gln Ser Lys Met Arg Arg Pro Ser Leu Leu Leu

50 55 60

Lys Asp Ile Leu Lys Cys Thr Leu Leu Val Phe Gly Val Trp Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Ile Leu Lys Leu Asn Tyr Thr Thr Glu Glu Cys Asp Met Lys Lys

85 90 95

Met His Tyr Val Asp Pro Asp His Val Lys Arg Ala Gln Lys Tyr Ala

100 105 110

Gln Gln Val Leu Gln Lys Glu Cys Arg Pro Lys Phe Ala Lys Thr Ser

115 120 125

Met Ala Leu Leu Phe Glu His Arg Tyr Ser Val Asp Leu Leu Pro Phe

130 135 140

Val Gln Lys Ala Pro Lys Asp Ser Glu Ala Glu Ser Lys Tyr Asp Pro

145 150 155 160

Pro Phe Gly Phe Arg Lys Phe Ser Ser Lys Val Gln Thr Leu Leu Glu

165 170 175

Leu Leu Pro Glu His Asp Leu Pro Glu His Leu Lys Ala Lys Thr Cys

180 185 190

Arg Arg Cys Val Val Ile Gly Ser Gly Gly Ile Leu His Gly Leu Glu

195 200 205

Leu Gly His Thr Leu Asn Gln Phe Asp Val Val Ile Arg Leu Asn Ser

210 215 220

Ala Pro Val Glu Gly Tyr Ser Glu His Val Gly Asn Lys Thr Thr Ile

225 230 235 240

Arg Met Thr Tyr Pro Glu Gly Ala Pro Leu Ser Asp Leu Glu Tyr Tyr

245 250 255

Ser Asn Asp Leu Phe Val Ala Val Leu Phe Lys Ser Val Asp Phe Asn

260 265 270

Trp Leu Gln Ala Met Val Lys Lys Glu Thr Leu Pro Phe Trp Val Arg

275 280 285

Leu Phe Phe Trp Lys Gln Val Ala Glu Lys Ile Pro Leu Gln Pro Lys

290 295 300

His Phe Arg Ile Leu Asn Pro Val Ile Ile Lys Glu Thr Ala Phe Asp

305 310 315 320

Ile Leu Gln Tyr Ser Glu Pro Gln Ser Arg Phe Trp Gly Arg Asp Lys

325 330 335

Asn Val Pro Thr Ile Gly Val Ile Ala Val Val Leu Ala Thr His Leu

340 345 350

Cys Asp Glu Val Ser Leu Ala Gly Phe Gly Tyr Asp Leu Asn Gln Pro

355 360 365

Arg Thr Pro Leu His Tyr Phe Asp Ser Gln Cys Met Ala Ala Met Asn

370 375 380

Phe Gln Thr Met His Asn Val Thr Thr Glu Thr Lys Phe Leu Leu Lys

385 390 395 400

Leu Val Lys Glu Gly Val Val Lys Asp Leu Ser Gly Gly Ile Asp Arg

405 410 415

Glu Phe

<210> 631

<211> 352

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SIRT2/m__Homo_sapiens__A0A024R0G8

<400> 631

Met Asp Phe Leu Arg Asn Leu Phe Ser Gln Thr Leu Ser Leu Gly Ser

1 5 10 15

Gln Lys Glu Arg Leu Leu Asp Glu Leu Thr Leu Glu Gly Val Ala Arg

20 25 30

Tyr Met Gln Ser Glu Arg Cys Arg Arg Val Ile Cys Leu Val Gly Ala

35 40 45

Gly Ile Ser Thr Ser Ala Gly Ile Pro Asp Phe Arg Ser Pro Ser Thr

50 55 60

Gly Leu Tyr Asp Asn Leu Glu Lys Tyr His Leu Pro Tyr Pro Glu Ala

65 70 75 80

Ile Phe Glu Ile Ser Tyr Phe Lys Lys His Pro Glu Pro Phe Phe Ala

85 90 95

Leu Ala Lys Glu Leu Tyr Pro Gly Gln Phe Lys Pro Thr Ile Cys His

100 105 110

Tyr Phe Met Arg Leu Leu Lys Asp Lys Gly Leu Leu Leu Arg Cys Tyr

115 120 125

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

130 135 140

Asp Leu Val Glu Ala His Gly Thr Phe Tyr Thr Ser His Cys Val Ser

145 150 155 160

Ala Ser Cys Arg His Glu Tyr Pro Leu Ser Trp Met Lys Glu Lys Ile

165 170 175

Phe Ser Glu Val Thr Pro Lys Cys Glu Asp Cys Gln Ser Leu Val Lys

180 185 190

Pro Asp Ile Val Phe Phe Gly Glu Ser Leu Pro Ala Arg Phe Phe Ser

195 200 205

Cys Met Gln Ser Asp Phe Leu Lys Val Asp Leu Leu Leu Val Met Gly

210 215 220

Thr Ser Leu Gln Val Gln Pro Phe Ala Ser Leu Ile Ser Lys Ala Pro

225 230 235 240

Leu Ser Thr Pro Arg Leu Leu Ile Asn Lys Glu Lys Ala Gly Gln Ser

245 250 255

Asp Pro Phe Leu Gly Met Ile Met Gly Leu Gly Gly Gly Met Asp Phe

260 265 270

Asp Ser Lys Lys Ala Tyr Arg Asp Val Ala Trp Leu Gly Glu Cys Asp

275 280 285

Gln Gly Cys Leu Ala Leu Ala Glu Leu Leu Gly Trp Lys Lys Glu Leu

290 295 300

Glu Asp Leu Val Arg Arg Glu His Ala Ser Ile Asp Ala Gln Ser Gly

305 310 315 320

Ala Gly Val Pro Asn Pro Ser Thr Ser Ala Ser Pro Lys Lys Ser Pro

325 330 335

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

340 345 350

<210> 632

<211> 389

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SIRT2/m__Homo_sapiens__Q8IXJ6

<400> 632

Met Ala Glu Pro Asp Pro Ser His Pro Leu Glu Thr Gln Ala Gly Lys

1 5 10 15

Val Gln Glu Ala Gln Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Gly Gly Ala Ala

20 25 30

Gly Gly Glu Ala Asp Met Asp Phe Leu Arg Asn Leu Phe Ser Gln Thr

35 40 45

Leu Ser Leu Gly Ser Gln Lys Glu Arg Leu Leu Asp Glu Leu Thr Leu

50 55 60

Glu Gly Val Ala Arg Tyr Met Gln Ser Glu Arg Cys Arg Arg Val Ile

65 70 75 80

Cys Leu Val Gly Ala Gly Ile Ser Thr Ser Ala Gly Ile Pro Asp Phe

85 90 95

Arg Ser Pro Ser Thr Gly Leu Tyr Asp Asn Leu Glu Lys Tyr His Leu

100 105 110

Pro Tyr Pro Glu Ala Ile Phe Glu Ile Ser Tyr Phe Lys Lys His Pro

115 120 125

Glu Pro Phe Phe Ala Leu Ala Lys Glu Leu Tyr Pro Gly Gln Phe Lys

130 135 140

Pro Thr Ile Cys His Tyr Phe Met Arg Leu Leu Lys Asp Lys Gly Leu

145 150 155 160

Leu Leu Arg Cys Tyr Thr Gln Asn Ile Asp Thr Leu Glu Arg Ile Ala

165 170 175

Gly Leu Glu Gln Glu Asp Leu Val Glu Ala His Gly Thr Phe Tyr Thr

180 185 190

Ser His Cys Val Ser Ala Ser Cys Arg His Glu Tyr Pro Leu Ser Trp

195 200 205

Met Lys Glu Lys Ile Phe Ser Glu Val Thr Pro Lys Cys Glu Asp Cys

210 215 220

Gln Ser Leu Val Lys Pro Asp Ile Val Phe Phe Gly Glu Ser Leu Pro

225 230 235 240

Ala Arg Phe Phe Ser Cys Met Gln Ser Asp Phe Leu Lys Val Asp Leu

245 250 255

Leu Leu Val Met Gly Thr Ser Leu Gln Val Gln Pro Phe Ala Ser Leu

260 265 270

Ile Ser Lys Ala Pro Leu Ser Thr Pro Arg Leu Leu Ile Asn Lys Glu

275 280 285

Lys Ala Gly Gln Ser Asp Pro Phe Leu Gly Met Ile Met Gly Leu Gly

290 295 300

Gly Gly Met Asp Phe Asp Ser Lys Lys Ala Tyr Arg Asp Val Ala Trp

305 310 315 320

Leu Gly Glu Cys Asp Gln Gly Cys Leu Ala Leu Ala Glu Leu Leu Gly

325 330 335

Trp Lys Lys Glu Leu Glu Asp Leu Val Arg Arg Glu His Ala Ser Ile

340 345 350

Asp Ala Gln Ser Gly Ala Gly Val Pro Asn Pro Ser Thr Ser Ala Ser

355 360 365

Pro Lys Lys Ser Pro Pro Pro Ala Lys Asp Glu Ala Arg Thr Thr Glu

370 375 380

Arg Glu Lys Pro Gln

385

<210> 633

<211> 466

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SOX10__Homo_sapiens__P56693

<400> 633

Met Ala Glu Glu Gln Asp Leu Ser Glu Val Glu Leu Ser Pro Val Gly

1 5 10 15

Ser Glu Glu Pro Arg Cys Leu Ser Pro Gly Ser Ala Pro Ser Leu Gly

20 25 30

Pro Asp Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Leu Arg Ala Ser Pro Gly Pro

35 40 45

Gly Glu Leu Gly Lys Val Lys Lys Glu Gln Gln Asp Gly Glu Ala Asp

50 55 60

Asp Asp Lys Phe Pro Val Cys Ile Arg Glu Ala Val Ser Gln Val Leu

65 70 75 80

Ser Gly Tyr Asp Trp Thr Leu Val Pro Met Pro Val Arg Val Asn Gly

85 90 95

Ala Ser Lys Ser Lys Pro His Val Lys Arg Pro Met Asn Ala Phe Met

100 105 110

Val Trp Ala Gln Ala Ala Arg Arg Lys Leu Ala Asp Gln Tyr Pro His

115 120 125

Leu His Asn Ala Glu Leu Ser Lys Thr Leu Gly Lys Leu Trp Arg Leu

130 135 140

Leu Asn Glu Ser Asp Lys Arg Pro Phe Ile Glu Glu Ala Glu Arg Leu

145 150 155 160

Arg Met Gln His Lys Lys Asp His Pro Asp Tyr Lys Tyr Gln Pro Arg

165 170 175

Arg Arg Lys Asn Gly Lys Ala Ala Gln Gly Glu Ala Glu Cys Pro Gly

180 185 190

Gly Glu Ala Glu Gln Gly Gly Thr Ala Ala Ile Gln Ala His Tyr Lys

195 200 205

Ser Ala His Leu Asp His Arg His Pro Gly Glu Gly Ser Pro Met Ser

210 215 220

Asp Gly Asn Pro Glu His Pro Ser Gly Gln Ser His Gly Pro Pro Thr

225 230 235 240

Pro Pro Thr Thr Pro Lys Thr Glu Leu Gln Ser Gly Lys Ala Asp Pro

245 250 255

Lys Arg Asp Gly Arg Ser Met Gly Glu Gly Gly Lys Pro His Ile Asp

260 265 270

Phe Gly Asn Val Asp Ile Gly Glu Ile Ser His Glu Val Met Ser Asn

275 280 285

Met Glu Thr Phe Asp Val Ala Glu Leu Asp Gln Tyr Leu Pro Pro Asn

290 295 300

Gly His Pro Gly His Val Ser Ser Tyr Ser Ala Ala Gly Tyr Gly Leu

305 310 315 320

Gly Ser Ala Leu Ala Val Ala Ser Gly His Ser Ala Trp Ile Ser Lys

325 330 335

Pro Pro Gly Val Ala Leu Pro Thr Val Ser Pro Pro Gly Val Asp Ala

340 345 350

Lys Ala Gln Val Lys Thr Glu Thr Ala Gly Pro Gln Gly Pro Pro His

355 360 365

Tyr Thr Asp Gln Pro Ser Thr Ser Gln Ile Ala Tyr Thr Ser Leu Ser

370 375 380

Leu Pro His Tyr Gly Ser Ala Phe Pro Ser Ile Ser Arg Pro Gln Phe

385 390 395 400

Asp Tyr Ser Asp His Gln Pro Ser Gly Pro Tyr Tyr Gly His Ser Gly

405 410 415

Gln Ala Ser Gly Leu Tyr Ser Ala Phe Ser Tyr Met Gly Pro Ser Gln

420 425 430

Arg Pro Leu Tyr Thr Ala Ile Ser Asp Pro Ser Pro Ser Gly Pro Gln

435 440 445

Ser His Ser Pro Thr His Trp Glu Gln Pro Val Tyr Thr Thr Leu Ser

450 455 460

Arg Pro

465

<210> 634

<211> 151

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SP17__Homo_sapiens__Q15506

<400> 634

Met Ser Ile Pro Phe Ser Asn Thr His Tyr Arg Ile Pro Gln Gly Phe

1 5 10 15

Gly Asn Leu Leu Glu Gly Leu Thr Arg Glu Ile Leu Arg Glu Gln Pro

20 25 30

Asp Asn Ile Pro Ala Phe Ala Ala Ala Tyr Phe Glu Ser Leu Leu Glu

35 40 45

Lys Arg Glu Lys Thr Asn Phe Asp Pro Ala Glu Trp Gly Ser Lys Val

50 55 60

Glu Asp Arg Phe Tyr Asn Asn His Ala Phe Glu Glu Gln Glu Pro Pro
65 70 75 80
Glu Lys Ser Asp Pro Lys Gln Glu Glu Ser Gln Ile Ser Gly Lys Glu
85 90 95
Glu Glu Thr Ser Val Thr Ile Leu Asp Ser Ser Glu Glu Asp Lys Glu
100 105 110
Lys Glu Glu Val Ala Ala Val Lys Ile Gln Ala Ala Phe Arg Gly His

115 120 125

Ile Ala Arg Glu Glu Ala Lys Lys Met Lys Thr Asn Ser Leu Gln Asn
130 135 140
Glu Glu Lys Glu Glu Asn Lys
145 150

<210> 635
<211> 97
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> SPNXA__Homo_sapiens__Q9NS26
<400> 635
Met Asp Lys Gln Ser Ser Ala Gly Gly Val Lys Arg Ser Val Pro Cys
1 5 10 15
Asp Ser Asn Glu Ala Asn Glu Met Met Pro Glu Thr Pro Thr Gly Asp

20 25 30

Ser Asp Pro Gln Pro Ala Pro Lys Lys Met Lys Thr Ser Glu Ser Ser
35 40 45
Thr Ile Leu Val Val Arg Tyr Arg Arg Asn Phe Lys Arg Thr Ser Pro
50 55 60
Glu Glu Leu Leu Asn Asp His Ala Arg Glu Asn Arg Ile Asn Pro Leu
65 70 75 80
Gln Met Glu Glu Glu Glu Phe Met Glu Ile Met Val Glu Ile Pro Ala

85 90 95

Lys

<210> 636

<211> 141

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SPXN3__Homo_sapiens__Q5MJ09

<400> 636

Met Glu Gln Pro Thr Ser Ser Thr Asn Gly Glu Lys Thr Lys Ser Pro
1 5 10 15

Cys Glu Ser Asn Asn Lys Lys Asn Asp Glu Met Gln Glu Val Pro Asn
20 25 30

Arg Val Leu Ala Pro Glu Gln Ser Leu Lys Lys Thr Lys Thr Ser Glu

35 40 45

Tyr Pro Ile Ile Phe Val Tyr Tyr Leu Arg Lys Gly Lys Lys Ile Asn
50 55 60

Ser Asn Gln Leu Glu Asn Glu Gln Ser Gln Glu Asn Ser Ile Asn Pro
65 70 75 80

Ile Gln Lys Glu Glu Asp Glu Gly Val Asp Leu Ser Glu Gly Ser Ser
85 90 95

Asn Glu Asp Glu Asp Leu Gly Pro Cys Glu Gly Pro Ser Lys Glu Asp

100 105 110

Lys Asp Leu Asp Ser Ser Glu Gly Ser Ser Gln Glu Asp Glu Asp Leu
115 120 125

Gly Leu Ser Glu Gly Ser Ser Gln Asp Ser Gly Glu Asp
130 135 140

<210> 637

<211> 188

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SSX-1__Homo_sapiens__Q16384

<400> 637

Met Asn Gly Asp Asp Thr Phe Ala Lys Arg Pro Arg Asp Asp Ala Lys

1 5 10 15

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

Gly Asn Asp Phe Asp Asn Asp His Asn Arg Arg Ile Gln Val Glu His
85 90 95
Pro Gln Met Thr Phe Gly Arg Leu His Arg Ile Ile Pro Lys Ile Met
100 105 110
Pro Lys Lys Pro Ala Glu Asp Glu Asn Asp Ser Lys Gly Val Ser Glu
115 120 125
Ala Ser Gly Pro Gln Asn Asp Gly Lys Gln Leu His Pro Pro Gly Lys
130 135 140

Ala Asn Ile Ser Glu Lys Ile Asn Lys Arg Ser Gly Pro Lys Arg Gly
145 150 155 160
Lys His Ala Trp Thr His Arg Leu Arg Glu Arg Lys Gln Leu Val Ile
165 170 175
Tyr Glu Glu Ile Ser Asp Pro Glu Glu Asp Asp Glu
180 185

<210> 638
<211> 188
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> SSX-2__Homo_sapiens__Q16385
<400> 638
Met Asn Gly Asp Asp Ala Phe Ala Arg Arg Pro Thr Val Gly Ala Gln

1 5 10 15

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

65 70 75 80
Gly Asn Asp Leu Asp Asn Asp Pro Asn Arg Gly Asn Gln Val Glu Arg
85 90 95
Pro Gln Met Thr Phe Gly Arg Leu Gln Gly Ile Ser Pro Lys Ile Met
100 105 110
Pro Lys Lys Pro Ala Glu Glu Gly Asn Asp Ser Glu Glu Val Pro Glu
115 120 125
Ala Ser Gly Pro Gln Asn Asp Gly Lys Glu Leu Cys Pro Pro Gly Lys

130 135 140
Pro Thr Thr Ser Glu Lys Ile His Glu Arg Ser Gly Pro Lys Arg Gly
145 150 155 160
Glu His Ala Trp Thr His Arg Leu Arg Glu Arg Lys Gln Leu Val Ile
165 170 175
Tyr Glu Glu Ile Ser Asp Pro Glu Glu Asp Asp Glu
180 185
<210> 639
<211> 188
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> SSX3__Homo_sapiens__Q99909

<400> 639
Met Asn Gly Asp Asp Thr Phe Ala Arg Arg Pro Thr Val Gly Ala Gln
1 5 10 15
Ile Pro Glu Lys Ile Gln Lys Ala Phe Asp Asp Ile Ala Lys Tyr Phe
20 25 30

Ser Lys Glu Glu Trp Glu Lys Met Lys Val Ser Glu Lys Ile Val Tyr
35 40 45
Val Tyr Met Lys Arg Lys Tyr Glu Ala Met Thr Lys Leu Gly Phe Lys
50 55 60

Ala Ile Leu Pro Ser Phe Met Arg Asn Lys Arg Val Thr Asp Phe Gln
65 70 75 80
Gly Asn Asp Phe Asp Asn Asp Pro Asn Arg Gly Asn Gln Val Gln Arg
85 90 95
Pro Gln Met Thr Phe Gly Arg Leu Gln Gly Ile Phe Pro Lys Ile Met
100 105 110
Pro Lys Lys Pro Ala Glu Glu Gly Asn Val Ser Lys Glu Val Pro Glu
115 120 125

Ala Ser Gly Pro Gln Asn Asp Gly Lys Gln Leu Cys Pro Pro Gly Lys
130 135 140
Pro Thr Thr Ser Glu Lys Ile Asn Met Ile Ser Gly Pro Lys Arg Gly
145 150 155 160
Glu His Ala Trp Thr His Arg Leu Arg Glu Arg Lys Gln Leu Val Ile
165 170 175
Tyr Glu Glu Ile Ser Asp Pro Glu Glu Asp Asp Glu
180 185
<210> 640
<211> 188
<
212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> SSX-4__Homo_sapiens__O60224
<400> 640
Met Asn Gly Asp Asp Ala Phe Ala Arg Arg Pro Arg Asp Asp Ala Gln
1 5 10 15
Ile Ser Glu Lys Leu Arg Lys Ala Phe Asp Asp Ile Ala Lys Tyr Phe
20 25 30
Ser Lys Lys Glu Trp Glu Lys Met Lys Ser Ser Glu Lys Ile Val Tyr
35 40 45

Val Tyr Met Lys Leu Asn Tyr Glu Val Met Thr Lys Leu Gly Phe Lys

50 55 60

Val Thr Leu Pro Pro Phe Met Arg Ser Lys Arg Ala Ala Asp Phe His
65 70 75 80

Gly Asn Asp Phe Gly Asn Asp Arg Asn His Arg Asn Gln Val Glu Arg
85 90 95

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

Pro Lys Lys Pro Ala Glu Glu Glu Asn Gly Leu Lys Glu Val Pro Glu

115 120 125

Ala Ser Gly Pro Gln Asn Asp Gly Lys Gln Leu Cys Pro Pro Gly Asn
130 135 140

Pro Ser Thr Leu Glu Lys Ile Asn Lys Thr Ser Gly Pro Lys Arg Gly
145 150 155 160

Lys His Ala Trp Thr His Arg Leu Arg Glu Arg Lys Gln Leu Val Val
165 170 175

Tyr Glu Glu Ile Ser Asp Pro Glu Glu Asp Asp Glu

180 185

<210> 641

<211> 295

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ST1A1__Homo_sapiens__P50225

<400> 641

Met Glu Leu Ile Gln Asp Thr Ser Arg Pro Pro Leu Glu Tyr Val Lys
1 5 10 15

Gly Val Pro Leu Ile Lys Tyr Phe Ala Glu Ala Leu Gly Pro Leu Gln
20 25 30

Ser Phe Gln Ala Arg Pro Asp Asp Leu Leu Ile Ser Thr Tyr Pro Lys
35 40 45

Ser Gly Thr Thr Trp Val Ser Gln Ile Leu Asp Met Ile Tyr Gln Gly

50 55 60

Gly Asp Leu Glu Lys Cys His Arg Ala Pro Ile Phe Met Arg Val Pro
65 70 75 80

Phe Leu Glu Phe Lys Ala Pro Gly Ile Pro Ser Gly Met Glu Thr Leu
85 90 95

Lys Asp Thr Pro Ala Pro Arg Leu Leu Lys Thr His Leu Pro Leu Ala
100 105 110

Leu Leu Pro Gln Thr Leu Leu Asp Gln Lys Val Lys Val Val Tyr Val
115 120 125

Ala Arg Asn Ala Lys Asp Val Ala Val Ser Tyr Tyr His Phe Tyr His
130 135 140

Met Ala Lys Val His Pro Glu Pro Gly Thr Trp Asp Ser Phe Leu Glu
145 150 155 160

Lys Phe Met Val Gly Glu Val Ser Tyr Gly Ser Trp Tyr Gln His Val
165 170 175

Gln Glu Trp Trp Glu Leu Ser Arg Thr His Pro Val Leu Tyr Leu Phe
180 185 190

Tyr Glu Asp Met Lys Glu Asn Pro Lys Arg Glu Ile Gln Lys Ile Leu
195 200 205

Glu Phe Val Gly Arg Ser Leu Pro Glu Glu Thr Val Asp Phe Val Val
210 215 220

Gln His Thr Ser Phe Lys Glu Met Lys Lys Asn Pro Met Thr Asn Tyr
225 230 235 240

Thr Thr Val Pro Gln Glu Phe Met Asp His Ser Ile Ser Pro Phe Met
245 250 255

Arg Lys Gly Met Ala Gly Asp Trp Lys Thr Thr Phe Thr Val Ala Gln
260 265 270

Asn Glu Arg Phe Asp Ala Asp Tyr Ala Glu Lys Met Ala Gly Cys Ser
275 280 285

Leu Ser Phe Arg Ser Glu Leu
290 295

<210> 642

<211> 1268

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> STAG2__Homo_sapiens__Q8N3U4-2

<400> 642

Met Ile Ala Ala Pro Glu Ile Pro Thr Asp Phe Asn Leu Leu Gln Glu
1 5 10 15

Ser Glu Thr His Phe Ser Ser Asp Thr Asp Phe Glu Asp Ile Glu Gly
20 25 30

Lys Asn Gln Lys Gln Gly Lys Gly Lys Thr Cys Lys Lys Gly Lys Lys
35 40 45

Gly Pro Ala Glu Lys Gly Lys Gly Gly Asn Gly Gly Gly Lys Pro Pro
50 55 60

Ser Gly Pro Asn Arg Met Asn Gly His His Gln Gln Asn Gly Val Glu
65 70 75 80

Asn Met Met Leu Phe Glu Val Val Lys Met Gly Lys Ser Ala Met Gln
85 90 95

Ser Val Val Asp Asp Trp Ile Glu Ser Tyr Lys His Asp Arg Asp Ile
100 105 110

Ala Leu Leu Asp Leu Ile Asn Phe Phe Ile Gln Cys Ser Gly Cys Lys
115 120 125

Gly Val Val Thr Ala Glu Met Phe Arg His Met Gln Asn Ser Glu Ile
130 135 140

Ile Arg Lys Met Thr Glu Glu Phe Asp Glu Asp Ser Gly Asp Tyr Pro
145 150 155 160

Leu Thr Met Ala Gly Pro Gln Trp Lys Lys Phe Lys Ser Ser Phe Cys
165 170 175

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

Asp Glu Tyr Met Met Asp Thr Val Ile Ser Leu Leu Thr Gly Leu Ser
195 200 205

Asp Ser Gln Val Arg Ala Phe Arg His Thr Ser Thr Leu Ala Ala Met
210 215 220
Lys Leu Met Thr Ala Leu Val Asn Val Ala Leu Asn Leu Ser Ile Asn
225 230 235 240
Met Asp Asn Thr Gln Arg Gln Tyr Glu Ala Glu Arg Asn Lys Met Ile

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

305 310 315 320
Asp Ala Phe Leu Asn Asp Ser Tyr Leu Lys Tyr Val Gly Trp Thr Met
325 330 335
His Asp Lys Gln Gly Glu Val Arg Leu Lys Cys Leu Thr Ala Leu Gln
340 345 350
Gly Leu Tyr Tyr Asn Lys Glu Leu Asn Ser Lys Leu Glu Leu Phe Thr
355 360 365
Ser Arg Phe Lys Asp Arg Ile Val Ser Met Thr Leu Asp Lys Glu Tyr

370 375 380
Asp Val Ala Val Gln Ala Ile Lys Leu Leu Thr Leu Val Leu Gln Ser
385 390 395 400
Ser Glu Glu Val Leu Thr Ala Glu Asp Cys Glu Asn Val Tyr His Leu
405 410 415
Val Tyr Ser Ala His Arg Pro Val Ala Val Ala Ala Gly Glu Phe Leu
420 425 430
Tyr Lys Lys Leu Phe Ser Arg Arg Asp Pro Glu Glu Asp Gly Met Met

435 440 445
Lys Arg Arg Gly Arg Gln Gly Pro Asn Ala Asn Leu Val Lys Thr Leu

450 455 460

Val Phe Phe Phe Leu Glu Ser Glu Leu His Glu His Ala Ala Tyr Leu

465 470 475 480

Val Asp Ser Met Trp Asp Cys Ala Thr Glu Leu Leu Lys Asp Trp Glu

485 490 495

Cys Met Asn Ser Leu Leu Leu Glu Glu Pro Leu Ser Gly Glu Glu Ala

500 505 510

Leu Thr Asp Arg Gln Glu Ser Ala Leu Ile Glu Ile Met Leu Cys Thr

515 520 525

Ile Arg Gln Ala Ala Glu Cys His Pro Pro Val Gly Arg Gly Thr Gly

530 535 540

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

545 550 555 560

Thr Lys Ile Thr Glu Leu Phe Ala Val Ala Leu Pro Gln Leu Leu Ala

565 570 575

Lys Tyr Ser Val Asp Ala Glu Lys Val Thr Asn Leu Leu Gln Leu Pro

580 585 590

Gln Tyr Phe Asp Leu Glu Ile Tyr Thr Thr Gly Arg Leu Glu Lys His

595 600 605

Leu Asp Ala Leu Leu Arg Gln Ile Arg Asn Ile Val Glu Lys His Thr

610 615 620

Asp Thr Asp Val Leu Glu Ala Cys Ser Lys Thr Tyr His Ala Leu Cys

625 630 635 640

Asn Glu Glu Phe Thr Ile Phe Asn Arg Val Asp Ile Ser Arg Ser Gln

645 650 655

Leu Ile Asp Glu Leu Ala Asp Lys Phe Asn Arg Leu Leu Glu Asp Phe

660 665 670

Leu Gln Glu Gly Glu Glu Pro Asp Glu Asp Asp Ala Tyr Gln Val Leu

675 680 685

Ser Thr Leu Lys Arg Ile Thr Ala Phe His Asn Ala His Asp Leu Ser

690 695 700

Lys Trp Asp Leu Phe Ala Cys Asn Tyr Lys Leu Leu Lys Thr Gly Ile
705 710 715 720
Glu Asn Gly Asp Met Pro Glu Gln Ile Val Ile His Ala Leu Gln Cys
725 730 735
Thr His Tyr Val Ile Leu Trp Gln Leu Ala Lys Ile Thr Glu Ser Ser
740 745 750
Ser Thr Lys Glu Asp Leu Leu Arg Leu Lys Lys Gln Met Arg Val Phe

755 760 765
Cys Gln Ile Cys Gln His Tyr Leu Thr Asn Val Asn Thr Thr Val Lys
770 775 780
Glu Gln Ala Phe Thr Ile Leu Cys Asp Ile Leu Met Ile Phe Ser His
785 790 795 800
Gln Ile Met Ser Gly Gly Arg Asp Met Leu Glu Pro Leu Val Tyr Thr
805 810 815
Pro Asp Ser Ser Leu Gln Ser Glu Leu Leu Ser Phe Ile Leu Asp His

820 825 830
Val Phe Ile Glu Gln Asp Asp Asp Asn Asn Ser Ala Asp Gly Gln Gln
835 840 845
Glu Asp Glu Ala Ser Lys Ile Glu Ala Leu His Lys Arg Arg Asn Leu
850 855 860
Leu Ala Ala Phe Cys Lys Leu Ile Val Tyr Thr Val Val Glu Met Asn
865 870 875 880
Thr Ala Ala Asp Ile Phe Lys Gln Tyr Met Lys Tyr Tyr Asn Asp Tyr

885 890 895
Gly Asp Ile Ile Lys Glu Thr Met Ser Lys Thr Arg Gln Ile Asp Lys
900 905 910
Ile Gln Cys Ala Lys Thr Leu Ile Leu Ser Leu Gln Gln Leu Phe Asn
915 920 925
Glu Met Ile Gln Glu Asn Gly Tyr Asn Phe Asp Arg Ser Ser Ser Thr
930 935 940
Phe Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ala Arg Arg Phe Ala Leu Thr Phe Gly

945 950 955 960

Leu Asp Gln Leu Lys Thr Arg Glu Ala Ile Ala Met Leu His Lys Asp

965 970 975

Gly Ile Glu Phe Ala Phe Lys Glu Pro Asn Pro Gln Gly Glu Ser His

980 985 990

Pro Pro Leu Asn Leu Ala Phe Leu Asp Ile Leu Ser Glu Phe Ser Ser

995 1000 1005

Lys Leu Leu Arg Gln Asp Lys Arg Thr Val Tyr Val Tyr Leu Glu

1010 1015 1020

Lys Phe Met Thr Phe Gln Met Ser Leu Arg Arg Glu Asp Val Trp

1025 1030 1035

Leu Pro Leu Met Ser Tyr Arg Asn Ser Leu Leu Ala Gly Gly Asp

1040 1045 1050

Asp Asp Thr Met Ser Val Ile Ser Gly Ile Ser Ser Arg Gly Ser

1055 1060 1065

Thr Val Arg Ser Lys Lys Ser Lys Pro Ser Thr Gly Lys Arg Lys

1070 1075 1080

Val Val Glu Gly Met Gln Leu Ser Leu Thr Glu Glu Ser Ser Ser

1085 1090 1095

Ser Asp Ser Met Trp Leu Ser Arg Glu Gln Thr Leu His Thr Pro

1100 1105 1110

Val Met Met Gln Thr Pro Gln Leu Thr Ser Thr Ile Met Arg Glu

1115 1120 1125

Pro Lys Arg Leu Arg Pro Glu Asp Ser Phe Met Ser Val Tyr Pro

1130 1135 1140

Met Gln Thr Glu His His Gln Thr Pro Leu Asp Tyr Asn Thr Gln

1145 1150 1155

Val Thr Trp Met Leu Ala Gln Arg Gln Gln Glu Glu Ala Arg Gln

1160 1165 1170

Gln Gln Glu Arg Ala Ala Met Ser Tyr Val Lys Leu Arg Thr Asn

1175 1180 1185

Leu Gln His Ala Ile Arg Arg Gly Thr Ser Leu Met Glu Asp Asp

1190 1195 1200

Glu Glu Pro Ile Val Glu Asp Val Met Met Ser Ser Glu Gly Arg

1205 1210 1215

Ile Glu Asp Leu Asn Glu Gly Met Asp Phe Asp Thr Met Asp Ile

1220 1225 1230

Asp Leu Pro Pro Ser Lys Asn Arg Arg Glu Arg Thr Glu Leu Lys

1235 1240 1245

Pro Asp Phe Phe Asp Pro Ala Ser Ile Met Asp Glu Ser Val Leu

1250 1255 1260

Gly Val Ser Met Phe

1265

<210> 643

<211> 490

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> STAMP-1__Homo_sapiens__Q8NFT2

<400> 643

Met Glu Ser Ile Ser Met Met Gly Ser Pro Lys Ser Leu Ser Glu Thr

1 5 10 15

Phe Leu Pro Asn Gly Ile Asn Gly Ile Lys Asp Ala Arg Lys Val Thr

20 25 30

Val Gly Val Ile Gly Ser Gly Asp Phe Ala Lys Ser Leu Thr Ile Arg

35 40 45

Leu Ile Arg Cys Gly Tyr His Val Val Ile Gly Ser Arg Asn Pro Lys

50 55 60

Phe Ala Ser Glu Phe Phe Pro His Val Val Asp Val Thr His His Glu

65 70 75 80

Asp Ala Leu Thr Lys Thr Asn Ile Ile Phe Val Ala Ile His Arg Glu

85 90 95

His Tyr Thr Ser Leu Trp Asp Leu Arg His Leu Leu Val Gly Lys Ile

100 105 110

Leu Ile Asp Val Ser Asn Asn Met Arg Ile Asn Gln Tyr Pro Glu Ser

115 120 125

Asn Ala Glu Tyr Leu Ala Ser Leu Phe Pro Asp Ser Leu Ile Val Lys

130 135 140

Gly Phe Asn Val Val Ser Ala Trp Ala Leu Gln Leu Gly Pro Lys Asp

145 150 155 160

Ala Ser Arg Gln Val Tyr Ile Cys Ser Asn Asn Ile Gln Ala Arg Gln

165 170 175

Gln Val Ile Glu Leu Ala Arg Gln Leu Asn Phe Ile Pro Ile Asp Leu

180 185 190

Gly Ser Leu Ser Ser Ala Arg Glu Ile Glu Asn Leu Pro Leu Arg Leu

195 200 205

Phe Thr Leu Trp Arg Gly Pro Val Val Val Ala Ile Ser Leu Ala Thr

210 215 220

Phe Phe Phe Leu Tyr Ser Phe Val Arg Asp Val Ile His Pro Tyr Ala

225 230 235 240

Arg Asn Gln Gln Ser Asp Phe Tyr Lys Ile Pro Ile Glu Ile Val Asn

245 250 255

Lys Thr Leu Pro Ile Val Ala Ile Thr Leu Leu Ser Leu Val Tyr Leu

260 265 270

Ala Gly Leu Leu Ala Ala Ala Tyr Gln Leu Tyr Tyr Gly Thr Lys Tyr

275 280 285

Arg Arg Phe Pro Pro Trp Leu Glu Thr Trp Leu Gln Cys Arg Lys Gln

290 295 300

Leu Gly Leu Leu Ser Phe Phe Phe Ala Met Val His Val Ala Tyr Ser

305 310 315 320

Leu Cys Leu Pro Met Arg Arg Ser Glu Arg Tyr Leu Phe Leu Asn Met

325 330 335

Ala Tyr Gln Gln Val His Ala Asn Ile Glu Asn Ser Trp Asn Glu Glu

340 345 350

Glu Val Trp Arg Ile Glu Met Tyr Ile Ser Phe Gly Ile Met Ser Leu

355 360 365

Gly Leu Leu Ser Leu Leu Ala Val Thr Ser Ile Pro Ser Val Ser Asn

370 375 380

Ala Leu Asn Trp Arg Glu Phe Ser Phe Ile Gln Ser Thr Leu Gly Tyr

385 390 395 400

Val Ala Leu Leu Ile Ser Thr Phe His Val Leu Ile Tyr Gly Trp Lys

405 410 415

Arg Ala Phe Glu Glu Glu Tyr Tyr Arg Phe Tyr Thr Pro Pro Asn Phe

420 425 430

Val Leu Ala Leu Val Leu Pro Ser Ile Val Ile Leu Gly Lys Ile Ile

435 440 445

Leu Phe Leu Pro Cys Ile Ser Arg Lys Leu Lys Arg Ile Lys Lys Gly

450 455 460

Trp Glu Lys Ser Gln Phe Leu Glu Glu Gly Met Gly Gly Thr Ile Pro

465 470 475 480

His Val Ser Pro Glu Arg Val Thr Val Met

485 490

<210> 644

<211> 258

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> STEAP-1__Homo_sapiens__A0A024RA63

<400> 644

Met Glu Ser Arg Lys Asp Ile Thr Asn Gln Glu Glu Ile Trp Lys Met

1 5 10 15

Lys Pro Arg Arg Asn Leu Glu Asp Asn Asp Tyr Leu His Lys Asp Thr

20 25 30

Gly Glu Thr Ser Met Leu Lys Arg Pro Val Leu Leu His Leu Gln Gln

35 40 45

Thr Ala His Ala Asp Glu Phe Asp Cys Pro Ser Glu Leu Gln His Ala

50 55 60

Gln Glu Leu Phe Pro Gln Trp His Leu Pro Ile Lys Ile Ala Ala Val
65 70 75 80

Met Ala Ser Leu Thr Phe Leu Tyr Thr Leu Leu Arg Glu Val Ile His
85 90 95

Pro Leu Ala Thr Ser His Gln Gln Tyr Phe Tyr Lys Ile Pro Ile Leu
100 105 110

Val Ile Asn Lys Val Leu Pro Met Val Ser Ile Thr Leu Leu Ala Leu
115 120 125

Val Tyr Leu Pro Gly Val Ile Ala Ala Ile Val Gln Val His Asn Gly
130 135 140

Thr Lys Tyr Lys Lys Phe Pro His Trp Leu Asp Lys Trp Met Leu Thr
145 150 155 160

Arg Lys Gln Phe Gly Leu Leu Ser Leu Phe Phe Ala Val Leu His Ala
165 170 175

Ile Tyr Thr Leu Ser Tyr Ala Met Arg Arg Ser Tyr Arg Tyr Lys Leu
180 185 190

Leu Asn Trp Ala Tyr Gln Gln Val Gln Gln Asn Lys Glu Asp Ala Trp
195 200 205

Ile Glu His Asp Val Trp Arg Met Glu Ile Tyr Val Ser Leu Gly Ile
210 215 220

Val Gly Leu Ala Ile Leu Ala Leu Leu Ala Val Thr Ser Ile Pro Ser
225 230 235 240

Val Ser Asp Ser Leu Thr Trp Arg Glu Phe His Tyr Ile Gln Val Asn
245 250 255

Asn Ile

<210> 645

<211> 339

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> STEAP-1__Homo_sapiens__Q9UHE8

<400> 645

Met Glu Ser Arg Lys Asp Ile Thr Asn Gln Glu Glu Leu Trp Lys Met
1 5 10 15
Lys Pro Arg Arg Asn Leu Glu Glu Asp Asp Tyr Leu His Lys Asp Thr
20 25 30

Gly Glu Thr Ser Met Leu Lys Arg Pro Val Leu Leu His Leu His Gln
35 40 45
Thr Ala His Ala Asp Glu Phe Asp Cys Pro Ser Glu Leu Gln His Thr
50 55 60
Gln Glu Leu Phe Pro Gln Trp His Leu Pro Ile Lys Ile Ala Ala Ile
65 70 75 80
Ile Ala Ser Leu Thr Phe Leu Tyr Thr Leu Leu Arg Glu Val Ile His
85 90 95

Pro Leu Ala Thr Ser His Gln Gln Tyr Phe Tyr Lys Ile Pro Ile Leu
100 105 110
Val Ile Asn Lys Val Leu Pro Met Val Ser Ile Thr Leu Leu Ala Leu
115 120 125
Val Tyr Leu Pro Gly Val Ile Ala Ala Ile Val Gln Leu His Asn Gly
130 135 140
Thr Lys Tyr Lys Lys Phe Pro His Trp Leu Asp Lys Trp Met Leu Thr
145 150 155 160

Arg Lys Gln Phe Gly Leu Leu Ser Phe Phe Phe Ala Val Leu His Ala
165 170 175
Ile Tyr Ser Leu Ser Tyr Pro Met Arg Arg Ser Tyr Arg Tyr Lys Leu
180 185 190
Leu Asn Trp Ala Tyr Gln Gln Val Gln Gln Asn Lys Glu Asp Ala Trp
195 200 205
Ile Glu His Asp Val Trp Arg Met Glu Ile Tyr Val Ser Leu Gly Ile
210 215 220

Val Gly Leu Ala Ile Leu Ala Leu Leu Ala Val Thr Ser Ile Pro Ser
225 230 235 240
Val Ser Asp Ser Leu Thr Trp Arg Glu Phe His Tyr Ile Gln Ser Lys

245 250 255

Leu Gly Ile Val Ser Leu Leu Leu Gly Thr Ile His Ala Leu Ile Phe

260 265 270

Ala Trp Asn Lys Trp Ile Asp Ile Lys Gln Phe Val Trp Tyr Thr Pro

275 280 285

Pro Thr Phe Met Ile Ala Val Phe Leu Pro Ile Val Val Leu Ile Phe

290 295 300

Lys Ser Ile Leu Phe Leu Pro Cys Leu Arg Lys Lys Ile Leu Lys Ile

305 310 315 320

Arg His Gly Trp Glu Asp Val Thr Lys Ile Asn Lys Thr Glu Ile Cys

325 330 335

Ser Gln Leu

<210> 646

<211> 165

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Survivin-2B__Homo_sapiens__O15392-2

<400> 646

Met Gly Ala Pro Thr Leu Pro Pro Ala Trp Gln Pro Phe Leu Lys Asp

1 5 10 15

His Arg Ile Ser Thr Phe Lys Asn Trp Pro Phe Leu Glu Gly Cys Ala

20 25 30

Cys Thr Pro Glu Arg Met Ala Glu Ala Gly Phe Ile His Cys Pro Thr

35 40 45

Glu Asn Glu Pro Asp Leu Ala Gln Cys Phe Phe Cys Phe Lys Glu Leu

50 55 60

Glu Gly Trp Glu Pro Asp Asp Asp Pro Ile Gly Pro Gly Thr Val Ala

65 70 75 80

Tyr Ala Cys Asn Thr Ser Thr Leu Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ile Thr

85 90 95

Arg Glu Glu His Lys Lys His Ser Ser Gly Cys Ala Phe Leu Ser Val

100 105 110

Lys Lys Gln Phe Glu Glu Leu Thr Leu Gly Glu Phe Leu Lys Leu Asp
115 120 125

Arg Glu Arg Ala Lys Asn Lys Ile Ala Lys Glu Thr Asn Asn Lys Lys
130 135 140
Lys Glu Phe Glu Glu Thr Ala Glu Lys Val Arg Arg Ala Ile Glu Gln
145 150 155 160
Leu Ala Ala Met Asp
165

<210> 647
<211> 142
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> survivin__Homo_sapiens__O15392
<400> 647
Met Gly Ala Pro Thr Leu Pro Pro Ala Trp Gln Pro Phe Leu Lys Asp
1 5 10 15

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

Ser Ser Gly Cys Ala Phe Leu Ser Val Lys Lys Gln Phe Glu Glu Leu
85 90 95
Thr Leu Gly Glu Phe Leu Lys Leu Asp Arg Glu Arg Ala Lys Asn Lys
100 105 110
Ile Ala Lys Glu Thr Asn Asn Lys Lys Lys Glu Phe Glu Glu Thr Ala
115 120 125
Lys Lys Val Arg Arg Ala Ile Glu Gln Leu Ala Ala Met Asp
130 135 140

<210> 648

<211> 976
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> SYCP1__Homo_sapiens__A0A024R0I2
<400> 648

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

Pro Phe Ala Lys Thr Asn Leu Ser Lys Asn Gly Glu Asn Ile Asp Ser
50 55 60
Asp Pro Ala Leu Gln Lys Val Asn Phe Leu Pro Val Leu Glu Gln Val
65 70 75 80
Gly Asn Ser Asp Cys His Tyr Gln Glu Gly Leu Lys Asp Ser Asp Leu
85 90 95
Glu Asn Ser Glu Gly Leu Ser Arg Val Tyr Ser Lys Leu Tyr Lys Glu
100 105 110

Ala Glu Lys Ile Lys Lys Trp Lys Val Ser Thr Glu Ala Glu Leu Arg
115 120 125
Gln Lys Glu Ser Lys Leu Gln Glu Asn Arg Lys Ile Ile Glu Ala Gln
130 135 140
Arg Lys Ala Ile Gln Glu Leu Gln Phe Gly Asn Glu Lys Val Ser Leu
145 150 155 160
Lys Leu Glu Glu Gly Ile Gln Glu Asn Lys Asp Leu Ile Lys Glu Asn
165 170 175

Asn Ala Thr Arg His Leu Cys Asn Leu Leu Lys Glu Thr Cys Ala Arg
180 185 190
Ser Ala Glu Lys Thr Lys Lys Tyr Glu Tyr Glu Arg Glu Glu Thr Arg

195 200 205

Gln Val Tyr Met Asp Leu Asn Asn Asn Ile Glu Lys Met Ile Thr Ala

210 215 220

Phe Glu Glu Leu Arg Val Gln Ala Glu Asn Ser Arg Leu Glu Met His

225 230 235 240

Phe Lys Leu Lys Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Gln His Leu Glu Gln Glu

245 250 255

Tyr Lys Lys Glu Ile Asn Asp Lys Glu Lys Gln Val Ser Leu Leu Leu

260 265 270

Ile Gln Ile Thr Glu Lys Glu Asn Lys Met Lys Asp Leu Thr Phe Leu

275 280 285

Leu Glu Glu Ser Arg Asp Lys Val Asn Gln Leu Glu Glu Lys Thr Lys

290 295 300

Leu Gln Ser Glu Asn Leu Lys Gln Ser Ile Glu Lys Gln His His Leu

305 310 315 320

Thr Lys Glu Leu Glu Asp Ile Lys Val Ser Leu Gln Arg Ser Val Ser

325 330 335

Thr Gln Lys Ala Leu Glu Glu Asp Leu Gln Ile Ala Thr Lys Thr Ile

340 345 350

Cys Gln Leu Thr Glu Glu Lys Glu Thr Gln Met Glu Glu Ser Asn Lys

355 360 365

Ala Arg Ala Ala His Ser Phe Val Val Thr Glu Phe Glu Thr Thr Val

370 375 380

Cys Ser Leu Glu Glu Leu Leu Arg Thr Glu Gln Gln Arg Leu Glu Lys

385 390 395 400

Asn Glu Asp Gln Leu Lys Ile Leu Thr Met Glu Leu Gln Lys Lys Ser

405 410 415

Ser Glu Leu Glu Glu Met Thr Lys Leu Thr Asn Asn Lys Glu Val Glu

420 425 430

Leu Glu Glu Leu Lys Lys Val Leu Gly Glu Lys Glu Thr Leu Leu Tyr

435 440 445

Glu Asn Lys Gln Phe Glu Lys Ile Ala Glu Glu Leu Lys Gly Thr Glu
450 455 460
Gln Glu Leu Ile Gly Leu Leu Gln Ala Arg Glu Lys Glu Val His Asp
465 470 475 480
Leu Glu Ile Gln Leu Thr Ala Ile Thr Thr Ser Glu Gln Tyr Tyr Ser
485 490 495

Lys Glu Val Lys Asp Leu Lys Thr Glu Leu Glu Asn Glu Lys Leu Lys
500 505 510
Asn Thr Glu Leu Thr Ser His Cys Asn Lys Leu Ser Leu Glu Asn Lys
515 520 525
Glu Leu Thr Gln Glu Thr Ser Asp Met Thr Leu Glu Leu Lys Asn Gln
530 535 540
Gln Glu Asp Ile Asn Asn Asn Lys Lys Gln Glu Glu Arg Met Leu Lys
545 550 555 560

Gln Ile Glu Asn Leu Gln Glu Thr Glu Thr Gln Leu Arg Asn Glu Leu
565 570 575
Glu Tyr Val Arg Glu Glu Leu Lys Gln Lys Arg Asp Glu Val Lys Cys
580 585 590
Lys Leu Asp Lys Ser Glu Glu Asn Cys Asn Asn Leu Arg Lys Gln Val
595 600 605
Glu Asn Lys Asn Lys Tyr Ile Glu Glu Leu Gln Gln Glu Asn Lys Ala
610 615 620

Leu Lys Lys Lys Gly Thr Ala Glu Ser Lys Gln Leu Asn Val Tyr Glu
625 630 635 640
Ile Lys Val Asn Lys Leu Glu Leu Glu Leu Glu Ser Ala Lys Gln Lys
645 650 655
Phe Gly Glu Ile Thr Asp Thr Tyr Gln Lys Glu Ile Glu Asp Lys Lys
660 665 670
Ile Ser Glu Glu Asn Leu Leu Glu Glu Val Glu Lys Ala Lys Val Ile
675 680 685

Ala Asp Glu Ala Val Lys Leu Gln Lys Glu Ile Asp Lys Arg Cys Gln

690 695 700

His Lys Ile Ala Glu Met Val Ala Leu Met Glu Lys His Lys His Gln
705 710 715 720

Tyr Asp Lys Ile Ile Glu Glu Arg Asp Ser Glu Leu Gly Leu Tyr Lys
725 730 735

Ser Lys Glu Gln Glu Gln Ser Ser Leu Arg Ala Ser Leu Glu Ile Glu
740 745 750

Leu Ser Asn Leu Lys Ala Glu Leu Leu Ser Val Lys Lys Gln Leu Glu
755 760 765

Ile Glu Arg Glu Glu Lys Glu Lys Leu Lys Arg Glu Ala Lys Glu Asn
770 775 780

Thr Ala Thr Leu Lys Glu Lys Lys Asp Lys Lys Thr Gln Thr Phe Leu
785 790 795 800

Leu Glu Thr Pro Glu Ile Tyr Trp Lys Leu Asp Ser Lys Ala Val Pro
805 810 815

Ser Gln Thr Val Ser Arg Asn Phe Thr Ser Val Asp His Gly Ile Ser
820 825 830

Lys Asp Lys Arg Asp Tyr Leu Trp Thr Ser Ala Lys Asn Thr Leu Ser
835 840 845

Thr Pro Leu Pro Lys Ala Tyr Thr Val Lys Thr Pro Thr Lys Pro Lys
850 855 860

Leu Gln Gln Arg Glu Asn Leu Asn Ile Pro Ile Glu Glu Ser Lys Lys
865 870 875 880

Lys Arg Lys Met Ala Phe Glu Phe Asp Ile Asn Ser Asp Ser Ser Glu
885 890 895

Thr Thr Asp Leu Leu Ser Met Val Ser Glu Glu Glu Thr Leu Lys Thr
900 905 910

Leu Tyr Arg Asn Asn Asn Pro Pro Ala Ser His Leu Cys Val Lys Thr
915 920 925

Pro Lys Lys Ala Pro Ser Ser Leu Thr Thr Pro Gly Ser Thr Leu Lys
930 935 940

Phe Gly Ala Ile Arg Lys Met Arg Glu Asp Arg Trp Ala Val Ile Ala
945 950 955 960

Lys Met Asp Arg Lys Lys Lys Leu Lys Glu Ala Glu Lys Leu Phe Val
965 970 975

<210> 649

<211> 976

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SYCP1__Homo_sapiens__B7ZLS9

<400> 649

Met Glu Lys Gln Lys Pro Phe Ala Leu Phe Val Pro Pro Arg Ser Ser
1 5 10 15

Ser Ser Gln Val Ser Ala Val Lys Pro Gln Thr Leu Gly Gly Asp Ser
20 25 30

Thr Phe Phe Lys Ser Phe Asn Lys Cys Thr Glu Asp Asp Phe Glu Phe
35 40 45

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

Asp Pro Ala Leu Gln Lys Val Asn Phe Leu Pro Val Phe Glu Gln Val
65 70 75 80

Gly Asn Ser Asp Cys His Tyr Gln Glu Gly Leu Lys Asp Ser Asp Leu
85 90 95

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

Ala Glu Lys Ile Lys Lys Trp Lys Val Ser Thr Glu Ala Glu Leu Arg
115 120 125

Gln Lys Glu Ser Lys Leu Gln Glu Asn Arg Lys Ile Ile Glu Ala Gln
130 135 140

Arg Lys Ala Ile Gln Glu Leu Gln Phe Gly Asn Glu Lys Val Ser Leu
145 150 155 160

Lys Leu Glu Glu Gly Ile Gln Glu Asn Lys Asp Leu Ile Lys Glu Asn
165 170 175

Asn Ala Thr Arg His Leu Cys Asn Leu Leu Lys Glu Thr Cys Ala Arg
180 185 190
Ser Ala Glu Lys Thr Lys Lys Tyr Glu Tyr Glu Arg Glu Glu Thr Arg
195 200 205

Gln Val Tyr Met Asp Leu Asn Ser Asn Ile Glu Lys Met Ile Thr Ala
210 215 220
Phe Glu Glu Leu Arg Val Gln Ala Glu Asn Ser Arg Leu Glu Met His
225 230 235 240
Phe Lys Leu Lys Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Gln His Leu Glu Gln Glu
245 250 255
Tyr Lys Lys Glu Ile Asn Asp Lys Glu Lys Gln Val Ser Leu Leu Leu
260 265 270

Ile Gln Ile Thr Glu Lys Glu Asn Lys Met Lys Asp Leu Thr Phe Leu
275 280 285
Leu Glu Glu Ser Arg Asp Lys Val Asn Gln Leu Glu Glu Lys Thr Lys
290 295 300
Leu Gln Ser Glu Asn Leu Lys Gln Ser Ile Glu Lys Gln His His Leu
305 310 315 320
Thr Lys Glu Leu Glu Asp Ile Lys Val Ser Leu Gln Arg Ser Val Ser
325 330 335

Thr Gln Lys Ala Leu Glu Glu Asp Leu Gln Ile Ala Thr Lys Thr Ile
340 345 350
Cys Gln Leu Thr Glu Glu Lys Glu Thr Gln Met Glu Glu Ser Asn Lys
355 360 365
Ala Arg Ala Ala His Ser Phe Val Val Thr Glu Phe Glu Thr Thr Val
370 375 380
Cys Ser Leu Glu Glu Leu Leu Arg Thr Glu Gln Gln Arg Leu Glu Lys
385 390 395 400

Asn Glu Asp Gln Leu Lys Ile Leu Thr Met Glu Leu Gln Lys Lys Ser
405 410 415
Ser Glu Leu Glu Glu Met Thr Lys Leu Thr Asn Asn Lys Glu Val Glu

420 425 430

Leu Glu Glu Leu Lys Lys Val Leu Gly Glu Lys Glu Thr Leu Leu Tyr

435 440 445

Glu Asn Lys Gln Phe Glu Lys Ile Ala Glu Glu Leu Lys Gly Thr Glu

450 455 460

Gln Glu Leu Ile Gly Leu Leu Gln Ala Arg Glu Lys Glu Val His Asp

465 470 475 480

Leu Glu Ile Gln Leu Thr Ala Ile Thr Thr Ser Glu Gln Tyr Tyr Ser

485 490 495

Lys Glu Val Lys Asp Leu Lys Thr Glu Leu Glu Asn Glu Lys Leu Lys

500 505 510

Asn Thr Glu Leu Thr Ser His Cys Asn Lys Leu Ser Leu Glu Asn Lys

515 520 525

Glu Leu Thr Gln Glu Thr Ser Asp Met Thr Leu Glu Leu Lys Asn Gln

530 535 540

Gln Glu Asp Ile Asn Asn Asn Lys Lys Gln Glu Glu Arg Met Leu Lys

545 550 555 560

Gln Ile Glu Asn Leu Gln Glu Thr Glu Thr Gln Leu Arg Asn Glu Leu

565 570 575

Glu Tyr Val Arg Glu Glu Leu Lys Gln Lys Arg Asp Glu Val Lys Cys

580 585 590

Lys Leu Asp Lys Ser Glu Glu Asn Cys Asn Asn Leu Arg Lys Gln Val

595 600 605

Glu Asn Lys Asn Lys Tyr Ile Glu Glu Leu Gln Gln Glu Asn Lys Ala

610 615 620

Leu Lys Lys Lys Gly Thr Ala Glu Ser Lys Gln Leu Asn Val Tyr Glu

625 630 635 640

Ile Lys Val Asn Lys Leu Glu Leu Glu Leu Glu Ser Ala Lys Gln Lys

645 650 655

Phe Gly Glu Ile Thr Asp Thr Tyr Gln Lys Glu Ile Glu Asp Lys Lys

660 665 670

Ile Ser Glu Glu Asn Leu Leu Glu Glu Val Glu Lys Ala Lys Val Ile
675 680 685

Ala Asp Glu Ala Val Lys Leu Gln Lys Glu Ile Asp Lys Arg Cys Gln
690 695 700

His Lys Ile Ala Glu Met Val Ala Leu Met Glu Lys His Lys His Gln
705 710 715 720

Tyr Asp Lys Ile Ile Glu Glu Arg Asp Ser Glu Leu Gly Leu Tyr Lys
725 730 735

Ser Lys Glu Gln Glu Gln Ser Ser Leu Arg Ala Ser Leu Glu Ile Glu
740 745 750

Leu Ser Asn Leu Lys Ala Glu Leu Leu Ser Val Lys Lys Gln Leu Glu
755 760 765

Ile Glu Arg Glu Glu Lys Glu Lys Leu Lys Arg Glu Ala Lys Glu Asn
770 775 780

Thr Ala Thr Leu Lys Glu Lys Lys Asp Lys Lys Thr Gln Thr Phe Leu
785 790 795 800

Leu Glu Thr Pro Glu Ile Tyr Trp Lys Leu Asp Ser Lys Ala Val Pro
805 810 815

Ser Gln Thr Val Ser Arg Asn Phe Thr Ser Val Asp His Gly Ile Ser
820 825 830

Lys Asp Lys Arg Asp Tyr Leu Trp Thr Ser Ala Lys Asn Thr Leu Ser
835 840 845

Thr Pro Leu Pro Lys Ala Tyr Thr Val Lys Thr Pro Thr Lys Pro Lys
850 855 860

Leu Gln Gln Arg Glu Asn Leu Asn Ile Pro Ile Glu Glu Ser Lys Lys
865 870 875 880

Lys Arg Lys Met Ala Phe Glu Phe Asp Ile Asn Ser Asp Ser Ser Glu
885 890 895

Thr Thr Asp Leu Leu Ser Met Val Ser Glu Glu Glu Thr Leu Lys Thr
900 905 910

Leu Tyr Arg Asn Asn Asn Pro Pro Ala Ser His Leu Cys Val Lys Thr

915 920 925

Pro Lys Lys Ala Pro Ser Ser Leu Thr Thr Pro Gly Ser Thr Leu Lys

930 935 940

Phe Gly Ala Ile Arg Lys Met Arg Glu Asp Arg Trp Ala Val Ile Ala

945 950 955 960

Lys Met Asp Arg Lys Lys Lys Leu Lys Glu Ala Glu Lys Leu Phe Val

965 970 975

<210> 650

<211> 976

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SYCP1__Homo_sapiens__Q15431

<400> 650

Met Glu Lys Gln Lys Pro Phe Ala Leu Phe Val Pro Pro Arg Ser Ser

1 5 10 15

Ser Ser Gln Val Ser Ala Val Lys Pro Gln Thr Leu Gly Gly Asp Ser

20 25 30

Thr Phe Phe Lys Ser Phe Asn Lys Cys Thr Glu Asp Asp Phe Glu Phe

35 40 45

Pro Phe Ala Lys Thr Asn Leu Ser Lys Asn Gly Glu Asn Ile Asp Ser

50 55 60

Asp Pro Ala Leu Gln Lys Val Asn Phe Leu Pro Val Leu Glu Gln Val

65 70 75 80

Gly Asn Ser Asp Cys His Tyr Gln Glu Gly Leu Lys Asp Ser Asp Leu

85 90 95

Glu Asn Ser Glu Gly Leu Ser Arg Val Tyr Ser Lys Leu Tyr Lys Glu

100 105 110

Ala Glu Lys Ile Lys Lys Trp Lys Val Ser Thr Glu Ala Glu Leu Arg

115 120 125

Gln Lys Glu Ser Lys Leu Gln Glu Asn Arg Lys Ile Ile Glu Ala Gln

130 135 140

Arg Lys Ala Ile Gln Glu Leu Gln Phe Gly Asn Glu Lys Val Ser Leu

145 150 155 160

Lys Leu Glu Glu Gly Ile Gln Glu Asn Lys Asp Leu Ile Lys Glu Asn

165 170 175

Asn Ala Thr Arg His Leu Cys Asn Leu Leu Lys Glu Thr Cys Ala Arg

180 185 190

Ser Ala Glu Lys Thr Lys Lys Tyr Glu Tyr Glu Arg Glu Glu Thr Arg

195 200 205

Gln Val Tyr Met Asp Leu Asn Asn Asn Ile Glu Lys Met Ile Thr Ala

210 215 220

Phe Glu Glu Leu Arg Val Gln Ala Glu Asn Ser Arg Leu Glu Met His

225 230 235 240

Phe Lys Leu Lys Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Gln His Leu Glu Gln Glu

245 250 255

Tyr Lys Lys Glu Ile Asn Asp Lys Glu Lys Gln Val Ser Leu Leu Leu

260 265 270

Ile Gln Ile Thr Glu Lys Glu Asn Lys Met Lys Asp Leu Thr Phe Leu

275 280 285

Leu Glu Glu Ser Arg Asp Lys Val Asn Gln Leu Glu Glu Lys Thr Lys

290 295 300

Leu Gln Ser Glu Asn Leu Lys Gln Ser Ile Glu Lys Gln His His Leu

305 310 315 320

Thr Lys Glu Leu Glu Asp Ile Lys Val Ser Leu Gln Arg Ser Val Ser

325 330 335

Thr Gln Lys Ala Leu Glu Glu Asp Leu Gln Ile Ala Thr Lys Thr Ile

340 345 350

Cys Gln Leu Thr Glu Glu Lys Glu Thr Gln Met Glu Glu Ser Asn Lys

355 360 365

Ala Arg Ala Ala His Ser Phe Val Val Thr Glu Phe Glu Thr Thr Val

370 375 380

Cys Ser Leu Glu Glu Leu Leu Arg Thr Glu Gln Gln Arg Leu Glu Lys

385 390 395 400

Asn Glu Asp Gln Leu Lys Ile Leu Thr Met Glu Leu Gln Lys Lys Ser
405 410 415
Ser Glu Leu Glu Glu Met Thr Lys Leu Thr Asn Asn Lys Glu Val Glu
420 425 430

Leu Glu Glu Leu Lys Lys Val Leu Gly Glu Lys Glu Thr Leu Leu Tyr
435 440 445
Glu Asn Lys Gln Phe Glu Lys Ile Ala Glu Glu Leu Lys Gly Thr Glu
450 455 460
Gln Glu Leu Ile Gly Leu Leu Gln Ala Arg Glu Lys Glu Val His Asp
465 470 475 480
Leu Glu Ile Gln Leu Thr Ala Ile Thr Thr Ser Glu Gln Tyr Tyr Ser
485 490 495

Lys Glu Val Lys Asp Leu Lys Thr Glu Leu Glu Asn Glu Lys Leu Lys
500 505 510
Asn Thr Glu Leu Thr Ser His Cys Asn Lys Leu Ser Leu Glu Asn Lys
515 520 525
Glu Leu Thr Gln Glu Thr Ser Asp Met Thr Leu Glu Leu Lys Asn Gln
530 535 540
Gln Glu Asp Ile Asn Asn Asn Lys Lys Gln Glu Glu Arg Met Leu Lys
545 550 555 560

Gln Ile Glu Asn Leu Gln Glu Thr Glu Thr Gln Leu Arg Asn Glu Leu
565 570 575
Glu Tyr Val Arg Glu Glu Leu Lys Gln Lys Arg Asp Glu Val Lys Cys
580 585 590
Lys Leu Asp Lys Ser Glu Glu Asn Cys Asn Asn Leu Arg Lys Gln Val
595 600 605
Glu Asn Lys Asn Lys Tyr Ile Glu Glu Leu Gln Gln Glu Asn Lys Ala
610 615 620

Leu Lys Lys Lys Gly Thr Ala Glu Ser Lys Gln Leu Asn Val Tyr Glu
625 630 635 640
Ile Lys Val Asn Lys Leu Glu Leu Glu Leu Glu Ser Ala Lys Gln Lys

645 650 655

Phe Gly Glu Ile Thr Asp Thr Tyr Gln Lys Glu Ile Glu Asp Lys Lys

660 665 670

Ile Ser Glu Glu Asn Leu Leu Glu Glu Val Glu Lys Ala Lys Val Ile

675 680 685

Ala Asp Glu Ala Val Lys Leu Gln Lys Glu Ile Asp Lys Arg Cys Gln

690 695 700

His Lys Ile Ala Glu Met Val Ala Leu Met Glu Lys His Lys His Gln

705 710 715 720

Tyr Asp Lys Ile Ile Glu Glu Arg Asp Ser Glu Leu Gly Leu Tyr Lys

725 730 735

Ser Lys Glu Gln Glu Gln Ser Ser Leu Arg Ala Ser Leu Glu Ile Glu

740 745 750

Leu Ser Asn Leu Lys Ala Glu Leu Leu Ser Val Lys Lys Gln Leu Glu

755 760 765

Ile Glu Arg Glu Glu Lys Glu Lys Leu Lys Arg Glu Ala Lys Glu Asn

770 775 780

Thr Ala Thr Leu Lys Glu Lys Lys Asp Lys Lys Thr Gln Thr Phe Leu

785 790 795 800

Leu Glu Thr Pro Glu Ile Tyr Trp Lys Leu Asp Ser Lys Ala Val Pro

805 810 815

Ser Gln Thr Val Ser Arg Asn Phe Thr Ser Val Asp His Gly Ile Ser

820 825 830

Lys Asp Lys Arg Asp Tyr Leu Trp Thr Ser Ala Lys Asn Thr Leu Ser

835 840 845

Thr Pro Leu Pro Lys Ala Tyr Thr Val Lys Thr Pro Thr Lys Pro Lys

850 855 860

Leu Gln Gln Arg Glu Asn Leu Asn Ile Pro Ile Glu Glu Ser Lys Lys

865 870 875 880

Lys Arg Lys Met Ala Phe Glu Phe Asp Ile Asn Ser Asp Ser Ser Glu

885 890 895

Thr Thr Asp Leu Leu Ser Met Val Ser Glu Glu Glu Thr Leu Lys Thr
900 905 910

Leu Tyr Arg Asn Asn Asn Pro Pro Ala Ser His Leu Cys Val Lys Thr
915 920 925

Pro Lys Lys Ala Pro Ser Ser Leu Thr Thr Pro Gly Ser Thr Leu Lys
930 935 940

Phe Gly Ala Ile Arg Lys Met Arg Glu Asp Arg Trp Ala Val Ile Ala
945 950 955 960

Lys Met Asp Arg Lys Lys Lys Leu Lys Glu Ala Glu Lys Leu Phe Val
965 970 975

<210> 651

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SYCP1__Homo_sapiens__Q3MHC4

<400> 651

Met Glu Lys Gln Lys Pro Phe Ala Leu Phe Val Pro Pro Arg Ser Ser
1 5 10 15

Ser Ser Gln Val Ser Ala Val Lys Pro Gln Thr Leu Gly Gly Asp Ser
20 25 30

Thr Phe Phe Lys Ser Phe Asn Lys Cys Thr Glu Asp Asp Phe Glu Phe
35 40 45

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

Asp Pro Ala Leu Gln Asn Val Asn Phe Leu Pro Val Leu Glu Gln Val
65 70 75 80

Gly Asn Ser Asp Cys His Tyr Gln Glu Gly Leu Lys Asp Ser Asp Leu
85 90 95

Glu Asn Ser Glu Gly Leu Ser Arg Val Tyr Ser Lys Leu
100 105

<210> 652

<211> 488

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SYT-SSX-1__Homo_sapiens__A4PIV7

<400> 652

Met Ser Val Ala Phe Ala Ala Pro Arg Gln Arg Gly Lys Gly Glu Ile
1 5 10 15

Thr Pro Ala Ala Ile Gln Lys Met Leu Asp Asp Asn Asn His Leu Ile
20 25 30

Gln Cys Ile Met Asp Ser Gln Asn Lys Gly Lys Thr Ser Glu Cys Ser
35 40 45

Gln Tyr Gln Gln Met Leu His Thr Asn Leu Val Tyr Leu Ala Thr Ile
50 55 60

Ala Asp Ser Asn Gln Asn Met Gln Ser Leu Leu Pro Ala Pro Pro Thr
65 70 75 80

Gln Asn Met Pro Met Gly Pro Gly Gly Met Asn Gln Ser Gly Pro Pro
85 90 95

Pro Pro Pro Arg Ser His Asn Met Pro Ser Asp Gly Met Val Gly Gly
100 105 110

Gly Pro Pro Ala Pro His Met Gln Asn Gln Met Asn Gly Gln Met Pro
115 120 125

Gly Pro Asn His Met Pro Met Gln Gly Pro Gly Pro Asn Gln Leu Asn
130 135 140

Met Thr Asn Ser Ser Met Asn Met Pro Ser Ser Ser His Gly Ser Met
145 150 155 160

Gly Gly Tyr Asn His Ser Val Pro Ser Ser Gln Ser Met Pro Val Gln
165 170 175

Asn Gln Met Thr Met Ser Gln Gly Gln Pro Met Gly Asn Tyr Gly Pro
180 185 190

Arg Pro Asn Met Ser Met Gln Pro Asn Gln Gly Pro Met Met His Gln
195 200 205

Gln Pro Pro Ser Gln Gln Tyr Asn Met Pro Gln Gly Gly Gly Gln His

210 215 220

Tyr Gln Gly Gln Gln Pro Pro Met Gly Met Met Gly Gln Val Asn Gln

225 230 235 240

Gly Asn His Met Met Gly Gln Arg Gln Ile Pro Pro Tyr Arg Pro Pro

245 250 255

Gln Gln Gly Pro Pro Gln Gln Tyr Ser Gly Gln Glu Asp Tyr Tyr Gly

260 265 270

Asp Gln Tyr Ser His Gly Gly Gln Gly Pro Pro Glu Gly Met Asn Gln

275 280 285

Gln Tyr Tyr Pro Asp Gly His Asn Asp Tyr Gly Tyr Gln Gln Pro Ser

290 295 300

Tyr Pro Glu Gln Gly Tyr Asp Arg Pro Tyr Glu Asp Ser Ser Gln His

305 310 315 320

Tyr Tyr Glu Gly Gly Asn Ser Gln Tyr Gly Gln Gln Gln Asp Ala Tyr

325 330 335

Gln Gly Pro Pro Pro Gln Gln Gly Tyr Pro Pro Gln Gln Gln Gln Tyr

340 345 350

Pro Gly Gln Gln Gly Tyr Pro Gly Gln Gln Gln Gly Tyr Gly Pro Ser

355 360 365

Gln Gly Gly Pro Gly Pro Gln Tyr Pro Asn Tyr Pro Gln Gly Gln Gly

370 375 380

Gln Gln Tyr Gly Gly Tyr Arg Pro Thr Gln Pro Gly Pro Pro Gln Pro

385 390 395 400

Pro Gln Gln Arg Pro Tyr Gly Tyr Asp Gln Ile Met Pro Lys Lys Pro

405 410 415

Ala Glu Asp Glu Asn Asp Ser Lys Gly Val Ser Glu Ala Ser Gly Pro

420 425 430

Gln Asn Asp Gly Lys Gln Leu His Pro Pro Gly Lys Ala Asn Ile Ser

435 440 445

Glu Lys Ile Asn Lys Arg Ser Gly Pro Lys Arg Gly Lys His Ala Trp

450 455 460

Thr His Arg Leu Arg Glu Arg Lys Gln Leu Val Ile Tyr Glu Glu Ile

465 470 475 480

Ser Asp Pro Glu Glu Asp Asp Glu

485

<210> 653

<211> 457

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SYT-SSX-1__Homo_sapiens__A4PIV8

<400> 653

Met Ser Val Ala Phe Ala Ala Pro Arg Gln Arg Gly Lys Gly Glu Ile

1 5 10 15

Thr Pro Ala Ala Ile Gln Lys Met Leu Asp Asp Asn Asn His Leu Ile

20 25 30

Gln Cys Ile Met Asp Ser Gln Asn Lys Gly Lys Thr Ser Glu Cys Ser

35 40 45

Gln Tyr Gln Gln Met Leu His Thr Asn Leu Val Tyr Leu Ala Thr Ile

50 55 60

Ala Asp Ser Asn Gln Asn Met Gln Ser Leu Leu Pro Ala Pro Pro Thr

65 70 75 80

Gln Asn Met Pro Met Gly Pro Gly Gly Met Asn Gln Ser Gly Pro Pro

85 90 95

Pro Pro Pro Arg Ser His Asn Met Pro Ser Asp Gly Met Val Gly Gly

100 105 110

Gly Pro Pro Ala Pro His Met Gln Asn Gln Met Asn Gly Gln Met Pro

115 120 125

Gly Pro Asn His Met Pro Met Gln Gly Pro Gly Pro Asn Gln Leu Asn

130 135 140

Met Thr Asn Ser Ser Met Asn Met Pro Ser Ser Ser His Gly Ser Met

145 150 155 160

Gly Gly Tyr Asn His Ser Val Pro Ser Ser Gln Ser Met Pro Val Gln

165 170 175

Asn Gln Met Thr Met Ser Gln Gly Gln Pro Met Gly Asn Tyr Gly Pro

180 185 190

Arg Pro Asn Met Ser Met Gln Pro Asn Gln Gly Pro Met Met His Gln

195 200 205

Gln Pro Pro Ser Gln Gln Tyr Asn Met Pro Gln Gly Gly Gly Gln His

210 215 220

Tyr Gln Gly Gln Gln Pro Pro Met Gly Met Met Gly Gln Val Asn Gln

225 230 235 240

Gly Asn His Met Met Gly Gln Arg Gln Ile Pro Pro Tyr Arg Pro Pro

245 250 255

Gln Gln Gly Pro Pro Gln Gln Tyr Ser Gly Gln Glu Asp Tyr Tyr Gly

260 265 270

Asp Gln Tyr Ser His Gly Gly Gln Gly Pro Pro Glu Gly Met Asn Gln

275 280 285

Gln Tyr Tyr Pro Asp Gly Asn Ser Gln Tyr Gly Gln Gln Gln Asp Ala

290 295 300

Tyr Gln Gly Pro Pro Pro Gln Gln Gly Tyr Pro Pro Gln Gln Gln Gln

305 310 315 320

Tyr Pro Gly Gln Gln Gly Tyr Pro Gly Gln Gln Gln Gly Tyr Gly Pro

325 330 335

Ser Gln Gly Gly Pro Gly Pro Gln Tyr Pro Asn Tyr Pro Gln Gly Gln

340 345 350

Gly Gln Gln Tyr Gly Gly Tyr Arg Pro Thr Gln Pro Gly Pro Pro Gln

355 360 365

Pro Pro Gln Gln Arg Pro Tyr Gly Tyr Asp Gln Ile Met Pro Lys Lys

370 375 380

Pro Ala Glu Asp Glu Asn Asp Ser Lys Gly Val Ser Glu Ala Ser Gly

385 390 395 400

Pro Gln Asn Asp Gly Lys Gln Leu His Pro Pro Gly Lys Ala Asn Ile

405 410 415

Ser Glu Lys Ile Asn Lys Arg Ser Gly Pro Lys Arg Gly Lys His Ala
420 425 430

Trp Thr His Arg Leu Arg Glu Arg Lys Gln Leu Val Ile Tyr Glu Glu
435 440 445

Ile Ser Asp Pro Glu Glu Asp Asp Glu
450 455

<210> 654

<211> 488

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SYT-SSX-2__Homo_sapiens__A4PIV9

<400> 654

Met Ser Val Ala Phe Ala Ala Pro Arg Gln Arg Gly Lys Gly Glu Ile

1 5 10 15

Thr Pro Ala Ala Ile Gln Lys Met Leu Asp Asp Asn Asn His Leu Ile
20 25 30

Gln Cys Ile Met Asp Ser Gln Asn Lys Gly Lys Thr Ser Glu Cys Ser
35 40 45

Gln Tyr Gln Gln Met Leu His Thr Asn Leu Val Tyr Leu Ala Thr Ile
50 55 60

Ala Asp Ser Asn Gln Asn Met Gln Ser Leu Leu Pro Ala Pro Pro Thr

65 70 75 80

Gln Asn Met Pro Met Gly Pro Gly Gly Met Asn Gln Ser Gly Pro Pro
85 90 95

Pro Pro Pro Arg Ser His Asn Met Pro Ser Asp Gly Met Val Gly Gly
100 105 110

Gly Pro Pro Ala Pro His Met Gln Asn Gln Met Asn Gly Gln Met Pro
115 120 125

Gly Pro Asn His Met Pro Met Gln Gly Pro Gly Pro Asn Gln Leu Asn

130 135 140

Met Thr Asn Ser Ser Met Asn Met Pro Ser Ser Ser His Gly Ser Met
145 150 155 160

Gly Gly Tyr Asn His Ser Val Pro Ser Ser Gln Ser Met Pro Val Gln
165 170 175
Asn Gln Met Thr Met Ser Gln Gly Gln Pro Met Gly Asn Tyr Gly Pro
180 185 190
Arg Pro Asn Met Ser Met Gln Pro Asn Gln Gly Pro Met Met His Gln

195 200 205
Gln Pro Pro Ser Gln Gln Tyr Asn Met Pro Gln Gly Gly Gly Gln His
210 215 220
Tyr Gln Gly Gln Gln Pro Pro Met Gly Met Met Gly Gln Val Asn Gln
225 230 235 240
Gly Asn His Met Met Gly Gln Arg Gln Ile Pro Pro Tyr Arg Pro Pro
245 250 255
Gln Gln Gly Pro Pro Gln Gln Tyr Ser Gly Gln Glu Asp Tyr Tyr Gly

260 265 270
Asp Gln Tyr Ser His Gly Gly Gln Gly Pro Pro Glu Gly Met Asn Gln
275 280 285
Gln Tyr Tyr Pro Asp Gly His Asn Asp Tyr Gly Tyr Gln Gln Pro Ser
290 295 300
Tyr Pro Glu Gln Gly Tyr Asp Arg Pro Tyr Glu Asp Ser Ser Gln His
305 310 315 320
Tyr Tyr Glu Gly Gly Asn Ser Gln Tyr Gly Gln Gln Gln Asp Ala Tyr

325 330 335
Gln Gly Pro Pro Pro Gln Gln Gly Tyr Pro Pro Gln Gln Gln Gln Tyr
340 345 350
Pro Gly Gln Gln Gly Tyr Pro Gly Gln Gln Gln Gly Tyr Gly Pro Ser
355 360 365
Gln Gly Gly Pro Gly Pro Gln Tyr Pro Asn Tyr Pro Gln Gly Gln Gly
370 375 380
Gln Gln Tyr Gly Gly Tyr Arg Pro Thr Gln Pro Gly Pro Pro Gln Pro

385 390 395 400
Pro Gln Gln Arg Pro Tyr Gly Tyr Asp Gln Ile Met Pro Lys Lys Pro

405 410 415

Ala Glu Glu Gly Asn Asp Ser Glu Glu Val Pro Glu Ala Ser Gly Pro

420 425 430

Gln Asn Asp Gly Lys Glu Leu Cys Pro Pro Gly Lys Pro Thr Thr Ser

435 440 445

Glu Lys Ile His Glu Arg Ser Gly Pro Lys Arg Gly Glu His Ala Trp

450 455 460

Thr His Arg Leu Arg Glu Arg Lys Gln Leu Val Ile Tyr Glu Glu Ile

465 470 475 480

Ser Asp Pro Glu Glu Asp Asp Glu

485

<210> 655

<211> 457

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SYT-SSX-2__Homo_sapiens__A4PIW0

<400> 655

Met Ser Val Ala Phe Ala Ala Pro Arg Gln Arg Gly Lys Gly Glu Ile

1 5 10 15

Thr Pro Ala Ala Ile Gln Lys Met Leu Asp Asp Asn Asn His Leu Ile

20 25 30

Gln Cys Ile Met Asp Ser Gln Asn Lys Gly Lys Thr Ser Glu Cys Ser

35 40 45

Gln Tyr Gln Gln Met Leu His Thr Asn Leu Val Tyr Leu Ala Thr Ile

50 55 60

Ala Asp Ser Asn Gln Asn Met Gln Ser Leu Leu Pro Ala Pro Pro Thr

65 70 75 80

Gln Asn Met Pro Met Gly Pro Gly Gly Met Asn Gln Ser Gly Pro Pro

85 90 95

Pro Pro Pro Arg Ser His Asn Met Pro Ser Asp Gly Met Val Gly Gly

100 105 110

Gly Pro Pro Ala Pro His Met Gln Asn Gln Met Asn Gly Gln Met Pro

115 120 125

Gly Pro Asn His Met Pro Met Gln Gly Pro Gly Pro Asn Gln Leu Asn

130 135 140

Met Thr Asn Ser Ser Met Asn Met Pro Ser Ser Ser His Gly Ser Met

145 150 155 160

Gly Gly Tyr Asn His Ser Val Pro Ser Ser Gln Ser Met Pro Val Gln

165 170 175

Asn Gln Met Thr Met Ser Gln Gly Gln Pro Met Gly Asn Tyr Gly Pro

180 185 190

Arg Pro Asn Met Ser Met Gln Pro Asn Gln Gly Pro Met Met His Gln

195 200 205

Gln Pro Pro Ser Gln Gln Tyr Asn Met Pro Gln Gly Gly Gly Gln His

210 215 220

Tyr Gln Gly Gln Gln Pro Pro Met Gly Met Met Gly Gln Val Asn Gln

225 230 235 240

Gly Asn His Met Met Gly Gln Arg Gln Ile Pro Pro Tyr Arg Pro Pro

245 250 255

Gln Gln Gly Pro Pro Gln Gln Tyr Ser Gly Gln Glu Asp Tyr Tyr Gly

260 265 270

Asp Gln Tyr Ser His Gly Gly Gln Gly Pro Pro Glu Gly Met Asn Gln

275 280 285

Gln Tyr Tyr Pro Asp Gly Asn Ser Gln Tyr Gly Gln Gln Gln Asp Ala

290 295 300

Tyr Gln Gly Pro Pro Pro Gln Gln Gly Tyr Pro Pro Gln Gln Gln Gln

305 310 315 320

Tyr Pro Gly Gln Gln Gly Tyr Pro Gly Gln Gln Gln Gly Tyr Gly Pro

325 330 335

Ser Gln Gly Gly Pro Gly Pro Gln Tyr Pro Asn Tyr Pro Gln Gly Gln

340 345 350

Gly Gln Gln Tyr Gly Gly Tyr Arg Pro Thr Gln Pro Gly Pro Pro Gln

355 360 365

Pro Pro Gln Gln Arg Pro Tyr Gly Tyr Asp Gln Ile Met Pro Lys Lys
370 375 380
Pro Ala Glu Glu Gly Asn Asp Ser Glu Glu Val Pro Glu Ala Ser Gly
385 390 395 400

Pro Gln Asn Asp Gly Lys Glu Leu Cys Pro Pro Gly Lys Pro Thr Thr
405 410 415
Ser Glu Lys Ile His Glu Arg Ser Gly Pro Lys Arg Gly Glu His Ala
420 425 430
Trp Thr His Arg Leu Arg Glu Arg Lys Gln Leu Val Ile Tyr Glu Glu
435 440 445
Ile Ser Asp Pro Glu Glu Asp Asp Glu
450 455

<210> 656
<211> 111
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> TARP__Homo_sapiens__Q0VGM3
<400> 656
Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro
1 5 10 15
Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn
20 25 30
Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr
35 40 45
Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn

50 55 60
Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr
65 70 75 80
Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys
85 90 95
Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser
100 105 110

<210> 657

<211> 58

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TCRg__Homo_sapiens__A2JGV3

<400> 657

Met Gln Met Phe Pro Pro Ser Pro Leu Phe Phe Phe Leu Gln Leu Leu
1 5 10 15

Lys Gln Ser Ser Arg Arg Leu Glu His Thr Phe Val Phe Leu Arg Asn
20 25 30

Phe Ser Leu Met Leu Leu Arg Tyr Ile Gly Lys Lys Arg Arg Ala Thr
35 40 45

Arg Phe Trp Asp Pro Arg Arg Gly Thr Pro
50 55

<210> 658

<211> 376

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TF2AA__Homo_sapiens__P52655

<400> 658

Met Ala Asn Ser Ala Asn Thr Asn Thr Val Pro Lys Leu Tyr Arg Ser
1 5 10 15

Val Ile Glu Asp Val Ile Asn Asp Val Arg Asp Ile Phe Leu Asp Asp
20 25 30

Gly Val Asp Glu Gln Val Leu Met Glu Leu Lys Thr Leu Trp Glu Asn
35 40 45

Lys Leu Met Gln Ser Arg Ala Val Asp Gly Phe His Ser Glu Glu Gln
50 55 60

Gln Leu Leu Leu Gln Val Gln Gln Gln His Gln Pro Gln Gln Gln Gln
65 70 75 80

His His His His His His His Gln Gln Ala Gln Pro Gln Gln Thr Val
85 90 95

Pro Gln Gln Ala Gln Thr Gln Gln Val Leu Ile Pro Ala Ser Gln Gln
100 105 110

Ala Thr Ala Pro Gln Val Ile Val Pro Asp Ser Lys Leu Ile Gln His
115 120 125
Met Asn Ala Ser Asn Met Ser Ala Ala Ala Thr Ala Ala Thr Leu Ala
130 135 140
Leu Pro Ala Gly Val Thr Pro Val Gln Gln Ile Leu Thr Asn Ser Gly
145 150 155 160
Gln Leu Leu Gln Val Val Arg Ala Ala Asn Gly Ala Gln Tyr Ile Phe
165 170 175

Gln Pro Gln Gln Ser Val Val Leu Gln Gln Gln Val Ile Pro Gln Met
180 185 190
Gln Pro Gly Gly Val Gln Ala Pro Val Ile Gln Gln Val Leu Ala Pro
195 200 205
Leu Pro Gly Gly Ile Ser Pro Gln Thr Gly Val Ile Ile Gln Pro Gln
210 215 220
Gln Ile Leu Phe Thr Gly Asn Lys Thr Gln Val Ile Pro Thr Thr Val
225 230 235 240

Ala Ala Pro Thr Pro Ala Gln Ala Gln Ile Thr Ala Thr Gly Gln Gln
245 250 255
Gln Pro Gln Ala Gln Pro Ala Gln Thr Gln Ala Pro Leu Val Leu Gln
260 265 270
Val Asp Gly Thr Gly Asp Thr Ser Ser Glu Glu Asp Glu Asp Glu Glu
275 280 285
Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Glu Glu Glu Asp Lys Glu Lys Asp Gly Ala
290 295 300

Glu Asp Gly Gln Val Glu Glu Glu Pro Leu Asn Ser Glu Asp Asp Val
305 310 315 320
Ser Asp Glu Glu Gly Gln Glu Leu Phe Asp Thr Glu Asn Val Val Val
325 330 335
Cys Gln Tyr Asp Lys Ile His Arg Ser Lys Asn Lys Trp Lys Phe His

340 345 350

Leu Lys Asp Gly Ile Met Asn Leu Asn Gly Arg Asp Tyr Ile Phe Ser

355 360 365

Lys Ala Ile Gly Asp Ala Glu Trp

370 375

<210> 659

<211> 567

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TGFR2__Homo_sapiens__P37173

<400> 659

Met Gly Arg Gly Leu Leu Arg Gly Leu Trp Pro Leu His Ile Val Leu

1 5 10 15

Trp Thr Arg Ile Ala Ser Thr Ile Pro Pro His Val Gln Lys Ser Val

20 25 30

Asn Asn Asp Met Ile Val Thr Asp Asn Asn Gly Ala Val Lys Phe Pro

35 40 45

Gln Leu Cys Lys Phe Cys Asp Val Arg Phe Ser Thr Cys Asp Asn Gln

50 55 60

Lys Ser Cys Met Ser Asn Cys Ser Ile Thr Ser Ile Cys Glu Lys Pro

65 70 75 80

Gln Glu Val Cys Val Ala Val Trp Arg Lys Asn Asp Glu Asn Ile Thr

85 90 95

Leu Glu Thr Val Cys His Asp Pro Lys Leu Pro Tyr His Asp Phe Ile

100 105 110

Leu Glu Asp Ala Ala Ser Pro Lys Cys Ile Met Lys Glu Lys Lys Lys

115 120 125

Pro Gly Glu Thr Phe Phe Met Cys Ser Cys Ser Ser Asp Glu Cys Asn

130 135 140

Asp Asn Ile Ile Phe Ser Glu Glu Tyr Asn Thr Ser Asn Pro Asp Leu

145 150 155 160

Leu Leu Val Ile Phe Gln Val Thr Gly Ile Ser Leu Leu Pro Pro Leu

165 170 175

Gly Val Ala Ile Ser Val Ile Ile Ile Phe Tyr Cys Tyr Arg Val Asn

180 185 190

Arg Gln Gln Lys Leu Ser Ser Thr Trp Glu Thr Gly Lys Thr Arg Lys

195 200 205

Leu Met Glu Phe Ser Glu His Cys Ala Ile Ile Leu Glu Asp Asp Arg

210 215 220

Ser Asp Ile Ser Ser Thr Cys Ala Asn Asn Ile Asn His Asn Thr Glu

225 230 235 240

Leu Leu Pro Ile Glu Leu Asp Thr Leu Val Gly Lys Gly Arg Phe Ala

245 250 255

Glu Val Tyr Lys Ala Lys Leu Lys Gln Asn Thr Ser Glu Gln Phe Glu

260 265 270

Thr Val Ala Val Lys Ile Phe Pro Tyr Glu Glu Tyr Ala Ser Trp Lys

275 280 285

Thr Glu Lys Asp Ile Phe Ser Asp Ile Asn Leu Lys His Glu Asn Ile

290 295 300

Leu Gln Phe Leu Thr Ala Glu Glu Arg Lys Thr Glu Leu Gly Lys Gln

305 310 315 320

Tyr Trp Leu Ile Thr Ala Phe His Ala Lys Gly Asn Leu Gln Glu Tyr

325 330 335

Leu Thr Arg His Val Ile Ser Trp Glu Asp Leu Arg Lys Leu Gly Ser

340 345 350

Ser Leu Ala Arg Gly Ile Ala His Leu His Ser Asp His Thr Pro Cys

355 360 365

Gly Arg Pro Lys Met Pro Ile Val His Arg Asp Leu Lys Ser Ser Asn

370 375 380

Ile Leu Val Lys Asn Asp Leu Thr Cys Cys Leu Cys Asp Phe Gly Leu

385 390 395 400

Ser Leu Arg Leu Asp Pro Thr Leu Ser Val Asp Asp Leu Ala Asn Ser

405 410 415

Gly Gln Val Gly Thr Ala Arg Tyr Met Ala Pro Glu Val Leu Glu Ser

420 425 430

Arg Met Asn Leu Glu Asn Val Glu Ser Phe Lys Gln Thr Asp Val Tyr

435 440 445

Ser Met Ala Leu Val Leu Trp Glu Met Thr Ser Arg Cys Asn Ala Val

450 455 460

Gly Glu Val Lys Asp Tyr Glu Pro Pro Phe Gly Ser Lys Val Arg Glu

465 470 475 480

His Pro Cys Val Glu Ser Met Lys Asp Asn Val Leu Arg Asp Arg Gly

485 490 495

Arg Pro Glu Ile Pro Ser Phe Trp Leu Asn His Gln Gly Ile Gln Met

500 505 510

Val Cys Glu Thr Leu Thr Glu Cys Trp Asp His Asp Pro Glu Ala Arg

515 520 525

Leu Thr Ala Gln Cys Val Ala Glu Arg Phe Ser Glu Leu Glu His Leu

530 535 540

Asp Arg Leu Ser Gly Arg Ser Cys Ser Glu Glu Lys Ile Pro Glu Asp

545 550 555 560

Gly Ser Leu Asn Thr Thr Lys

565

<210> 660

<211> 684

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TGM-4__Homo_sapiens__B2R7D1

<400> 660

Met Met Asp Ala Ser Lys Glu Leu Gln Val Leu His Ile Asp Phe Leu

1 5 10 15

Asn Gln Asp Asn Ala Val Ser His His Thr Trp Glu Phe Gln Thr Ser

20 25 30

Ser Pro Val Phe Arg Arg Gly Gln Val Phe His Leu Arg Leu Val Leu

35 40 45

Asn Gln Pro Pro Gln Ser Tyr His Gln Leu Lys Leu Glu Phe Ser Thr

50 55 60

Gly Pro Asn Pro Ser Ile Ala Lys His Thr Leu Val Val Leu Asp Pro

65 70 75 80

Arg Thr Pro Ser Asp His Tyr Asn Trp Gln Ala Thr Leu Gln Asn Glu

85 90 95

Ser Gly Lys Glu Val Thr Val Ala Val Thr Ser Ser Pro Asn Ala Ile

100 105 110

Leu Gly Lys Tyr Gln Leu Asn Val Lys Thr Gly Asn His Ile Leu Lys

115 120 125

Ser Glu Glu Asn Ile Leu Tyr Leu Leu Phe Asn Pro Trp Cys Lys Glu

130 135 140

Asp Met Val Phe Met Pro Asp Glu Asp Glu Arg Lys Glu Tyr Ile Leu

145 150 155 160

Asn Asp Thr Gly Cys His Tyr Val Gly Ala Ala Arg Ser Ile Lys Cys

165 170 175

Lys Pro Trp Asn Phe Gly Gln Phe Glu Lys Asn Val Leu Asp Cys Cys

180 185 190

Ile Ser Leu Leu Thr Glu Ser Ser Leu Lys Pro Thr Asp Arg Arg Asp

195 200 205

Pro Val Leu Val Cys Arg Ala Met Cys Ala Met Met Ser Phe Glu Lys

210 215 220

Gly Gln Gly Val Leu Ile Gly Asn Trp Thr Gly Asp Tyr Glu Gly Gly

225 230 235 240

Thr Ala Pro Tyr Lys Trp Thr Gly Ser Ala Pro Ile Leu Gln Gln Tyr

245 250 255

Tyr Asn Thr Lys Gln Ala Val Cys Phe Gly Gln Cys Trp Val Phe Ala

260 265 270

Gly Ile Leu Thr Thr Val Leu Arg Ala Leu Gly Ile Pro Ala Arg Ser

275 280 285

Val Thr Gly Phe Asp Ser Ala His Asp Thr Glu Arg Asn Leu Thr Val

290 295 300

Asp Thr Tyr Val Asn Glu Asn Gly Glu Lys Ile Thr Ser Met Thr His

305 310 315 320

Asp Ser Val Trp Asn Phe His Val Trp Thr Asp Ala Trp Met Lys Arg

325 330 335

Pro Asp Leu Pro Lys Gly Tyr Asp Gly Trp Gln Ala Val Asp Ala Thr

340 345 350

Pro Gln Glu Arg Ser Gln Gly Val Phe Cys Cys Gly Pro Ser Pro Leu

355 360 365

Thr Ala Ile Arg Lys Gly Asp Ile Phe Ile Val Tyr Asp Thr Arg Phe

370 375 380

Val Phe Ser Glu Val Asn Gly Asp Arg Leu Ile Trp Leu Val Lys Met

385 390 395 400

Val Asn Gly Gln Glu Glu Leu His Val Ile Ser Met Glu Thr Thr Ser

405 410 415

Ile Gly Lys Asn Ile Ser Thr Lys Ala Val Gly Gln Asp Arg Arg Arg

420 425 430

Asp Ile Thr Tyr Glu Tyr Lys Tyr Pro Glu Gly Ser Ser Glu Glu Arg

435 440 445

Gln Val Met Asp His Ala Phe Leu Leu Leu Ser Ser Glu Arg Glu His

450 455 460

Arg Arg Pro Val Lys Glu Asn Phe Leu His Met Ser Val Gln Ser Asp

465 470 475 480

Asp Val Leu Leu Gly Asn Ser Val Asn Phe Thr Val Ile Leu Lys Arg

485 490 495

Lys Thr Ala Ala Leu Gln Asn Val Asn Ile Leu Gly Ser Phe Glu Leu

500 505 510

Gln Leu Tyr Thr Gly Lys Lys Met Ala Lys Leu Cys Asp Leu Asn Lys

515 520 525

Thr Ser Gln Ile Gln Gly Gln Val Ser Glu Val Thr Leu Thr Leu Asp

530 535 540

Ser Lys Thr Tyr Ile Asn Ser Leu Ala Ile Leu Asp Asp Glu Pro Val

545 550 555 560

Ile Arg Gly Phe Ile Ile Ala Glu Ile Val Glu Ser Lys Glu Ile Met

565 570 575

Ala Ser Glu Val Phe Thr Ser Phe Gln Tyr Pro Glu Phe Ser Ile Glu

580 585 590

Leu Pro Asn Thr Gly Arg Ile Gly Gln Leu Leu Val Cys Asn Cys Ile

595 600 605

Phe Lys Asn Thr Leu Ala Ile Pro Leu Thr Asp Val Lys Phe Ser Leu

610 615 620

Glu Ser Leu Gly Ile Ser Ser Leu Gln Thr Ser Asp His Gly Thr Val

625 630 635 640

Gln Pro Gly Glu Thr Ile Gln Ser Gln Ile Lys Cys Thr Pro Ile Lys

645 650 655

Thr Gly Pro Lys Lys Phe Ile Val Lys Leu Ser Ser Lys Gln Val Lys

660 665 670

Glu Ile Asn Ala Gln Lys Ile Val Leu Ile Thr Lys

675 680

<210> 661

<211> 1124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIE2__Homo_sapiens__Q02763

<400> 661

Met Asp Ser Leu Ala Ser Leu Val Leu Cys Gly Val Ser Leu Leu Leu

1 5 10 15

Ser Gly Thr Val Glu Gly Ala Met Asp Leu Ile Leu Ile Asn Ser Leu

20 25 30

Pro Leu Val Ser Asp Ala Glu Thr Ser Leu Thr Cys Ile Ala Ser Gly

35 40 45

Trp Arg Pro His Glu Pro Ile Thr Ile Gly Arg Asp Phe Glu Ala Leu
50 55 60
Met Asn Gln His Gln Asp Pro Leu Glu Val Thr Gln Asp Val Thr Arg
65 70 75 80
Glu Trp Ala Lys Lys Val Val Trp Lys Arg Glu Lys Ala Ser Lys Ile
85 90 95
Asn Gly Ala Tyr Phe Cys Glu Gly Arg Val Arg Gly Glu Ala Ile Arg
100 105 110

Ile Arg Thr Met Lys Met Arg Gln Gln Ala Ser Phe Leu Pro Ala Thr
115 120 125
Leu Thr Met Thr Val Asp Lys Gly Asp Asn Val Asn Ile Ser Phe Lys
130 135 140
Lys Val Leu Ile Lys Glu Glu Asp Ala Val Ile Tyr Lys Asn Gly Ser
145 150 155 160
Phe Ile His Ser Val Pro Arg His Glu Val Pro Asp Ile Leu Glu Val
165 170 175

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

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

Cys Ala Thr Gly Trp Lys Gly Leu Gln Cys Asn Glu Ala Cys His Pro
290 295 300

Gly Phe Tyr Gly Pro Asp Cys Lys Leu Arg Cys Ser Cys Asn Asn Gly
305 310 315 320
Glu Met Cys Asp Arg Phe Gln Gly Cys Leu Cys Ser Pro Gly Trp Gln
325 330 335
Gly Leu Gln Cys Glu Arg Glu Gly Ile Gln Arg Met Thr Pro Lys Ile
340 345 350
Val Asp Leu Pro Asp His Ile Glu Val Asn Ser Gly Lys Phe Asn Pro
355 360 365

Ile Cys Lys Ala Ser Gly Trp Pro Leu Pro Thr Asn Glu Glu Met Thr
370 375 380
Leu Val Lys Pro Asp Gly Thr Val Leu His Pro Lys Asp Phe Asn His
385 390 395 400
Thr Asp His Phe Ser Val Ala Ile Phe Thr Ile His Arg Ile Leu Pro
405 410 415
Pro Asp Ser Gly Val Trp Val Cys Ser Val Asn Thr Val Ala Gly Met
420 425 430

Val Glu Lys Pro Phe Asn Ile Ser Val Lys Val Leu Pro Lys Pro Leu
435 440 445
Asn Ala Pro Asn Val Ile Asp Thr Gly His Asn Phe Ala Val Ile Asn
450 455 460
Ile Ser Ser Glu Pro Tyr Phe Gly Asp Gly Pro Ile Lys Ser Lys Lys
465 470 475 480
Leu Leu Tyr Lys Pro Val Asn His Tyr Glu Ala Trp Gln His Ile Gln
485 490 495

Val Thr Asn Glu Ile Val Thr Leu Asn Tyr Leu Glu Pro Arg Thr Glu
500 505 510
Tyr Glu Leu Cys Val Gln Leu Val Arg Arg Gly Glu Gly Gly Glu Gly
515 520 525
His Pro Gly Pro Val Arg Arg Phe Thr Thr Ala Ser Ile Gly Leu Pro

530 535 540

Pro Pro Arg Gly Leu Asn Leu Leu Pro Lys Ser Gln Thr Thr Leu Asn
545 550 555 560

Leu Thr Trp Gln Pro Ile Phe Pro Ser Ser Glu Asp Asp Phe Tyr Val
565 570 575

Glu Val Glu Arg Arg Ser Val Gln Lys Ser Asp Gln Gln Asn Ile Lys
580 585 590

Val Pro Gly Asn Leu Thr Ser Val Leu Leu Asn Asn Leu His Pro Arg
595 600 605

Glu Gln Tyr Val Val Arg Ala Arg Val Asn Thr Lys Ala Gln Gly Glu
610 615 620

Trp Ser Glu Asp Leu Thr Ala Trp Thr Leu Ser Asp Ile Leu Pro Pro
625 630 635 640

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

Ile Ser Trp Thr Ile Leu Asp Gly Tyr Ser Ile Ser Ser Ile Thr Ile
660 665 670

Arg Tyr Lys Val Gln Gly Lys Asn Glu Asp Gln His Val Asp Val Lys
675 680 685

Ile Lys Asn Ala Thr Ile Thr Gln Tyr Gln Leu Lys Gly Leu Glu Pro
690 695 700

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

Ser Asn Pro Ala Phe Ser His Glu Leu Val Thr Leu Pro Glu Ser Gln
725 730 735

Ala Pro Ala Asp Leu Gly Gly Gly Lys Met Leu Leu Ile Ala Ile Leu
740 745 750

Gly Ser Ala Gly Met Thr Cys Leu Thr Val Leu Leu Ala Phe Leu Ile
755 760 765

Ile Leu Gln Leu Lys Arg Ala Asn Val Gln Arg Arg Met Ala Gln Ala
770 775 780

Phe Gln Asn Val Arg Glu Glu Pro Ala Val Gln Phe Asn Ser Gly Thr
785 790 795 800
Leu Ala Leu Asn Arg Lys Val Lys Asn Asn Pro Asp Pro Thr Ile Tyr
805 810 815

Pro Val Leu Asp Trp Asn Asp Ile Lys Phe Gln Asp Val Ile Gly Glu
820 825 830
Gly Asn Phe Gly Gln Val Leu Lys Ala Arg Ile Lys Lys Asp Gly Leu
835 840 845
Arg Met Asp Ala Ala Ile Lys Arg Met Lys Glu Tyr Ala Ser Lys Asp
850 855 860
Asp His Arg Asp Phe Ala Gly Glu Leu Glu Val Leu Cys Lys Leu Gly
865 870 875 880

His His Pro Asn Ile Ile Asn Leu Leu Gly Ala Cys Glu His Arg Gly
885 890 895
Tyr Leu Tyr Leu Ala Ile Glu Tyr Ala Pro His Gly Asn Leu Leu Asp
900 905 910
Phe Leu Arg Lys Ser Arg Val Leu Glu Thr Asp Pro Ala Phe Ala Ile
915 920 925
Ala Asn Ser Thr Ala Ser Thr Leu Ser Ser Gln Gln Leu Leu His Phe
930 935 940

Ala Ala Asp Val Ala Arg Gly Met Asp Tyr Leu Ser Gln Lys Gln Phe
945 950 955 960
Ile His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Ile Leu Val Gly Glu Asn Tyr
965 970 975
Val Ala Lys Ile Ala Asp Phe Gly Leu Ser Arg Gly Gln Glu Val Tyr
980 985 990
Val Lys Lys Thr Met Gly Arg Leu Pro Val Arg Trp Met Ala Ile Glu
995 1000 1005

Ser Leu Asn Tyr Ser Val Tyr Thr Thr Asn Ser Asp Val Trp Ser
1010 1015 1020
Tyr Gly Val Leu Leu Trp Glu Ile Val Ser Leu Gly Gly Thr Pro

1025 1030 1035

Tyr Cys Gly Met Thr Cys Ala Glu Leu Tyr Glu Lys Leu Pro Gln

1040 1045 1050

Gly Tyr Arg Leu Glu Lys Pro Leu Asn Cys Asp Asp Glu Val Tyr

1055 1060 1065

Asp Leu Met Arg Gln Cys Trp Arg Glu Lys Pro Tyr Glu Arg Pro

1070 1075 1080

Ser Phe Ala Gln Ile Leu Val Ser Leu Asn Arg Met Leu Glu Glu

1085 1090 1095

Arg Lys Thr Tyr Val Asn Thr Thr Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Tyr

1100 1105 1110

Ala Gly Ile Asp Cys Ser Ala Glu Glu Ala Ala

1115 1120

<210> 662

<211> 596

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> TKTL1__Homo_sapiens__P51854

<400> 662

Met Ala Asp Ala Glu Ala Arg Ala Glu Phe Pro Glu Glu Ala Arg Pro

1 5 10 15

Asp Arg Gly Thr Leu Gln Val Leu Gln Asp Met Ala Ser Arg Leu Arg

20 25 30

Ile His Ser Ile Arg Ala Thr Cys Ser Thr Ser Ser Gly His Pro Thr

35 40 45

Ser Cys Ser Ser Ser Ser Glu Ile Met Ser Val Leu Phe Phe Tyr Ile

50 55 60

Met Arg Tyr Lys Gln Ser Asp Pro Glu Asn Pro Asp Asn Asp Arg Phe

65 70 75 80

Val Leu Ala Lys Arg Leu Ser Phe Val Asp Val Ala Thr Gly Trp Leu

85 90 95

Gly Gln Gly Leu Gly Val Ala Cys Gly Met Ala Tyr Thr Gly Lys Tyr

100 105 110

Phe Asp Arg Ala Ser Tyr Arg Val Phe Cys Leu Met Ser Asp Gly Glu

115 120 125

Ser Ser Glu Gly Ser Val Trp Glu Ala Met Ala Phe Ala Ser Tyr Tyr

130 135 140

Ser Leu Asp Asn Leu Val Ala Ile Phe Asp Val Asn Arg Leu Gly His

145 150 155 160

Ser Gly Ala Leu Pro Ala Glu His Cys Ile Asn Ile Tyr Gln Arg Arg

165 170 175

Cys Glu Ala Phe Gly Trp Asn Thr Tyr Val Val Asp Gly Arg Asp Val

180 185 190

Glu Ala Leu Cys Gln Val Phe Trp Gln Ala Ser Gln Val Lys His Lys

195 200 205

Pro Thr Ala Val Val Ala Lys Thr Phe Lys Gly Arg Gly Thr Pro Ser

210 215 220

Ile Glu Asp Ala Glu Ser Trp His Ala Lys Pro Met Pro Arg Glu Arg

225 230 235 240

Ala Asp Ala Ile Ile Lys Leu Ile Glu Ser Gln Ile Gln Thr Ser Arg

245 250 255

Asn Leu Asp Pro Gln Pro Pro Ile Glu Asp Ser Pro Glu Val Asn Ile

260 265 270

Thr Asp Val Arg Met Thr Ser Pro Pro Asp Tyr Arg Val Gly Asp Lys

275 280 285

Ile Ala Thr Arg Lys Ala Cys Gly Leu Ala Leu Ala Lys Leu Gly Tyr

290 295 300

Ala Asn Asn Arg Val Val Val Leu Asp Gly Asp Thr Arg Tyr Ser Thr

305 310 315 320

Phe Ser Glu Ile Phe Asn Lys Glu Tyr Pro Glu Arg Phe Ile Glu Cys

325 330 335

Phe Met Ala Glu Gln Asn Met Val Ser Val Ala Leu Gly Cys Ala Ser

340 345 350

Arg Gly Arg Thr Ile Ala Phe Ala Ser Thr Phe Ala Ala Phe Leu Thr

355 360 365

Arg Ala Phe Asp His Ile Arg Ile Gly Gly Leu Ala Glu Ser Asn Ile

370 375 380

Asn Ile Ile Gly Ser His Cys Gly Val Ser Val Gly Asp Asp Gly Ala

385 390 395 400

Ser Gln Met Ala Leu Glu Asp Ile Ala Met Phe Arg Thr Ile Pro Lys

405 410 415

Cys Thr Ile Phe Tyr Pro Thr Asp Ala Val Ser Thr Glu His Ala Val

420 425 430

Ala Leu Ala Ala Asn Ala Lys Gly Met Cys Phe Ile Arg Thr Thr Arg

435 440 445

Pro Glu Thr Met Val Ile Tyr Thr Pro Gln Glu Arg Phe Glu Ile Gly

450 455 460

Gln Ala Lys Val Leu Arg His Cys Val Ser Asp Lys Val Thr Val Ile

465 470 475 480

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

485 490 495

Ser Lys Gln Asp Ile Phe Ile Arg Val Ile Asp Leu Phe Thr Ile Lys

500 505 510

Pro Leu Asp Val Ala Thr Ile Val Ser Ser Ala Lys Ala Thr Glu Gly

515 520 525

Arg Ile Ile Thr Val Glu Asp His Tyr Pro Gln Gly Gly Ile Gly Glu

530 535 540

Ala Val Cys Ala Ala Val Ser Met Asp Pro Asp Ile Gln Val His Ser

545 550 555 560

Leu Ala Val Ser Gly Val Pro Gln Ser Gly Lys Ser Glu Glu Leu Leu

565 570 575

Asp Met Tyr Gly Ile Ser Ala Arg His Ile Ile Val Ala Val Lys Cys

580 585 590

Met Leu Leu Asn

595

<210> 663

<211> 286

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TPI/m__Homo_sapiens__P60174

<400> 663

Met Ala Glu Asp Gly Glu Glu Ala Glu Phe His Phe Ala Ala Leu Tyr
1 5 10 15

Ile Ser Gly Gln Trp Pro Arg Leu Arg Ala Asp Thr Asp Leu Gln Arg

20 25 30

Leu Gly Ser Ser Ala Met Ala Pro Ser Arg Lys Phe Phe Val Gly Gly
35 40 45

Asn Trp Lys Met Asn Gly Arg Lys Gln Ser Leu Gly Glu Leu Ile Gly
50 55 60

Thr Leu Asn Ala Ala Lys Val Pro Ala Asp Thr Glu Val Val Cys Ala
65 70 75 80

Pro Pro Thr Ala Tyr Ile Asp Phe Ala Arg Gln Lys Leu Asp Pro Lys

85 90 95

Ile Ala Val Ala Ala Gln Asn Cys Tyr Lys Val Thr Asn Gly Ala Phe
100 105 110

Thr Gly Glu Ile Ser Pro Gly Met Ile Lys Asp Cys Gly Ala Thr Trp
115 120 125

Val Val Leu Gly His Ser Glu Arg Arg His Val Phe Gly Glu Ser Asp
130 135 140

Glu Leu Ile Gly Gln Lys Val Ala His Ala Leu Ala Glu Gly Leu Gly

145 150 155 160

Val Ile Ala Cys Ile Gly Glu Lys Leu Asp Glu Arg Glu Ala Gly Ile
165 170 175

Thr Glu Lys Val Val Phe Glu Gln Thr Lys Val Ile Ala Asp Asn Val
180 185 190

Lys Asp Trp Ser Lys Val Val Leu Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile

195 200 205

Gly Thr Gly Lys Thr Ala Thr Pro Gln Gln Ala Gln Glu Val His Glu

210 215 220

Lys Leu Arg Gly Trp Leu Lys Ser Asn Val Ser Asp Ala Val Ala Gln

225 230 235 240

Ser Thr Arg Ile Ile Tyr Gly Gly Ser Val Thr Gly Ala Thr Cys Lys

245 250 255

Glu Leu Ala Ser Gln Pro Asp Val Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala

260 265 270

Ser Leu Lys Pro Glu Phe Val Asp Ile Ile Asn Ala Lys Gln

275 280 285

<210> 664

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TRGV11__Homo_sapiens__Q99601

<400> 664

Met Pro Leu Val Val Ala Val Ile Phe Phe Ser Leu Trp Val Phe Ala

1 5 10 15

Leu Gly Gln Leu Glu Gln Pro Glu Ile Ser Ile Ser Arg Pro Ala Asn

20 25 30

Lys Ser Ala His Ile Ser Trp Lys Ala Ser Ile Gln Gly Phe Ser Ser

35 40 45

Lys Ile Ile His Trp Tyr Trp Gln Lys Pro Asn Lys Gly Leu Glu Tyr

50 55 60

Leu Leu His Val Phe Leu Thr Ile Ser Ala Gln Asp Cys Ser Gly Gly

65 70 75 80

Lys Thr Lys Lys Leu Glu Val Ser Lys Asn Ala His Thr Ser Thr Ser

85 90 95

Thr Leu Lys Ile Lys Phe Leu Glu Lys Glu Asp Glu Val Val Tyr His

100 105 110

Cys Ala Cys Trp Ile Arg His
115

<210> 665

<211> 137

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TRGV9__Homo_sapiens__A4D1X2

<400> 665

Met Leu Ser Leu Leu His Thr Ser Thr Leu Ala Val Leu Gly Ala Leu
1 5 10 15

Cys Val Tyr Gly Ala Gly His Leu Glu Gln Pro Gln Ile Ser Ser Thr
20 25 30

Lys Thr Leu Ser Lys Thr Ala Arg Leu Glu Cys Val Val Ser Gly Ile
35 40 45

Thr Ile Ser Ala Thr Ser Val Tyr Trp Tyr Arg Glu Arg Pro Gly Glu
50 55 60

Val Ile Gln Phe Leu Val Ser Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Val Arg Lys
65 70 75 80

Glu Ser Gly Ile Pro Ser Gly Lys Phe Glu Val Asp Arg Ile Pro Glu
85 90 95

Thr Ser Thr Ser Thr Leu Thr Ile His Asn Val Glu Lys Gln Asp Ile
100 105 110

Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Glu Val His Ser Ser Arg Gln Phe
115 120 125

Glu Pro Ser His Ser Ile Asn Val Tyr
130 135

<210> 666

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TRGV9__Homo_sapiens__Q99603

<400> 666

Met Leu Ser Leu Leu His Thr Ser Thr Leu Ala Val Leu Gly Ala Leu

1 5 10 15

Cys Val Tyr Gly Ala Gly His Leu Glu Gln Pro Gln Ile Ser Ser Thr

20 25 30

Lys Thr Leu Ser Lys Thr Ala Arg Leu Glu Cys Val Val Ser Gly Ile

35 40 45

Thr Ile Ser Ala Thr Ser Val Tyr Trp Tyr Arg Glu Arg Pro Gly Glu

50 55 60

Val Ile Gln Phe Leu Val Ser Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Val Arg Lys

65 70 75 80

Glu Ser Gly Ile Pro Ser Gly Lys Phe Glu Val Asp Arg Ile Pro Glu

85 90 95

Thr Ser Thr Ser Thr Leu Thr Ile His Asn Val Glu Lys Gln Asp Ile

100 105 110

Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Glu Val

115 120

<210> 667

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TRGV9__Homo_sapiens__Q99604

<400> 667

Met Leu Ser Leu Leu His Thr Ser Thr Leu Ala Val Leu Gly Ala Leu

1 5 10 15

Cys Val Tyr Gly Ala Gly His Leu Glu Gln Pro Gln Ile Ser Ser Thr

20 25 30

Lys Thr Leu Ser Lys Thr Ala Arg Leu Glu Cys Val Val Ser Gly Ile

35 40 45

Lys Ile Ser Ala Thr Ser Val Tyr Trp Tyr Arg Glu Arg Pro Gly Glu

50 55 60

Val Ile Gln Phe Leu Val Ser Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Val Arg Lys

65 70 75 80

Glu Ser Gly Ile Pro Ser Gly Lys Phe Glu Val Asp Arg Ile Pro Glu

85 90 95

Thr Ser Thr Ser Thr Leu Thr Ile His Asn Val Glu Lys Gln Asp Ile

100 105 110

Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Glu Val

115 120

<210> 668

<211> 793

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TRPC1__Homo_sapiens__P48995

<400> 668

Met Met Ala Ala Leu Tyr Pro Ser Thr Asp Leu Ser Gly Ala Ser Ser

1 5 10 15

Ser Ser Leu Pro Ser Ser Pro Ser Ser Ser Ser Pro Asn Glu Val Met

20 25 30

Ala Leu Lys Asp Val Arg Glu Val Lys Glu Glu Asn Thr Leu Asn Glu

35 40 45

Lys Leu Phe Leu Leu Ala Cys Asp Lys Gly Asp Tyr Tyr Met Val Lys

50 55 60

Lys Ile Leu Glu Glu Asn Ser Ser Gly Asp Leu Asn Ile Asn Cys Val

65 70 75 80

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

85 90 95

Leu Asp Ile Leu Gln Leu Leu Leu Asp Tyr Gly Cys Gln Ser Ala Asp

100 105 110

Ala Leu Leu Val Ala Ile Asp Ser Glu Val Val Gly Ala Val Asp Ile

115 120 125

Leu Leu Asn His Arg Pro Lys Arg Ser Ser Arg Pro Thr Ile Val Lys

130 135 140

Leu Met Glu Arg Ile Gln Asn Pro Glu Tyr Ser Thr Thr Met Asp Val

145 150 155 160

Ala Pro Val Ile Leu Ala Ala His Arg Asn Asn Tyr Glu Ile Leu Thr
165 170 175
Met Leu Leu Lys Gln Asp Val Ser Leu Pro Lys Pro His Ala Val Gly
180 185 190
Cys Glu Cys Thr Leu Cys Ser Ala Lys Asn Lys Lys Asp Ser Leu Arg

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

260 265 270
Leu Ala Gln Ala Arg Asn Ser Arg Glu Leu Glu Val Ile Leu Asn His
275 280 285
Thr Ser Ser Asp Glu Pro Leu Asp Lys Arg Gly Leu Leu Glu Glu Arg
290 295 300
Met Asn Leu Ser Arg Leu Lys Leu Ala Ile Lys Tyr Asn Gln Lys Glu
305 310 315 320
Phe Val Ser Gln Ser Asn Cys Gln Gln Phe Leu Asn Thr Val Trp Phe

325 330 335
Gly Gln Met Ser Gly Tyr Arg Arg Lys Pro Thr Cys Lys Lys Ile Met
340 345 350
Thr Val Leu Thr Val Gly Ile Phe Trp Pro Val Leu Ser Leu Cys Tyr
355 360 365
Leu Ile Ala Pro Lys Ser Gln Phe Gly Arg Ile Ile His Thr Pro Phe
370 375 380
Met Lys Phe Ile Ile His Gly Ala Ser Tyr Phe Thr Phe Leu Leu Leu

385 390 395 400
Leu Asn Leu Tyr Ser Leu Val Tyr Asn Glu Asp Lys Lys Asn Thr Met

405 410 415

Gly Pro Ala Leu Glu Arg Ile Asp Tyr Leu Leu Ile Leu Trp Ile Ile

420 425 430

Gly Met Ile Trp Ser Asp Ile Lys Arg Leu Trp Tyr Glu Gly Leu Glu

435 440 445

Asp Phe Leu Glu Glu Ser Arg Asn Gln Leu Ser Phe Val Met Asn Ser

450 455 460

Leu Tyr Leu Ala Thr Phe Ala Leu Lys Val Val Ala His Asn Lys Phe

465 470 475 480

His Asp Phe Ala Asp Arg Lys Asp Trp Asp Ala Phe His Pro Thr Leu

485 490 495

Val Ala Glu Gly Leu Phe Ala Phe Ala Asn Val Leu Ser Tyr Leu Arg

500 505 510

Leu Phe Phe Met Tyr Thr Thr Ser Ser Ile Leu Gly Pro Leu Gln Ile

515 520 525

Ser Met Gly Gln Met Leu Gln Asp Phe Gly Lys Phe Leu Gly Met Phe

530 535 540

Leu Leu Val Leu Phe Ser Phe Thr Ile Gly Leu Thr Gln Leu Tyr Asp

545 550 555 560

Lys Gly Tyr Thr Ser Lys Glu Gln Lys Asp Cys Val Gly Ile Phe Cys

565 570 575

Glu Gln Gln Ser Asn Asp Thr Phe His Ser Phe Ile Gly Thr Cys Phe

580 585 590

Ala Leu Phe Trp Tyr Ile Phe Ser Leu Ala His Val Ala Ile Phe Val

595 600 605

Thr Arg Phe Ser Tyr Gly Glu Glu Leu Gln Ser Phe Val Gly Ala Val

610 615 620

Ile Val Gly Thr Tyr Asn Val Val Val Val Ile Val Leu Thr Lys Leu

625 630 635 640

Leu Val Ala Met Leu His Lys Ser Phe Gln Leu Ile Ala Asn His Glu

645 650 655

Asp Lys Glu Trp Lys Phe Ala Arg Ala Lys Leu Trp Leu Ser Tyr Phe
660 665 670

Asp Asp Lys Cys Thr Leu Pro Pro Pro Phe Asn Ile Ile Pro Ser Pro
675 680 685

Lys Thr Ile Cys Tyr Met Ile Ser Ser Leu Ser Lys Trp Ile Cys Ser
690 695 700

His Thr Ser Lys Gly Lys Val Lys Arg Gln Asn Ser Leu Lys Glu Trp

705 710 715 720

Arg Asn Leu Lys Gln Lys Arg Asp Glu Asn Tyr Gln Lys Val Met Cys
725 730 735

Cys Leu Val His Arg Tyr Leu Thr Ser Met Arg Gln Lys Met Gln Ser
740 745 750

Thr Asp Gln Ala Thr Val Glu Asn Leu Asn Glu Leu Arg Gln Asp Leu
755 760 765

Ser Lys Phe Arg Asn Glu Ile Arg Asp Leu Leu Gly Phe Arg Thr Ser

770 775 780

Lys Tyr Ala Met Phe Tyr Pro Arg Asn
785 790

<210> 669

<211> 1104

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TRP-p8__Homo_sapiens__Q7Z2W7

<400> 669

Met Ser Phe Arg Ala Ala Arg Leu Ser Met Arg Asn Arg Arg Asn Asp
1 5 10 15

Thr Leu Asp Ser Thr Arg Thr Leu Tyr Ser Ser Ala Ser Arg Ser Thr
20 25 30

Asp Leu Ser Tyr Ser Glu Ser Asp Leu Val Asn Phe Ile Gln Ala Asn
35 40 45

Phe Lys Lys Arg Glu Cys Val Phe Phe Thr Lys Asp Ser Lys Ala Thr
50 55 60

Glu Asn Val Cys Lys Cys Gly Tyr Ala Gln Ser Gln His Met Glu Gly
65 70 75 80
Thr Gln Ile Asn Gln Ser Glu Lys Trp Asn Tyr Lys Lys His Thr Lys
85 90 95

Glu Phe Pro Thr Asp Ala Phe Gly Asp Ile Gln Phe Glu Thr Leu Gly
100 105 110
Lys Lys Gly Lys Tyr Ile Arg Leu Ser Cys Asp Thr Asp Ala Glu Ile
115 120 125
Leu Tyr Glu Leu Leu Thr Gln His Trp His Leu Lys Thr Pro Asn Leu
130 135 140
Val Ile Ser Val Thr Gly Gly Ala Lys Asn Phe Ala Leu Lys Pro Arg
145 150 155 160

Met Arg Lys Ile Phe Ser Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Gln Ser Lys Gly
165 170 175
Ala Trp Ile Leu Thr Gly Gly Thr His Tyr Gly Leu Met Lys Tyr Ile
180 185 190
Gly Glu Val Val Arg Asp Asn Thr Ile Ser Arg Ser Ser Glu Glu Asn
195 200 205
Ile Val Ala Ile Gly Ile Ala Ala Trp Gly Met Val Ser Asn Arg Asp
210 215 220

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

Thr Ile Gln Asp Ser Asn Tyr Gly Gly Lys Ile Pro Ile Val Cys Phe
290 295 300
Ala Gln Gly Gly Gly Lys Glu Thr Leu Lys Ala Ile Asn Thr Ser Ile

305 310 315 320

Lys Asn Lys Ile Pro Cys Val Val Val Glu Gly Ser Gly Gln Ile Ala

325 330 335

Asp Val Ile Ala Ser Leu Val Glu Val Glu Asp Ala Leu Thr Ser Ser

340 345 350

Ala Val Lys Glu Lys Leu Val Arg Phe Leu Pro Arg Thr Val Ser Arg

355 360 365

Leu Pro Glu Glu Glu Thr Glu Ser Trp Ile Lys Trp Leu Lys Glu Ile

370 375 380

Leu Glu Cys Ser His Leu Leu Thr Val Ile Lys Met Glu Glu Ala Gly

385 390 395 400

Asp Glu Ile Val Ser Asn Ala Ile Ser Tyr Ala Leu Tyr Lys Ala Phe

405 410 415

Ser Thr Ser Glu Gln Asp Lys Asp Asn Trp Asn Gly Gln Leu Lys Leu

420 425 430

Leu Leu Glu Trp Asn Gln Leu Asp Leu Ala Asn Asp Glu Ile Phe Thr

435 440 445

Asn Asp Arg Arg Trp Glu Ser Ala Asp Leu Gln Glu Val Met Phe Thr

450 455 460

Ala Leu Ile Lys Asp Arg Pro Lys Phe Val Arg Leu Phe Leu Glu Asn

465 470 475 480

Gly Leu Asn Leu Arg Lys Phe Leu Thr His Asp Val Leu Thr Glu Leu

485 490 495

Phe Ser Asn His Phe Ser Thr Leu Val Tyr Arg Asn Leu Gln Ile Ala

500 505 510

Lys Asn Ser Tyr Asn Asp Ala Leu Leu Thr Phe Val Trp Lys Leu Val

515 520 525

Ala Asn Phe Arg Arg Gly Phe Arg Lys Glu Asp Arg Asn Gly Arg Asp

530 535 540

Glu Met Asp Ile Glu Leu His Asp Val Ser Pro Ile Thr Arg His Pro

545 550 555 560

Leu Gln Ala Leu Phe Ile Trp Ala Ile Leu Gln Asn Lys Lys Glu Leu
565 570 575
Ser Lys Val Ile Trp Glu Gln Thr Arg Gly Cys Thr Leu Ala Ala Leu
580 585 590
Gly Ala Ser Lys Leu Leu Lys Thr Leu Ala Lys Val Lys Asn Asp Ile
595 600 605

Asn Ala Ala Gly Glu Ser Glu Glu Leu Ala Asn Glu Tyr Glu Thr Arg
610 615 620
Ala Val Glu Leu Phe Thr Glu Cys Tyr Ser Ser Asp Glu Asp Leu Ala
625 630 635 640
Glu Gln Leu Leu Val Tyr Ser Cys Glu Ala Trp Gly Gly Ser Asn Cys
645 650 655
Leu Glu Leu Ala Val Glu Ala Thr Asp Gln His Phe Ile Ala Gln Pro
660 665 670

Gly Val Gln Asn Phe Leu Ser Lys Gln Trp Tyr Gly Glu Ile Ser Arg
675 680 685
Asp Thr Lys Asn Trp Lys Ile Ile Leu Cys Leu Phe Ile Ile Pro Leu
690 695 700
Val Gly Cys Gly Phe Val Ser Phe Arg Lys Lys Pro Val Asp Lys His
705 710 715 720
Lys Lys Leu Leu Trp Tyr Tyr Val Ala Phe Phe Thr Ser Pro Phe Val
725 730 735

Val Phe Ser Trp Asn Val Val Phe Tyr Ile Ala Phe Leu Leu Leu Phe
740 745 750
Ala Tyr Val Leu Leu Met Asp Phe His Ser Val Pro His Pro Pro Glu
755 760 765
Leu Val Leu Tyr Ser Leu Val Phe Val Leu Phe Cys Asp Glu Val Arg
770 775 780
Gln Trp Tyr Val Asn Gly Val Asn Tyr Phe Thr Asp Leu Trp Asn Val
785 790 795 800

Met Asp Thr Leu Gly Leu Phe Tyr Phe Ile Ala Gly Ile Val Phe Arg

805 810 815

Leu His Ser Ser Asn Lys Ser Ser Leu Tyr Ser Gly Arg Val Ile Phe

820 825 830

Cys Leu Asp Tyr Ile Ile Phe Thr Leu Arg Leu Ile His Ile Phe Thr

835 840 845

Val Ser Arg Asn Leu Gly Pro Lys Ile Ile Met Leu Gln Arg Met Leu

850 855 860

Ile Asp Val Phe Phe Phe Leu Phe Leu Phe Ala Val Trp Met Val Ala

865 870 875 880

Phe Gly Val Ala Arg Gln Gly Ile Leu Arg Gln Asn Glu Gln Arg Trp

885 890 895

Arg Trp Ile Phe Arg Ser Val Ile Tyr Glu Pro Tyr Leu Ala Met Phe

900 905 910

Gly Gln Val Pro Ser Asp Val Asp Gly Thr Thr Tyr Asp Phe Ala His

915 920 925

Cys Thr Phe Thr Gly Asn Glu Ser Lys Pro Leu Cys Val Glu Leu Asp

930 935 940

Glu His Asn Leu Pro Arg Phe Pro Glu Trp Ile Thr Ile Pro Leu Val

945 950 955 960

Cys Ile Tyr Met Leu Ser Thr Asn Ile Leu Leu Val Asn Leu Leu Val

965 970 975

Ala Met Phe Gly Tyr Thr Val Gly Thr Val Gln Glu Asn Asn Asp Gln

980 985 990

Val Trp Lys Phe Gln Arg Tyr Phe Leu Val Gln Glu Tyr Cys Ser Arg

995 1000 1005

Leu Asn Ile Pro Phe Pro Phe Ile Val Phe Ala Tyr Phe Tyr Met

1010 1015 1020

Val Val Lys Lys Cys Phe Lys Cys Cys Cys Lys Glu Lys Asn Met

1025 1030 1035

Glu Ser Ser Val Cys Cys Phe Lys Asn Glu Asp Asn Glu Thr Leu

1040 1045 1050

Ala Trp Glu Gly Val Met Lys Glu Asn Tyr Leu Val Lys Ile Asn
1055 1060 1065
Thr Lys Ala Asn Asp Thr Ser Glu Glu Met Arg His Arg Phe Arg
1070 1075 1080
Gln Leu Asp Thr Lys Leu Asn Asp Leu Lys Gly Leu Leu Lys Glu
1085 1090 1095
Ile Ala Asn Lys Ile Lys
1100

<210> 670
<211> 698
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> TSG10__Homo_sapiens__Q9BZW7

<400> 670
Met Met Arg Ser Arg Ser Lys Ser Pro Arg Arg Pro Ser Pro Thr Ala
1 5 10 15
Arg Gly Ala Asn Cys Asp Val Glu Leu Leu Lys Thr Thr Thr Arg Asp
20 25 30
Arg Glu Glu Leu Lys Cys Met Leu Glu Lys Tyr Glu Arg His Leu Ala
35 40 45
Glu Ile Gln Gly Asn Val Lys Val Leu Lys Ser Glu Arg Asp Lys Ile
50 55 60

Phe Leu Leu Tyr Glu Gln Ala Gln Glu Glu Ile Thr Arg Leu Arg Arg
65 70 75 80
Glu Met Met Lys Ser Cys Lys Ser Pro Lys Ser Thr Thr Ala His Ala
85 90 95
Ile Leu Arg Arg Val Glu Thr Glu Arg Asp Val Ala Phe Thr Asp Leu
100 105 110
Arg Arg Met Thr Thr Glu Arg Asp Ser Leu Arg Glu Arg Leu Lys Ile
115 120 125

Ala Gln Glu Thr Ala Phe Asn Glu Lys Ala His Leu Glu Gln Arg Ile
130 135 140

Glu Glu Leu Glu Cys Thr Val His Asn Leu Asp Asp Glu Arg Met Glu
145 150 155 160
Gln Met Ser Asn Met Thr Leu Met Lys Glu Thr Ile Ser Thr Val Glu
165 170 175
Lys Glu Met Lys Ser Leu Ala Arg Lys Ala Met Asp Thr Glu Ser Glu
180 185 190

Leu Gly Arg Gln Lys Ala Glu Asn Asn Ser Leu Arg Leu Leu Tyr Glu
195 200 205
Asn Thr Glu Lys Asp Leu Ser Asp Thr Gln Arg His Leu Ala Lys Lys
210 215 220
Lys Tyr Glu Leu Gln Leu Thr Gln Glu Lys Ile Met Cys Leu Asp Glu
225 230 235 240
Lys Ile Asp Asn Phe Thr Arg Gln Asn Ile Ala Gln Arg Glu Glu Ile
245 250 255

Ser Ile Leu Gly Gly Thr Leu Asn Asp Leu Ala Lys Glu Lys Glu Cys
260 265 270
Leu Gln Ala Cys Leu Asp Lys Lys Ser Glu Asn Ile Ala Ser Leu Gly
275 280 285
Glu Ser Leu Ala Met Lys Glu Lys Thr Ile Ser Gly Met Lys Asn Ile
290 295 300
Ile Ala Glu Met Glu Gln Ala Ser Arg Gln Cys Thr Glu Ala Leu Ile
305 310 315 320

Val Cys Glu Gln Asp Val Ser Arg Met Arg Arg Gln Leu Asp Glu Thr
325 330 335
Asn Asp Glu Leu Ala Gln Ile Ala Arg Glu Arg Asp Ile Leu Ala His
340 345 350
Asp Asn Asp Asn Leu Gln Glu Gln Phe Ala Lys Ala Lys Gln Glu Asn
355 360 365
Gln Ala Leu Ser Lys Lys Leu Asn Asp Thr His Asn Glu Leu Asn Asp
370 375 380

Ile Lys Gln Lys Val Gln Asp Thr Asn Leu Glu Val Asn Lys Leu Lys

385 390 395 400

Asn Ile Leu Lys Ser Glu Glu Ser Glu Asn Arg Gln Met Met Glu Gln

405 410 415

Leu Arg Lys Ala Asn Glu Asp Ala Glu Asn Trp Glu Asn Lys Ala Arg

420 425 430

Gln Ser Glu Ala Asp Asn Asn Thr Leu Lys Leu Glu Leu Ile Thr Ala

435 440 445

Glu Ala Glu Gly Asn Arg Leu Lys Glu Lys Val Asp Ser Leu Asn Arg

450 455 460

Glu Val Glu Gln His Leu Asn Ala Glu Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Ile

465 470 475 480

Ser Thr Leu His Lys Ser Val Val Lys Met Glu Glu Glu Leu Gln Lys

485 490 495

Val Gln Phe Glu Lys Val Ser Ala Leu Ala Asp Leu Ser Ser Thr Arg

500 505 510

Glu Leu Cys Ile Lys Leu Asp Ser Ser Lys Glu Leu Leu Asn Arg Gln

515 520 525

Leu Val Ala Lys Asp Gln Glu Ile Glu Met Arg Glu Asn Glu Leu Asp

530 535 540

Ser Ala His Ser Glu Ile Glu Leu Leu Arg Ser Gln Met Ala Asn Glu

545 550 555 560

Arg Ile Ser Met Gln Asn Leu Glu Ala Leu Leu Val Ala Asn Arg Asp

565 570 575

Lys Glu Tyr Gln Ser Gln Ile Ala Leu Gln Glu Lys Glu Ser Glu Ile

580 585 590

Gln Leu Leu Lys Glu His Leu Cys Leu Ala Glu Asn Lys Met Ala Ile

595 600 605

Gln Ser Arg Asp Val Ala Gln Phe Arg Asn Val Val Thr Gln Leu Glu

610 615 620

Ala Asp Leu Asp Ile Thr Lys Arg Gln Leu Gly Thr Glu Arg Phe Glu

625 630 635 640

Arg Glu Arg Ala Val Gln Glu Leu Arg Arg Gln Asn Tyr Ser Ser Asn
645 650 655
Ala Tyr His Met Ser Ser Thr Met Lys Pro Asn Thr Lys Cys His Ser
660 665 670
Pro Glu Arg Ala His His Arg Ser Pro Asp Arg Gly Leu Asp Arg Ser
675 680 685
Leu Glu Glu Asn Leu Cys Tyr Arg Asp Phe
690 695

<210> 671

<211> 308

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TSPY1__Homo_sapiens__Q01534

<400> 671

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

Leu Asp Arg Arg Gly Ala Val Ile Gln Ser Val Pro Gly Phe Trp Ala
145 150 155 160
Asn Val Ile Ala Asn His Pro Gln Met Ser Ala Leu Ile Thr Asp Glu
165 170 175
Asp Glu Asp Met Leu Ser Tyr Met Val Ser Leu Glu Val Gly Glu Glu

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

245 250 255
Phe Phe Asn Trp Phe Ser Asp His Asn Phe Ala Gly Ser Asn Lys Ile
260 265 270
Ala Glu Ile Leu Cys Lys Asp Leu Trp Arg Asn Pro Leu Gln Tyr Tyr
275 280 285
Lys Arg Met Lys Pro Pro Glu Glu Gly Thr Glu Thr Ser Gly Asp Ser
290 295 300
Gln Leu Leu Ser
305
<210> 672
<211> 122

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> TVC_(TRGV3)__Homo_sapiens__M13231.1
<400> 672
Met Arg Trp Ala Leu Leu Val Leu Leu Ala Phe Leu Ser Pro Ala Ser
1 5 10 15
Gln Lys Ser Ser Asn Leu Glu Gly Arg Thr Lys Ser Val Thr Arg Gln
20 25 30

Thr Gly Ser Ser Ala Glu Ile Thr Cys Asp Leu Thr Val Thr Asn Thr
35 40 45
Phe Tyr Ile His Trp Tyr Leu His Gln Glu Gly Lys Ala Pro Gln Arg

50 55 60
Leu Leu Tyr Tyr Asp Val Ser Thr Ala Arg Asp Val Leu Glu Ser Gly
65 70 75 80
Leu Ser Pro Gly Lys Tyr Tyr Thr His Thr Pro Arg Arg Trp Ser Trp
85 90 95
Ile Leu Arg Leu Gln Asn Leu Ile Glu Asn Asp Ser Gly Val Tyr Tyr
100 105 110
Cys Ala Thr Trp Asp Arg Gln Lys Leu Leu
115 120

<210> 673
<211> 267
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> TX101__Homo_sapiens__Q9BY14-2
<400> 673
Met Gly Ala Arg Gln Ile Gln Thr Ser Ser Ser Gln Thr Ser Pro Glu
1 5 10 15
Glu Ala Met Gly Thr Pro Arg Ile Gln His Leu Leu Ile Leu Leu Val
20 25 30
Leu Gly Ala Ser Leu Leu Thr Ser Gly Leu Glu Leu Tyr Cys Gln Lys
35 40 45

Gly Leu Ser Met Thr Val Glu Ala Asp Pro Ala Asn Met Phe Asn Trp
50 55 60
Thr Thr Glu Glu Val Glu Thr Cys Asp Lys Gly Ala Leu Cys Gln Glu
65 70 75 80
Thr Ile Leu Ile Ile Lys Ala Gly Thr Glu Thr Ala Ile Leu Ala Thr
85 90 95
Lys Gly Cys Ile Pro Glu Gly Glu Glu Ala Ile Thr Ile Val Gln His

100 105 110

Ser Ser Pro Pro Gly Leu Ile Val Thr Ser Tyr Ser Asn Tyr Cys Glu
115 120 125
Asp Ser Phe Cys Asn Asp Lys Asp Ser Leu Ser Gln Phe Trp Glu Phe
130 135 140
Ser Glu Thr Thr Ala Ser Thr Val Ser Thr Thr Leu His Cys Pro Thr
145 150 155 160
Cys Val Ala Leu Gly Thr Cys Phe Ser Ala Pro Ser Leu Pro Cys Pro
165 170 175

Asn Gly Thr Thr Arg Cys Tyr Gln Gly Lys Leu Glu Ile Thr Gly Gly
180 185 190
Gly Ile Glu Ser Ser Val Glu Val Lys Gly Cys Thr Ala Met Ile Gly
195 200 205
Cys Arg Leu Met Ser Gly Ile Leu Ala Val Gly Pro Met Phe Val Arg
210 215 220
Glu Ala Cys Pro His Gln Leu Leu Thr Gln Pro Arg Lys Thr Glu Asn
225 230 235 240

Gly Ala Thr Cys Leu Pro Ile Pro Val Trp Gly Leu Gln Leu Leu Leu
245 250 255
Pro Leu Leu Leu Pro Ser Phe Ile His Phe Ser
260 265

<210> 674
<211> 529
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__A0A024DBG7
<400> 674
Met Leu Leu Ala Val Leu Tyr Cys Leu Leu Trp Ser Phe Gln Thr Ser
1 5 10 15
Ala Gly His Phe Pro Arg Ala Cys Val Ser Ser Lys Asn Leu Met Glu

20 25 30

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

85 90 95
Gly Phe Asn Cys Gly Asn Cys Lys Phe Gly Phe Trp Gly Pro Asn Cys
100 105 110
Thr Glu Arg Arg Leu Leu Val Arg Arg Asn Ile Phe Asp Leu Ser Ala
115 120 125
Pro Glu Lys Asp Lys Phe Phe Ala Tyr Leu Thr Leu Ala Lys His Thr
130 135 140
Ile Ser Ser Asp Tyr Val Ile Pro Ile Gly Thr Tyr Gly Gln Met Lys

145 150 155 160
Asn Gly Ser Thr Pro Met Phe Asn Asp Ile Asn Ile Tyr Asp Leu Phe
165 170 175
Val Trp Met His Tyr Tyr Val Ser Met Asp Ala Leu Leu Gly Gly Ser
180 185 190
Glu Ile Trp Arg Asp Ile Asp Phe Ala His Glu Ala Pro Ala Phe Leu
195 200 205
Pro Trp His Arg Leu Phe Leu Leu Arg Trp Glu Gln Glu Ile Gln Lys

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

275 280 285

Cys Asn Gly Thr Pro Glu Gly Pro Leu Arg Arg Asn Pro Gly Asn His

290 295 300

Asp Lys Ser Arg Thr Pro Arg Leu Pro Ser Ser Ala Asp Val Glu Phe

305 310 315 320

Cys Leu Ser Leu Thr Gln Tyr Glu Ser Gly Ser Met Asp Lys Ala Ala

325 330 335

Asn Phe Ser Phe Arg Asn Thr Leu Glu Gly Phe Ala Ser Pro Leu Thr

340 345 350

Gly Ile Ala Asp Ala Ser Gln Ser Ser Met His Asn Ala Leu His Ile

355 360 365

Tyr Met Asn Gly Thr Met Ser Gln Val Gln Gly Ser Ala Asn Asp Pro

370 375 380

Ile Phe Leu Leu His His Ala Phe Val Asp Ser Ile Phe Glu Gln Trp

385 390 395 400

Leu Arg Arg His Arg Pro Leu Gln Glu Val Tyr Pro Glu Ala Asn Ala

405 410 415

Pro Ile Arg His Asn Arg Glu Ser Tyr Met Val Pro Phe Ile Pro Leu

420 425 430

Tyr Arg Asn Gly Asp Phe Phe Ile Ser Ser Lys Asp Leu Gly Tyr Asp

435 440 445

Tyr Ser Tyr Leu Gln Asp Ser Asp Pro Asp Ser Phe Gln Asp Tyr Ile

450 455 460

Lys Ser Tyr Leu Glu Gln Ala Ser Arg Ile Trp Ser Trp Leu Leu Gly

465 470 475 480

Ala Ala Met Val Gly Ala Val Leu Thr Ala Leu Leu Ala Gly Leu Val

485 490 495

Ser Leu Leu Cys Arg His Lys Arg Lys Gln Leu Pro Glu Glu Lys Gln

500 505 510

Pro Leu Leu Met Glu Lys Glu Asp Tyr His Ser Leu Tyr Gln Ser His

515 520 525

Leu

<210> 675

<211> 529

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__L8B082

<400> 675

Met Leu Leu Ala Val Leu Tyr Cys Leu Leu Trp Ser Phe Gln Thr Ser
1 5 10 15

Ala Gly His Phe Pro Arg Ala Cys Val Ser Ser Lys Asn Leu Met Glu
20 25 30

Lys Glu Cys Cys Pro Pro Trp Ser Gly Asp Arg Ser Pro Cys Gly Gln
35 40 45

Leu Ser Gly Arg Gly Ser Cys Gln Asn Ile Leu Leu Ser Asn Ala Pro

50 55 60

Leu Gly Pro Gln Phe Pro Phe Thr Gly Val Asp Asp Arg Glu Ser Trp
65 70 75 80

Pro Ser Val Phe Tyr Asn Arg Thr Cys Gln Cys Ser Gly Asn Phe Met
85 90 95

Gly Phe Asn Cys Gly Asn Cys Lys Phe Gly Phe Trp Gly Pro Asn Cys
100 105 110

Thr Glu Arg Arg Leu Leu Val Arg Arg Asn Ile Phe Asp Leu Ser Ala

115 120 125

Pro Glu Lys Asp Lys Phe Phe Ala Tyr Leu Thr Leu Ala Lys His Thr
130 135 140

Ile Ser Ser Asp Tyr Val Ile Pro Ile Gly Thr Tyr Gly Gln Met Lys
145 150 155 160

Asn Gly Ser Thr Pro Met Phe Asn Asp Ile Asn Ile Tyr Asp Leu Phe
165 170 175

Val Trp Met His Tyr Tyr Val Ser Met Asp Ala Leu Leu Gly Gly Ser

180 185 190

Glu Ile Trp Arg Asp Ile Asp Phe Ala His Glu Ala Pro Ala Phe Leu

195 200 205

Pro Trp His Arg Leu Phe Leu Leu Arg Trp Glu Gln Glu Ile Gln Lys

210 215 220

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

225 230 235 240

Ala Glu Lys Cys Asp Ile Cys Thr Asp Glu Tyr Met Gly Gly Gln His

245 250 255

Pro Thr Asn Pro Asn Leu Leu Ser Pro Ala Ser Phe Phe Ser Ser Trp

260 265 270

Gln Ile Val Cys Ser Arg Leu Glu Glu Tyr Asn Ser His Gln Ser Leu

275 280 285

Cys Asn Gly Thr Pro Glu Gly Pro Leu Arg Arg Asn Pro Gly Asn His

290 295 300

Asp Lys Ser Arg Thr Pro Arg Leu Pro Ser Ser Ala Asp Val Glu Phe

305 310 315 320

Cys Leu Ser Leu Thr Gln Tyr Glu Ser Gly Ser Met Asp Lys Ala Ala

325 330 335

Asn Phe Ser Phe Arg Asn Thr Leu Glu Gly Phe Ala Ser Pro Leu Thr

340 345 350

Gly Ile Ala Asp Ala Ser Gln Ser Ser Met His Asn Ala Leu His Ile

355 360 365

Tyr Met Asn Gly Thr Met Ser Gln Val Gln Gly Ser Ala Asn Asp Pro

370 375 380

Ile Phe Leu Leu His His Ala Phe Val Asp Ser Ile Phe Glu Gln Trp

385 390 395 400

Leu Arg Arg His Arg Pro Leu Gln Glu Val Tyr Pro Glu Ala Asn Ala

405 410 415

Pro Ile Gly His Asn Arg Glu Ser Tyr Met Val Pro Phe Ile Pro Leu

420 425 430

Tyr Arg Asn Gly Asp Phe Phe Ile Ser Ser Lys Asp Leu Gly Tyr Asp

435 440 445

Tyr Ser Tyr Leu Gln Asp Ser Asp Pro Asp Ser Phe Gln Asp Tyr Ile

450 455 460

Lys Ser Tyr Leu Glu Gln Ala Ser Arg Ile Trp Ser Trp Leu Leu Gly

465 470 475 480

Ala Ala Met Val Gly Ala Val Leu Thr Ala Leu Leu Ala Gly Leu Val

485 490 495

Ser Leu Leu Cys Arg His Lys Arg Lys Gln Leu Pro Glu Glu Lys Gln

500 505 510

Pro Leu Leu Met Glu Lys Glu Asp Tyr His Ser Leu Tyr Gln Ser His

515 520 525

Leu

<210> 676

<211> 529

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__L8B086

<400> 676

Met Leu Leu Ala Val Leu Tyr Cys Leu Leu Trp Ser Phe Gln Thr Ser

1 5 10 15

Ala Gly His Phe Pro Arg Ala Cys Val Ser Ser Lys Asn Leu Met Glu

20 25 30

Lys Glu Cys Cys Pro Pro Trp Ser Gly Asp Arg Ser Pro Cys Gly Gln

35 40 45

Leu Ser Gly Arg Gly Ser Cys Gln Asn Ile Leu Leu Ser Asn Ala Pro

50 55 60

Leu Gly Pro Gln Phe Pro Phe Thr Gly Val Asp Asp Arg Glu Ser Trp

65 70 75 80

Pro Ser Val Phe Tyr Asn Arg Thr Cys Gln Cys Ser Gly Asn Phe Met

85 90 95

Gly Phe Asn Cys Gly Asn Cys Lys Phe Gly Phe Trp Gly Pro Asn Cys

100 105 110

Thr Glu Arg Arg Leu Leu Val Arg Arg Asn Ile Phe Asp Leu Ser Ala

115 120 125

Pro Glu Lys Asp Lys Phe Phe Ala Tyr Leu Thr Leu Ala Lys His Thr

130 135 140

Ile Ser Ser Asp Tyr Val Ile Pro Ile Gly Thr Tyr Gly Gln Met Lys

145 150 155 160

Asn Gly Ser Thr Pro Met Phe Asn Asp Ile Asn Ile Tyr Asp Leu Phe

165 170 175

Val Trp Met His Tyr Tyr Val Ser Met Asp Ala Leu Leu Gly Gly Ser

180 185 190

Glu Ile Trp Arg Asp Ile Asp Phe Ala His Glu Ala Pro Ala Phe Leu

195 200 205

Pro Trp His Arg Leu Phe Leu Leu Arg Trp Glu Gln Glu Ile Gln Lys

210 215 220

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

225 230 235 240

Ala Glu Lys Cys Asp Ile Cys Thr Asp Glu Tyr Met Gly Gly Gln His

245 250 255

Pro Thr Asn Pro Asn Leu Leu Ser Pro Ala Ser Phe Phe Ser Ser Trp

260 265 270

Gln Ile Val Cys Ser Arg Leu Glu Glu Tyr Asn Ser His Gln Ser Leu

275 280 285

Cys Asn Gly Thr Pro Glu Gly Pro Leu Arg Arg Asn Pro Gly Asn His

290 295 300

Asp Lys Ser Arg Thr Pro Arg Leu Pro Ser Ser Ala Asp Val Glu Phe

305 310 315 320

Cys Leu Ser Leu Thr Gln Tyr Glu Ser Gly Ser Met Asp Lys Ala Ala

325 330 335

Asn Phe Ser Phe Arg Asn Thr Leu Glu Gly Phe Ala Ser Pro Leu Thr

340 345 350

Gly Ile Ala Asp Ala Ser Gln Ser Ser Met His Asn Ala Leu His Ile

355 360 365

Tyr Met Asn Gly Thr Met Ser Gln Val Gln Gly Ser Ala Asn Asp Pro
370 375 380
Ile Phe Leu Leu His His Ala Phe Val Asp Ser Ile Phe Glu Gln Trp
385 390 395 400
Leu Gln Arg His Arg Pro Leu Gln Glu Val Tyr Pro Glu Ala Asn Ala

405 410 415
Pro Ile Gly His Asn Arg Glu Ser Tyr Met Val Pro Phe Ile Pro Leu
420 425 430
Tyr Arg Asn Gly Asp Phe Phe Ile Ser Ser Lys Asp Leu Gly Tyr Asp
435 440 445
Tyr Ser Tyr Leu Gln Asp Ser Asp Pro Asp Ser Phe Gln Asp Tyr Ile
450 455 460
Lys Ser Tyr Leu Glu Gln Ala Ser Arg Ile Trp Ser Trp Leu Leu Gly

465 470 475 480
Ala Ala Met Val Gly Ala Val Leu Thr Ala Leu Leu Ala Gly Leu Val
485 490 495
Ser Leu Leu Cys Arg His Lys Arg Lys Gln Leu Pro Glu Glu Lys Gln
500 505 510
Pro Leu Leu Met Glu Lys Glu Asp Tyr His Ser Leu Tyr Gln Ser His
515 520 525
Leu
<210> 677
<211> 529
<212> PRT
<213
> Artificial Sequence
<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__L8B0B9
<400> 677
Met Leu Leu Ala Val Leu Tyr Cys Leu Leu Trp Ser Phe Gln Thr Ser
1 5 10 15
Ala Gly His Phe Pro Arg Ala Cys Val Ser Ser Lys Asn Leu Met Glu
20 25 30
Lys Glu Cys Cys Pro Pro Trp Ser Gly Asp Arg Ser Pro Cys Gly Gln

35 40 45

Leu Ser Gly Arg Gly Ser Cys Gln Asn Ile Leu Leu Ser Asn Ala Pro

50 55 60

Leu Gly Pro Gln Phe Pro Phe Thr Gly Val Asp Asp Arg Glu Ser Trp

65 70 75 80

Pro Ser Val Phe Tyr Asn Arg Thr Cys Gln Cys Ser Gly Asn Phe Met

85 90 95

Gly Phe Asn Cys Gly Asn Cys Lys Phe Gly Phe Trp Gly Pro Asn Cys

100 105 110

Thr Glu Arg Arg Leu Leu Val Arg Arg Asn Ile Phe Asp Leu Ser Ala

115 120 125

Pro Glu Lys Asp Lys Phe Phe Ala Tyr Leu Thr Leu Ala Lys His Thr

130 135 140

Ile Ser Ser Asp Tyr Val Ile Pro Ile Gly Thr Tyr Gly Gln Met Lys

145 150 155 160

Asn Gly Ser Thr Pro Met Phe Asn Asp Ile Asn Ile Tyr Asp Leu Phe

165 170 175

Val Trp Met His Tyr Tyr Val Ser Met Asp Ala Leu Leu Gly Gly Tyr

180 185 190

Glu Ile Trp Arg Asp Ile Asp Phe Ala His Glu Ala Pro Ala Phe Leu

195 200 205

Pro Trp His Arg Leu Phe Leu Leu Arg Trp Glu Gln Glu Ile Gln Lys

210 215 220

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

225 230 235 240

Ala Glu Lys Cys Asp Ile Cys Thr Asp Glu Tyr Met Gly Gly Gln His

245 250 255

Pro Thr Asn Pro Asn Leu Leu Ser Pro Ala Ser Phe Phe Ser Ser Trp

260 265 270

Gln Ile Val Cys Ser Arg Leu Glu Glu Tyr Asn Ser His Gln Ser Leu

275 280 285

Cys Asn Gly Thr Pro Glu Gly Pro Leu Arg Arg Asn Pro Gly Asn His

290 295 300

Asp Lys Ser Arg Thr Pro Arg Leu Pro Ser Ser Ala Asp Val Glu Phe

305 310 315 320

Cys Leu Ser Leu Thr Gln Tyr Glu Ser Gly Ser Met Asp Lys Ala Ala

325 330 335

Asn Phe Ser Phe Arg Asn Thr Leu Glu Gly Phe Ala Ser Pro Leu Thr

340 345 350

Gly Ile Ala Asp Ala Ser Gln Ser Ser Met His Asn Ala Leu His Ile

355 360 365

Tyr Met Asn Gly Thr Met Ser Gln Val Gln Gly Ser Ala Asn Asp Pro

370 375 380

Ile Phe Leu Leu His His Ala Phe Val Asp Ser Ile Phe Glu Gln Trp

385 390 395 400

Leu Arg Arg His Arg Pro Leu Gln Glu Val Tyr Pro Glu Ala Asn Ala

405 410 415

Pro Ile Gly His Asn Arg Glu Ser Tyr Met Val Pro Phe Ile Pro Leu

420 425 430

Tyr Arg Asn Gly Asp Phe Phe Ile Ser Ser Lys Asp Leu Gly Tyr Asp

435 440 445

Tyr Ser Tyr Leu Gln Asp Ser Asp Pro Asp Ser Phe Gln Asp Tyr Ile

450 455 460

Lys Ser Tyr Leu Glu Gln Ala Ser Arg Ile Trp Ser Trp Leu Leu Gly

465 470 475 480

Ala Ala Met Val Gly Ala Val Leu Thr Ala Leu Leu Ala Gly Leu Val

485 490 495

Ser Leu Leu Cys Arg His Lys Arg Lys Gln Leu Pro Glu Glu Lys Gln

500 505 510

Pro Leu Leu Met Glu Lys Glu Asp Tyr His Ser Leu Tyr Gln Ser His

515 520 525

Leu

<210> 678

<211> 237

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__O75767

<400> 678

Met Ser Pro Leu Trp Trp Gly Phe Leu Leu Ser Cys Leu Gly Cys Lys
1 5 10 15

Ile Leu Pro Gly Ala Gln Gly Gln Phe Pro Arg Val Cys Met Thr Val

20 25 30

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

Ala Asn Val Cys Gly Ser Gln Gln Gly Arg Gly Gln Cys Thr Glu Val
50 55 60

Arg Ala Asp Thr Arg Pro Trp Ser Gly Pro Tyr Ile Leu Arg Asn Gln
65 70 75 80

Asp Asp Arg Glu Leu Trp Pro Arg Lys Phe Phe His Arg Thr Cys Lys

85 90 95

Cys Thr Gly Asn Phe Ala Gly Tyr Asn Cys Gly Asp Cys Lys Phe Gly
100 105 110

Trp Thr Gly Pro Asn Cys Glu Arg Lys Lys Pro Pro Val Ile Arg Gln
115 120 125

Asn Ile His Ser Leu Ser Pro Gln Glu Arg Glu Gln Phe Leu Gly Ala
130 135 140

Leu Asp Leu Ala Lys Lys Arg Val His Pro Asp Tyr Val Ile Thr Thr

145 150 155 160

Gln His Trp Val Gly Leu Leu Gly Pro Asn Gly Thr Gln Pro Gln Phe
165 170 175

Ala Asn Cys Ser Val Tyr Asp Phe Phe Val Trp Leu His Tyr Tyr Ser
180 185 190

Val Arg Asp Thr Leu Leu Gly Gly Phe Phe Pro Trp Leu Lys Val Tyr
195 200 205

Tyr Tyr Arg Phe Val Ile Gly Leu Arg Val Trp Gln Trp Glu Val Ile

210 215 220

Ser Cys Lys Leu Ile Lys Arg Ala Thr Thr Arg Gln Pro

225 230 235

<210> 679

<211> 529

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__P14679

<400> 679

Met Leu Leu Ala Val Leu Tyr Cys Leu Leu Trp Ser Phe Gln Thr Ser

1 5 10 15

Ala Gly His Phe Pro Arg Ala Cys Val Ser Ser Lys Asn Leu Met Glu

20 25 30

Lys Glu Cys Cys Pro Pro Trp Ser Gly Asp Arg Ser Pro Cys Gly Gln

35 40 45

Leu Ser Gly Arg Gly Ser Cys Gln Asn Ile Leu Leu Ser Asn Ala Pro

50 55 60

Leu Gly Pro Gln Phe Pro Phe Thr Gly Val Asp Asp Arg Glu Ser Trp

65 70 75 80

Pro Ser Val Phe Tyr Asn Arg Thr Cys Gln Cys Ser Gly Asn Phe Met

85 90 95

Gly Phe Asn Cys Gly Asn Cys Lys Phe Gly Phe Trp Gly Pro Asn Cys

100 105 110

Thr Glu Arg Arg Leu Leu Val Arg Arg Asn Ile Phe Asp Leu Ser Ala

115 120 125

Pro Glu Lys Asp Lys Phe Phe Ala Tyr Leu Thr Leu Ala Lys His Thr

130 135 140

Ile Ser Ser Asp Tyr Val Ile Pro Ile Gly Thr Tyr Gly Gln Met Lys

145 150 155 160

Asn Gly Ser Thr Pro Met Phe Asn Asp Ile Asn Ile Tyr Asp Leu Phe

165 170 175

Val Trp Met His Tyr Tyr Val Ser Met Asp Ala Leu Leu Gly Gly Ser

180 185 190

Glu Ile Trp Arg Asp Ile Asp Phe Ala His Glu Ala Pro Ala Phe Leu

195 200 205

Pro Trp His Arg Leu Phe Leu Leu Arg Trp Glu Gln Glu Ile Gln Lys

210 215 220

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

225 230 235 240

Ala Glu Lys Cys Asp Ile Cys Thr Asp Glu Tyr Met Gly Gly Gln His

245 250 255

Pro Thr Asn Pro Asn Leu Leu Ser Pro Ala Ser Phe Phe Ser Ser Trp

260 265 270

Gln Ile Val Cys Ser Arg Leu Glu Glu Tyr Asn Ser His Gln Ser Leu

275 280 285

Cys Asn Gly Thr Pro Glu Gly Pro Leu Arg Arg Asn Pro Gly Asn His

290 295 300

Asp Lys Ser Arg Thr Pro Arg Leu Pro Ser Ser Ala Asp Val Glu Phe

305 310 315 320

Cys Leu Ser Leu Thr Gln Tyr Glu Ser Gly Ser Met Asp Lys Ala Ala

325 330 335

Asn Phe Ser Phe Arg Asn Thr Leu Glu Gly Phe Ala Ser Pro Leu Thr

340 345 350

Gly Ile Ala Asp Ala Ser Gln Ser Ser Met His Asn Ala Leu His Ile

355 360 365

Tyr Met Asn Gly Thr Met Ser Gln Val Gln Gly Ser Ala Asn Asp Pro

370 375 380

Ile Phe Leu Leu His His Ala Phe Val Asp Ser Ile Phe Glu Gln Trp

385 390 395 400

Leu Arg Arg His Arg Pro Leu Gln Glu Val Tyr Pro Glu Ala Asn Ala

405 410 415

Pro Ile Gly His Asn Arg Glu Ser Tyr Met Val Pro Phe Ile Pro Leu
420 425 430

Tyr Arg Asn Gly Asp Phe Phe Ile Ser Ser Lys Asp Leu Gly Tyr Asp
435 440 445

Tyr Ser Tyr Leu Gln Asp Ser Asp Pro Asp Ser Phe Gln Asp Tyr Ile
450 455 460

Lys Ser Tyr Leu Glu Gln Ala Ser Arg Ile Trp Ser Trp Leu Leu Gly
465 470 475 480

Ala Ala Met Val Gly Ala Val Leu Thr Ala Leu Leu Ala Gly Leu Val
485 490 495

Ser Leu Leu Cys Arg His Lys Arg Lys Gln Leu Pro Glu Glu Lys Gln
500 505 510

Pro Leu Leu Met Glu Lys Glu Asp Tyr His Ser Leu Tyr Gln Ser His
515 520 525

Leu

<210> 680

<211> 529

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__U3M8N0

<400> 680

Met Leu Leu Ala Val Leu Tyr Cys Leu Leu Trp Ser Phe Gln Thr Ser
1 5 10 15

Ala Gly His Phe Pro Arg Ala Cys Val Ser Ser Lys Asn Leu Met Glu
20 25 30

Lys Glu Cys Cys Pro Pro Trp Ser Gly Asp Arg Ser Pro Cys Gly Gln
35 40 45

Leu Ser Gly Arg Gly Ser Cys Gln Asn Ile Leu Leu Ser Asn Ala Pro
50 55 60

Leu Gly Pro Gln Phe Pro Phe Thr Gly Val Asp Asp Arg Glu Ser Trp
65 70 75 80

Pro Ser Val Phe Tyr Asn Arg Thr Cys Gln Cys Ser Gly Asn Phe Met

85 90 95

Gly Phe Asn Cys Gly Asn Cys Lys Phe Gly Phe Trp Gly Pro Asn Cys

100 105 110

Thr Glu Arg Arg Leu Leu Val Arg Arg Asn Ile Phe Asp Leu Ser Ala

115 120 125

Pro Glu Lys Asp Lys Phe Phe Ala Tyr Leu Thr Leu Ala Lys His Thr

130 135 140

Ile Ser Ser Asp Tyr Val Ile Pro Ile Gly Thr Tyr Gly Gln Met Lys

145 150 155 160

Asn Gly Ser Thr Pro Met Phe Asn Asp Ile Asn Ile Tyr Asp Leu Phe

165 170 175

Val Trp Met His Tyr Tyr Val Ser Met Asp Ala Leu Leu Gly Gly Ser

180 185 190

Glu Ile Trp Arg Asp Ile Asp Phe Ala His Glu Ala Pro Ala Phe Leu

195 200 205

Pro Trp His Arg Leu Phe Leu Leu Arg Trp Glu Gln Glu Ile Gln Lys

210 215 220

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

225 230 235 240

Ala Glu Lys Cys Asp Ile Cys Thr Asp Glu Tyr Val Gly Gly Gln His

245 250 255

Pro Thr Asn Pro Asn Leu Leu Ser Pro Ala Ser Phe Phe Ser Ser Trp

260 265 270

Gln Ile Val Cys Ser Arg Leu Glu Glu Tyr Asn Ser His Gln Ser Leu

275 280 285

Cys Asn Gly Thr Pro Glu Gly Pro Leu Arg Arg Asn Pro Gly Asn His

290 295 300

Asp Lys Ser Arg Thr Pro Arg Leu Pro Ser Ser Ala Asp Val Glu Phe

305 310 315 320

Cys Leu Ser Leu Thr Gln Tyr Glu Ser Gly Ser Met Asp Lys Ala Ala

325 330 335

Asn Phe Ser Phe Arg Asn Thr Leu Glu Gly Phe Ala Ser Pro Leu Thr
340 345 350
Gly Ile Ala Asp Ala Ser Gln Ser Ser Met His Asn Ala Leu His Ile
355 360 365
Tyr Met Asn Gly Thr Met Ser Gln Val Gln Gly Ser Ala Asn Asp Pro
370 375 380

Ile Phe Leu Leu His His Ala Phe Val Asp Ser Ile Phe Glu Gln Trp
385 390 395 400
Leu Arg Arg His Arg Pro Leu Gln Glu Val Tyr Pro Glu Ala Asn Ala
405 410 415
Pro Ile Gly His Asn Arg Glu Ser Tyr Met Val Pro Phe Ile Pro Leu
420 425 430
Tyr Arg Asn Gly Asp Phe Phe Ile Ser Ser Lys Asp Leu Gly Tyr Asp
435 440 445

Tyr Ser Tyr Leu Gln Asp Ser Asp Pro Asp Ser Phe Gln Asp Tyr Ile
450 455 460
Lys Ser Tyr Leu Glu Gln Ala Ser Arg Ile Trp Ser Trp Leu Leu Gly
465 470 475 480
Ala Ala Met Val Gly Ala Val Leu Thr Ala Leu Leu Ala Gly Leu Val
485 490 495
Ser Leu Leu Cys Arg His Lys Arg Lys Gln Leu Pro Glu Glu Lys Gln
500 505 510

Pro Leu Leu Met Glu Lys Glu Asp Tyr His Ser Leu Tyr Gln Ser His
515 520 525
Leu

<210> 681
<211> 529
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__U3M9D5
<400> 681
Met Leu Leu Ala Val Leu Tyr Cys Leu Leu Trp Ser Phe Gln Thr Ser

1 5 10 15

Ala Gly His Phe Pro Arg Ala Cys Val Ser Ser Lys Asn Leu Met Glu

20 25 30

Lys Glu Cys Cys Pro Pro Trp Ser Gly Asp Arg Ser Pro Cys Gly Gln

35 40 45

Leu Ser Gly Arg Gly Ser Cys Gln Asn Ile Leu Leu Ser Asn Ala Pro

50 55 60

Leu Gly Pro Gln Phe Pro Phe Thr Gly Val Asp Asp Arg Glu Ser Trp

65 70 75 80

Pro Ser Val Phe Tyr Asn Arg Thr Cys Gln Cys Ser Gly Asn Phe Met

85 90 95

Gly Phe Asn Cys Gly Asn Cys Lys Phe Gly Phe Trp Gly Pro Asn Cys

100 105 110

Thr Glu Arg Arg Leu Leu Val Arg Arg Asn Ile Phe Asp Leu Ser Ala

115 120 125

Pro Glu Lys Asp Lys Phe Phe Ala Tyr Leu Thr Leu Ala Lys His Thr

130 135 140

Ile Ser Ser Asp Tyr Val Ile Pro Ile Gly Thr Tyr Gly Gln Met Lys

145 150 155 160

Asn Gly Ser Thr Pro Met Phe Asn Asp Ile Asn Ile Tyr Asp Leu Phe

165 170 175

Val Trp Met His Tyr Tyr Val Ser Met Asp Ala Leu Leu Gly Gly Ser

180 185 190

Glu Ile Trp Arg Asp Ile Asp Phe Ala His Glu Ala Pro Ala Phe Leu

195 200 205

Pro Trp His Arg Leu Phe Leu Leu Arg Trp Glu Gln Glu Ile Gln Lys

210 215 220

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

225 230 235 240

Ala Glu Lys Cys Asp Ile Cys Thr Asp Glu Tyr Met Gly Gly Gln His

245 250 255

Pro Thr Asn Pro Asn Leu Leu Ser Pro Ala Ser Phe Phe Ser Ser Trp
260 265 270
Gln Ile Val Cys Ser Arg Leu Glu Glu Tyr Asn Ser His Gln Ser Leu
275 280 285

Cys Asn Gly Thr Pro Glu Gly Pro Leu Arg Arg Asn Pro Gly Asn His
290 295 300
Asp Lys Ser Arg Thr Pro Arg Leu Pro Ser Ser Ala Asp Val Glu Phe
305 310 315 320
Cys Leu Ser Leu Thr Gln Tyr Glu Ser Gly Ser Met Asp Lys Ala Ala
325 330 335
Asn Phe Ser Phe Arg Asn Thr Leu Glu Gly Phe Ala Ser Pro Leu Thr
340 345 350

Gly Ile Ala Asp Ala Ser Gln Ser Ser Met His Asn Ala Leu His Ile
355 360 365
Tyr Met Asn Gly Thr Met Ser Gln Val Gln Gly Ser Ala Asn Asp Pro
370 375 380
Ile Phe Leu Leu His His Ala Phe Val Asp Ser Ile Phe Glu Gln Trp
385 390 395 400
Leu Arg Arg His Arg Leu Leu Gln Glu Val Tyr Pro Glu Ala Asn Ala
405 410 415

Pro Ile Gly His Asn Arg Glu Ser Tyr Met Val Pro Phe Ile Pro Leu
420 425 430
Tyr Arg Asn Gly Asp Phe Phe Ile Ser Ser Lys Asp Leu Gly Tyr Asp
435 440 445
Tyr Ser Tyr Leu Gln Asp Ser Asp Pro Asp Ser Phe Gln Asp Tyr Ile
450 455 460
Lys Ser Tyr Leu Glu Gln Ala Ser Arg Ile Trp Ser Trp Leu Leu Gly
465 470 475 480

Ala Ala Met Val Gly Ala Val Leu Thr Ala Leu Leu Ala Gly Leu Val
485 490 495
Ser Leu Leu Cys Arg His Lys Arg Lys Gln Leu Pro Glu Glu Lys Gln

500 505 510

Pro Leu Leu Met Glu Lys Glu Asp Tyr His Ser Leu Tyr Gln Ser His

515 520 525

Leu

<210> 682

<211> 529

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> tyrosinase__Homo_sapiens__U3M9J2

<400> 682

Met Leu Leu Ala Val Leu Tyr Cys Leu Leu Trp Ser Phe Gln Thr Ser

1 5 10 15

Ala Gly His Phe Pro Arg Ala Cys Val Ser Ser Lys Asn Leu Met Glu

20 25 30

Lys Glu Cys Cys Pro Pro Trp Ser Gly Asp Arg Ser Pro Cys Gly Gln

35 40 45

Leu Ser Gly Arg Gly Ser Cys Gln Asn Ile Leu Leu Ser Asn Ala Pro

50 55 60

Leu Gly Pro Gln Phe Pro Phe Thr Gly Val Asp Asp Arg Glu Ser Trp

65 70 75 80

Pro Ser Val Phe Tyr Asn Arg Thr Cys Gln Cys Ser Gly Asn Phe Met

85 90 95

Gly Phe Asn Cys Gly Asn Cys Lys Phe Gly Phe Trp Gly Pro Asn Cys

100 105 110

Thr Glu Arg Arg Leu Leu Val Arg Arg Asn Ile Phe Asp Leu Ser Ala

115 120 125

Pro Glu Lys Asp Lys Phe Phe Ala Tyr Leu Thr Leu Ala Lys His Thr

130 135 140

Ile Ser Ser Asp Tyr Val Ile Pro Ile Gly Thr Tyr Gly Gln Met Lys

145 150 155 160

Asn Gly Ser Thr Pro Met Phe Asn Asp Ile Asn Ile Tyr Asp Leu Phe

165 170 175

Val Trp Met His Tyr Tyr Val Ser Met Asp Ala Leu Leu Gly Gly Ser
180 185 190

Glu Ile Trp Arg Asp Ile Asp Phe Ala His Glu Ala Pro Ala Phe Leu
195 200 205

Pro Trp His Arg Leu Phe Leu Leu Arg Trp Glu Gln Glu Ile Gln Lys
210 215 220

Leu Thr Gly Asp Glu Asn Phe Thr Ile Pro Tyr Trp Asp Trp Arg Asp
225 230 235 240

Ala Glu Lys Cys Asp Ile Cys Thr Asp Glu Tyr Met Gly Gly Gln His
245 250 255

Pro Thr Asn Pro Asn Leu Leu Ser Pro Ala Ser Phe Phe Ser Ser Trp
260 265 270

Gln Ile Val Cys Ser Arg Leu Glu Glu Tyr Asn Ser His Gln Ser Leu
275 280 285

Cys Asn Gly Thr Pro Glu Gly Pro Leu Arg Arg Asn Pro Gly Asn His
290 295 300

Asp Lys Ser Arg Thr Pro Arg Leu Pro Ser Ser Ala Asp Val Glu Phe
305 310 315 320

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

Asn Phe Ser Phe Arg Asn Thr Leu Glu Gly Phe Ala Ser Pro Leu Thr
340 345 350

Gly Ile Ala Asp Ala Ser Gln Ser Ser Met His Asn Ala Leu His Ile
355 360 365

Tyr Met Asn Gly Thr Met Ser Gln Val Gln Gly Ser Ala Asn Asp Pro
370 375 380

Ile Phe Leu Leu His His Ala Phe Val Asp Ser Met Phe Glu Gln Trp
385 390 395 400

Leu Arg Arg His Arg Pro Leu Gln Glu Val Tyr Pro Glu Ala Asn Ala
405 410 415

Pro Ile Gly His Asn Arg Glu Ser Tyr Met Val Pro Phe Ile Pro Leu

420 425 430

Tyr Arg Asn Gly Asp Phe Phe Ile Ser Ser Lys Asp Leu Gly Tyr Asp

435 440 445

Tyr Ser Tyr Leu Gln Asp Ser Asp Pro Asp Ser Phe Gln Asp Tyr Ile

450 455 460

Lys Ser Tyr Leu Glu Gln Ala Ser Arg Ile Trp Ser Trp Leu Leu Gly

465 470 475 480

Ala Ala Met Val Gly Ala Val Leu Thr Ala Leu Leu Ala Gly Leu Val

485 490 495

Ser Leu Leu Cys Arg His Lys Arg Lys Gln Leu Pro Glu Glu Lys Gln

500 505 510

Pro Leu Leu Met Glu Lys Glu Asp Tyr His Ser Leu Tyr Gln Ser His

515 520 525

Leu

<210> 683

<211> 537

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TYRP1__Homo_sapiens__P17643

<400> 683

Met Ser Ala Pro Lys Leu Leu Ser Leu Gly Cys Ile Phe Phe Pro Leu

1 5 10 15

Leu Leu Phe Gln Gln Ala Arg Ala Gln Phe Pro Arg Gln Cys Ala Thr

20 25 30

Val Glu Ala Leu Arg Ser Gly Met Cys Cys Pro Asp Leu Ser Pro Val

35 40 45

Ser Gly Pro Gly Thr Asp Arg Cys Gly Ser Ser Ser Gly Arg Gly Arg

50 55 60

Cys Glu Ala Val Thr Ala Asp Ser Arg Pro His Ser Pro Gln Tyr Pro

65 70 75 80

His Asp Gly Arg Asp Asp Arg Glu Val Trp Pro Leu Arg Phe Phe Asn

85 90 95

Arg Thr Cys His Cys Asn Gly Asn Phe Ser Gly His Asn Cys Gly Thr
100 105 110
Cys Arg Pro Gly Trp Arg Gly Ala Ala Cys Asp Gln Arg Val Leu Ile
115 120 125
Val Arg Arg Asn Leu Leu Asp Leu Ser Lys Glu Glu Lys Asn His Phe
130 135 140
Val Arg Ala Leu Asp Met Ala Lys Arg Thr Thr His Pro Leu Phe Val
145 150 155 160

Ile Ala Thr Arg Arg Ser Glu Glu Ile Leu Gly Pro Asp Gly Asn Thr
165 170 175
Pro Gln Phe Glu Asn Ile Ser Ile Tyr Asn Tyr Phe Val Trp Thr His
180 185 190
Tyr Tyr Ser Val Lys Lys Thr Phe Leu Gly Val Gly Gln Glu Ser Phe
195 200 205
Gly Glu Val Asp Phe Ser His Glu Gly Pro Ala Phe Leu Thr Trp His
210 215 220

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

Val Cys Asp Ser Leu Glu Asp Tyr Asp Thr Leu Gly Thr Leu Cys Asn
290 295 300
Ser Thr Glu Asp Gly Pro Ile Arg Arg Asn Pro Ala Gly Asn Val Ala
305 310 315 320
Arg Pro Met Val Gln Arg Leu Pro Glu Pro Gln Asp Val Ala Gln Cys
325 330 335

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

Asn Ser Phe Arg Asn Thr Val Glu Gly Tyr Ser Asp Pro Thr Gly Lys
355 360 365

Tyr Asp Pro Ala Val Arg Ser Leu His Asn Leu Ala His Leu Phe Leu
370 375 380

Asn Gly Thr Gly Gly Gln Thr His Leu Ser Pro Asn Asp Pro Ile Phe
385 390 395 400

Val Leu Leu His Thr Phe Thr Asp Ala Val Phe Asp Glu Trp Leu Arg
405 410 415

Arg Tyr Asn Ala Asp Ile Ser Thr Phe Pro Leu Glu Asn Ala Pro Ile
420 425 430

Gly His Asn Arg Gln Tyr Asn Met Val Pro Phe Trp Pro Pro Val Thr
435 440 445

Asn Thr Glu Met Phe Val Thr Ala Pro Asp Asn Leu Gly Tyr Thr Tyr
450 455 460

Glu Ile Gln Trp Pro Ser Arg Glu Phe Ser Val Pro Glu Ile Ile Ala
465 470 475 480

Ile Ala Val Val Gly Ala Leu Leu Leu Val Ala Leu Ile Phe Gly Thr
485 490 495

Ala Ser Tyr Leu Ile Arg Ala Arg Arg Ser Met Asp Glu Ala Asn Gln
500 505 510

Pro Leu Leu Thr Asp Gln Tyr Gln Cys Tyr Ala Glu Glu Tyr Glu Lys
515 520 525

Leu Gln Asn Pro Asn Gln Ser Val Val
530 535

<210> 684

<211> 519

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TYRP2__Homo_sapiens__P40126

<400> 684

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

50 55 60
Arg Ala Asp Thr Arg Pro Trp Ser Gly Pro Tyr Ile Leu Arg Asn Gln
65 70 75 80
Asp Asp Arg Glu Leu Trp Pro Arg Lys Phe Phe His Arg Thr Cys Lys
85 90 95
Cys Thr Gly Asn Phe Ala Gly Tyr Asn Cys Gly Asp Cys Lys Phe Gly
100 105 110
Trp Thr Gly Pro Asn Cys Glu Arg Lys Lys Pro Pro Val Ile Arg Gln

115 120 125
Asn Ile His Ser Leu Ser Pro Gln Glu Arg Glu Gln Phe Leu Gly Ala
130 135 140
Leu Asp Leu Ala Lys Lys Arg Val His Pro Asp Tyr Val Ile Thr Thr
145 150 155 160
Gln His Trp Leu Gly Leu Leu Gly Pro Asn Gly Thr Gln Pro Gln Phe
165 170 175
Ala Asn Cys Ser Val Tyr Asp Phe Phe Val Trp Leu His Tyr Tyr Ser

180 185 190
Val Arg Asp Thr Leu Leu Gly Pro Gly Arg Pro Tyr Arg Ala Ile Asp
195 200 205
Phe Ser His Gln Gly Pro Ala Phe Val Thr Trp His Arg Tyr His Leu
210 215 220
Leu Cys Leu Glu Arg Asp Leu Gln Arg Leu Ile Gly Asn Glu Ser Phe
225 230 235 240

Ala Leu Pro Tyr Trp Asn Phe Ala Thr Gly Arg Asn Glu Cys Asp Val

245 250 255

Cys Thr Asp Gln Leu Phe Gly Ala Ala Arg Pro Asp Asp Pro Thr Leu

260 265 270

Ile Ser Arg Asn Ser Arg Phe Ser Ser Trp Glu Thr Val Cys Asp Ser

275 280 285

Leu Asp Asp Tyr Asn His Leu Val Thr Leu Cys Asn Gly Thr Tyr Glu

290 295 300

Gly Leu Leu Arg Arg Asn Gln Met Gly Arg Asn Ser Met Lys Leu Pro

305 310 315 320

Thr Leu Lys Asp Ile Arg Asp Cys Leu Ser Leu Gln Lys Phe Asp Asn

325 330 335

Pro Pro Phe Phe Gln Asn Ser Thr Phe Ser Phe Arg Asn Ala Leu Glu

340 345 350

Gly Phe Asp Lys Ala Asp Gly Thr Leu Asp Ser Gln Val Met Ser Leu

355 360 365

His Asn Leu Val His Ser Phe Leu Asn Gly Thr Asn Ala Leu Pro His

370 375 380

Ser Ala Ala Asn Asp Pro Ile Phe Val Val Leu His Ser Phe Thr Asp

385 390 395 400

Ala Ile Phe Asp Glu Trp Met Lys Arg Phe Asn Pro Pro Ala Asp Ala

405 410 415

Trp Pro Gln Glu Leu Ala Pro Ile Gly His Asn Arg Met Tyr Asn Met

420 425 430

Val Pro Phe Phe Pro Pro Val Thr Asn Glu Glu Leu Phe Leu Thr Ser

435 440 445

Asp Gln Leu Gly Tyr Ser Tyr Ala Ile Asp Leu Pro Val Ser Val Glu

450 455 460

Glu Thr Pro Gly Trp Pro Thr Thr Leu Leu Val Val Met Gly Thr Leu

465 470 475 480

Val Ala Leu Val Gly Leu Phe Val Leu Leu Ala Phe Leu Gln Tyr Arg

485 490 495

Arg Leu Arg Lys Gly Tyr Thr Pro Leu Met Glu Thr His Leu Ser Ser

500 505 510

Lys Arg Tyr Thr Glu Glu Ala

515

<210> 685

<211> 151

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> UPA__Homo_sapiens__Q96NZ9

<400> 685

Met Arg Arg Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Val Val Val Leu Leu Trp

1 5 10 15

Glu Ala Gly Ala Val Pro Ala Pro Lys Val Pro Ile Lys Met Gln Val

20 25 30

Lys His Trp Pro Ser Glu Gln Asp Pro Glu Lys Ala Trp Gly Ala Arg

35 40 45

Val Val Glu Pro Pro Glu Lys Asp Asp Gln Leu Val Val Leu Phe Pro

50 55 60

Val Gln Lys Pro Lys Leu Leu Thr Thr Glu Glu Lys Pro Arg Gly Gln

65 70 75 80

Gly Arg Gly Pro Ile Leu Pro Gly Thr Lys Ala Trp Met Glu Thr Glu

85 90 95

Asp Thr Leu Gly His Val Leu Ser Pro Glu Pro Asp His Asp Ser Leu

100 105 110

Tyr His Pro Pro Pro Glu Glu Asp Gln Gly Glu Glu Arg Pro Arg Leu

115 120 125

Trp Val Met Pro Asn His Gln Val Leu Leu Gly Pro Glu Glu Asp Gln

130 135 140

Asp His Ile Tyr His Pro Gln

145 150

<210> 686

<211> 174

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VEGFR1__Homo_sapiens__B5A924

<400> 686

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

Glu Met Val Ser Lys Glu Ser Glu Arg Leu Ser Ile Thr Lys Ser Ala
65 70 75 80
Cys Gly Arg Asn Gly Lys Gln Phe Cys Ser Thr Leu Thr Leu Asn Thr
85 90 95
Ala Gln Ala Asn His Thr Gly Phe Tyr Ser Cys Lys Tyr Leu Ala Val
100 105 110
Pro Thr Ser Lys Lys Lys Glu Thr Glu Ser Ala Ile Tyr Ile Phe Ile
115 120 125

Ser Asp Thr Gly Arg Pro Phe Val Glu Met Tyr Ser Glu Ile Pro Glu
130 135 140
Ile Ile His Met Thr Glu Gly Arg Glu Leu Val Ile Pro Cys Arg Val
145 150 155 160
Thr Ser Pro Asn Ile Thr Val Thr Leu Lys Lys Lys Lys Ala
165 170

<210> 687

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> WT1__Homo_sapiens__A0A0H5AUY0

<400> 687

Met Gly Ser Asp Val Arg Asp Leu Asn Ala Leu Leu Pro Ala Val Pro

1 5 10 15

Ser Leu Gly Gly Gly Gly Cys Ala Leu Pro Val Ser Gly Ala Ala

20 25 30

Gln Trp Ala Pro Val Leu Asp Phe Ala Pro Pro Gly Ala Ser Ala Tyr

35 40 45

Gly Ser Leu Gly Gly Pro Ala Pro Pro Pro Ala Pro Pro Pro Pro Pro

50 55 60

Pro Pro Pro Pro His Ser Phe Ile Lys Gln Glu Pro Ser Trp Gly Gly

65 70 75 80

Ala Glu Pro His Glu Glu Gln Cys Leu Ser Ala Phe Thr Val His Phe

85 90 95

Ser Gly Gln Phe Thr Gly Thr Ala Gly Ala Cys Arg Tyr Gly Pro Phe

100 105 110

Gly Pro Pro Pro Pro Ser Gln Ala Ser Ser Gly Gln Ala Arg Met Phe

115 120 125

Pro Asn Ala Pro Tyr Leu Pro Ser Cys Leu Glu Ser Gln Pro Ala Ile

130 135 140

Arg Asn Gln Gly Tyr Ser Thr Val Thr Phe Asp Gly Thr Pro Ser Tyr

145 150 155 160

Gly His Thr Pro Ser His His Ala Ala Gln Phe Pro Asn His Ser Phe

165 170 175

Lys His Glu Asp Pro Met Gly Gln Gln Gly Ser Leu Gly Glu Gln Gln

180 185 190

Tyr Ser Val Pro Pro Pro Val Tyr Gly Cys His Thr Pro Thr Asp Ser

195 200 205

Cys Thr Gly Ser Gln Ala Leu Leu Leu Arg Thr Pro Tyr Ser Ser Asp

210 215 220

Asn Leu Tyr Gln Met Thr Ser Gln Leu Glu Cys Met Thr Trp Asn Gln

225 230 235 240

Met Asn Leu Gly Ala Thr Leu Lys Gly
245

<210> 688

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> WT1__Homo_sapiens__P19544

<400> 688

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

Pro Pro Pro Pro His Ser Phe Ile Lys Gln Glu Pro Ser Trp Gly Gly
65 70 75 80
Ala Glu Pro His Glu Glu Gln Cys Leu Ser Ala Phe Thr Val His Phe
85 90 95
Ser Gly Gln Phe Thr Gly Thr Ala Gly Ala Cys Arg Tyr Gly Pro Phe
100 105 110
Gly Pro Pro Pro Pro Ser Gln Ala Ser Ser Gly Gln Ala Arg Met Phe
115 120 125

Pro Asn Ala Pro Tyr Leu Pro Ser Cys Leu Glu Ser Gln Pro Ala Ile
130 135 140
Arg Asn Gln Gly Tyr Ser Thr Val Thr Phe Asp Gly Thr Pro Ser Tyr
145 150 155 160
Gly His Thr Pro Ser His His Ala Ala Gln Phe Pro Asn His Ser Phe
165 170 175
Lys His Glu Asp Pro Met Gly Gln Gln Gly Ser Leu Gly Glu Gln Gln

180 185 190

Tyr Ser Val Pro Pro Pro Val Tyr Gly Cys His Thr Pro Thr Asp Ser
195 200 205

Cys Thr Gly Ser Gln Ala Leu Leu Leu Arg Thr Pro Tyr Ser Ser Asp
210 215 220

Asn Leu Tyr Gln Met Thr Ser Gln Leu Glu Cys Met Thr Trp Asn Gln
225 230 235 240

Met Asn Leu Gly Ala Thr Leu Lys Gly Val Ala Ala Gly Ser Ser Ser
245 250 255

Ser Val Lys Trp Thr Glu Gly Gln Ser Asn His Ser Thr Gly Tyr Glu
260 265 270

Ser Asp Asn His Thr Thr Pro Ile Leu Cys Gly Ala Gln Tyr Arg Ile
275 280 285

His Thr His Gly Val Phe Arg Gly Ile Gln Asp Val Arg Arg Val Pro
290 295 300

Gly Val Ala Pro Thr Leu Val Arg Ser Ala Ser Glu Thr Ser Glu Lys
305 310 315 320

Arg Pro Phe Met Cys Ala Tyr Pro Gly Cys Asn Lys Arg Tyr Phe Lys
325 330 335

Leu Ser His Leu Gln Met His Ser Arg Lys His Thr Gly Glu Lys Pro
340 345 350

Tyr Gln Cys Asp Phe Lys Asp Cys Glu Arg Arg Phe Ser Arg Ser Asp
355 360 365

Gln Leu Lys Arg His Gln Arg Arg His Thr Gly Val Lys Pro Phe Gln
370 375 380

Cys Lys Thr Cys Gln Arg Lys Phe Ser Arg Ser Asp His Leu Lys Thr
385 390 395 400

His Thr Arg Thr His Thr Gly Lys Thr Ser Glu Lys Pro Phe Ser Cys
405 410 415

Arg Trp Pro Ser Cys Gln Lys Lys Phe Ala Arg Ser Asp Glu Leu Val
420 425 430

Arg His His Asn Met His Gln Arg Asn Met Thr Lys Leu Gln Leu Ala

435 440 445

Leu

<210> 689

<211> 92

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> WT1__Homo_sapiens__Q06250

<400> 689

Met Gln Arg Arg Gly Gln Pro Leu Glu Asn His Val Ala Leu Ile His

1 5 10 15

Trp Gln Ser Ala Gly Ile Pro Ala Ser Lys Val His Asn Tyr Cys Asn

20 25 30

Met Lys Lys Ser Arg Leu Gly Arg Ser Arg Ala Val Arg Ile Ser Gln

35 40 45

Pro Leu Leu Ser Pro Arg Arg Cys Pro Leu His Leu Thr Glu Arg Gly

50 55 60

Ala Gly Leu Leu Gln Pro Gln Pro Gln Gly Pro Val Arg Thr Pro Gly

65 70 75 80

Pro Pro Ser Gly Ser His Pro Ala Ala Ala Asp Asn

85 90

<210> 690

<211> 81

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> XAGE1__Homo_sapiens__Q9HD64

<400> 690

Met Glu Ser Pro Lys Lys Lys Asn Gln Gln Leu Lys Val Gly Ile Leu

1 5 10 15

His Leu Gly Ser Arg Gln Lys Lys Ile Arg Ile Gln Leu Arg Ser Gln

20 25 30

Cys Ala Thr Trp Lys Val Ile Cys Lys Ser Cys Ile Ser Gln Thr Pro

35 40 45

Gly Ile Asn Leu Asp Leu Gly Ser Gly Val Lys Val Lys Ile Ile Pro

50 55 60

Lys Glu Glu His Cys Lys Met Pro Glu Ala Gly Glu Glu Gln Pro Gln

65 70 75 80

Val

<210> 691

<211> 178

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IL-10__Homo_sapiens__P22301

<400> 691

Met His Ser Ser Ala Leu Leu Cys Cys Leu Val Leu Leu Thr Gly Val

1 5 10 15

Arg Ala Ser Pro Gly Gln Gly Thr Gln Ser Glu Asn Ser Cys Thr His

20 25 30

Phe Pro Gly Asn Leu Pro Asn Met Leu Arg Asp Leu Arg Asp Ala Phe

35 40 45

Ser Arg Val Lys Thr Phe Phe Gln Met Lys Asp Gln Leu Asp Asn Leu

50 55 60

Leu Leu Lys Glu Ser Leu Leu Glu Asp Phe Lys Gly Tyr Leu Gly Cys

65 70 75 80

Gln Ala Leu Ser Glu Met Ile Gln Phe Tyr Leu Glu Glu Val Met Pro

85 90 95

Gln Ala Glu Asn Gln Asp Pro Asp Ile Lys Ala His Val Asn Ser Leu

100 105 110

Gly Glu Asn Leu Lys Thr Leu Arg Leu Arg Leu Arg Arg Cys His Arg

115 120 125

Phe Leu Pro Cys Glu Asn Lys Ser Lys Ala Val Glu Gln Val Lys Asn

130 135 140

Ala Phe Asn Lys Leu Gln Glu Lys Gly Ile Tyr Lys Ala Met Ser Glu

145 150 155 160

Phe Asp Ile Phe Ile Asn Tyr Ile Glu Ala Tyr Met Thr Met Lys Ile

165 170 175

Arg Asn

<210> 692

<211> 134

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IL-5__Homo_sapiens__P05113

<400> 692

Met Arg Met Leu Leu His Leu Ser Leu Leu Ala Leu Gly Ala Ala Tyr

1 5 10 15

Val Tyr Ala Ile Pro Thr Glu Ile Pro Thr Ser Ala Leu Val Lys Glu

20 25 30

Thr Leu Ala Leu Leu Ser Thr His Arg Thr Leu Leu Ile Ala Asn Glu

35 40 45

Thr Leu Arg Ile Pro Val Pro Val His Lys Asn His Gln Leu Cys Thr

50 55 60

Glu Glu Ile Phe Gln Gly Ile Gly Thr Leu Glu Ser Gln Thr Val Gln

65 70 75 80

Gly Gly Thr Val Glu Arg Leu Phe Lys Asn Leu Ser Leu Ile Lys Lys

85 90 95

Tyr Ile Asp Gly Gln Lys Lys Lys Cys Gly Glu Glu Arg Arg Arg Val

100 105 110

Asn Gln Phe Leu Asp Tyr Leu Gln Glu Phe Leu Gly Val Met Asn Thr

115 120 125

Glu Trp Ile Ile Glu Ser

130

<210> 693

<211> 554

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> M-CSF__Homo_sapiens__P09603

<400> 693

Met Thr Ala Pro Gly Ala Ala Gly Arg Cys Pro Pro Thr Thr Trp Leu
1 5 10 15
Gly Ser Leu Leu Leu Leu Val Cys Leu Leu Ala Ser Arg Ser Ile Thr

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

85 90 95
Met Arg Phe Arg Asp Asn Thr Pro Asn Ala Ile Ala Ile Val Gln Leu
100 105 110
Gln Glu Leu Ser Leu Arg Leu Lys Ser Cys Phe Thr Lys Asp Tyr Glu
115 120 125
Glu His Asp Lys Ala Cys Val Arg Thr Phe Tyr Glu Thr Pro Leu Gln
130 135 140
Leu Leu Glu Lys Val Lys Asn Val Phe Asn Glu Thr Lys Asn Leu Leu

145 150 155 160
Asp Lys Asp Trp Asn Ile Phe Ser Lys Asn Cys Asn Asn Ser Phe Ala
165 170 175
Glu Cys Ser Ser Gln Asp Val Val Thr Lys Pro Asp Cys Asn Cys Leu
180 185 190
Tyr Pro Lys Ala Ile Pro Ser Ser Asp Pro Ala Ser Val Ser Pro His
195 200 205
Gln Pro Leu Ala Pro Ser Met Ala Pro Val Ala Gly Leu Thr Trp Glu

210 215 220
Asp Ser Glu Gly Thr Glu Gly Ser Ser Leu Leu Pro Gly Glu Gln Pro
225 230 235 240

Leu His Thr Val Asp Pro Gly Ser Ala Lys Gln Arg Pro Pro Arg Ser
245 250 255
Thr Cys Gln Ser Phe Glu Pro Pro Glu Thr Pro Val Val Lys Asp Ser
260 265 270
Thr Ile Gly Gly Ser Pro Gln Pro Arg Pro Ser Val Gly Ala Phe Asn

275 280 285
Pro Gly Met Glu Asp Ile Leu Asp Ser Ala Met Gly Thr Asn Trp Val
290 295 300
Pro Glu Glu Ala Ser Gly Glu Ala Ser Glu Ile Pro Val Pro Gln Gly
305 310 315 320
Thr Glu Leu Ser Pro Ser Arg Pro Gly Gly Gly Ser Met Gln Thr Glu
325 330 335
Pro Ala Arg Pro Ser Asn Phe Leu Ser Ala Ser Ser Pro Leu Pro Ala

340 345 350
Ser Ala Lys Gly Gln Gln Pro Ala Asp Val Thr Gly Thr Ala Leu Pro
355 360 365
Arg Val Gly Pro Val Arg Pro Thr Gly Gln Asp Trp Asn His Thr Pro
370 375 380
Gln Lys Thr Asp His Pro Ser Ala Leu Leu Arg Asp Pro Pro Glu Pro
385 390 395 400
Gly Ser Pro Arg Ile Ser Ser Leu Arg Pro Gln Gly Leu Ser Asn Pro

405 410 415
Ser Thr Leu Ser Ala Gln Pro Gln Leu Ser Arg Ser His Ser Ser Gly
420 425 430
Ser Val Leu Pro Leu Gly Glu Leu Glu Gly Arg Arg Ser Thr Arg Asp
435 440 445
Arg Arg Ser Pro Ala Glu Pro Glu Gly Gly Pro Ala Ser Glu Gly Ala
450 455 460
Ala Arg Pro Leu Pro Arg Phe Asn Ser Val Pro Leu Thr Asp Thr Gly

465 470 475 480
His Glu Arg Gln Ser Glu Gly Ser Phe Ser Pro Gln Leu Gln Glu Ser

485 490 495

Val Phe His Leu Leu Val Pro Ser Val Ile Leu Val Leu Leu Ala Val

500 505 510

Gly Gly Leu Leu Phe Tyr Arg Trp Arg Arg Arg Ser His Gln Glu Pro

515 520 525

Gln Arg Ala Asp Ser Pro Leu Glu Gln Pro Glu Gly Ser Pro Leu Thr

530 535 540

Gln Asp Asp Arg Gln Val Glu Leu Pro Val

545 550

<210> 694

<211> 390

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TGFbeta1__Homo_sapiens__P01137

<400> 694

Met Pro Pro Ser Gly Leu Arg Leu Leu Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu

1 5 10 15

Trp Leu Leu Val Leu Thr Pro Gly Arg Pro Ala Ala Gly Leu Ser Thr

20 25 30

Cys Lys Thr Ile Asp Met Glu Leu Val Lys Arg Lys Arg Ile Glu Ala

35 40 45

Ile Arg Gly Gln Ile Leu Ser Lys Leu Arg Leu Ala Ser Pro Pro Ser

50 55 60

Gln Gly Glu Val Pro Pro Gly Pro Leu Pro Glu Ala Val Leu Ala Leu

65 70 75 80

Tyr Asn Ser Thr Arg Asp Arg Val Ala Gly Glu Ser Ala Glu Pro Glu

85 90 95

Pro Glu Pro Glu Ala Asp Tyr Tyr Ala Lys Glu Val Thr Arg Val Leu

100 105 110

Met Val Glu Thr His Asn Glu Ile Tyr Asp Lys Phe Lys Gln Ser Thr

115 120 125

His Ser Ile Tyr Met Phe Phe Asn Thr Ser Glu Leu Arg Glu Ala Val

130 135 140

Pro Glu Pro Val Leu Leu Ser Arg Ala Glu Leu Arg Leu Leu Arg Leu

145 150 155 160

Lys Leu Lys Val Glu Gln His Val Glu Leu Tyr Gln Lys Tyr Ser Asn

165 170 175

Asn Ser Trp Arg Tyr Leu Ser Asn Arg Leu Leu Ala Pro Ser Asp Ser

180 185 190

Pro Glu Trp Leu Ser Phe Asp Val Thr Gly Val Val Arg Gln Trp Leu

195 200 205

Ser Arg Gly Gly Glu Ile Glu Gly Phe Arg Leu Ser Ala His Cys Ser

210 215 220

Cys Asp Ser Arg Asp Asn Thr Leu Gln Val Asp Ile Asn Gly Phe Thr

225 230 235 240

Thr Gly Arg Arg Gly Asp Leu Ala Thr Ile His Gly Met Asn Arg Pro

245 250 255

Phe Leu Leu Leu Met Ala Thr Pro Leu Glu Arg Ala Gln His Leu Gln

260 265 270

Ser Ser Arg His Arg Arg Ala Leu Asp Thr Asn Tyr Cys Phe Ser Ser

275 280 285

Thr Glu Lys Asn Cys Cys Val Arg Gln Leu Tyr Ile Asp Phe Arg Lys

290 295 300

Asp Leu Gly Trp Lys Trp Ile His Glu Pro Lys Gly Tyr His Ala Asn

305 310 315 320

Phe Cys Leu Gly Pro Cys Pro Tyr Ile Trp Ser Leu Asp Thr Gln Tyr

325 330 335

Ser Lys Val Leu Ala Leu Tyr Asn Gln His Asn Pro Gly Ala Ser Ala

340 345 350

Ala Pro Cys Cys Val Pro Gln Ala Leu Glu Pro Leu Pro Ile Val Tyr

355 360 365

Tyr Val Gly Arg Lys Pro Lys Val Glu Gln Leu Ser Asn Met Ile Val

370 375 380

Arg Ser Cys Lys Cys Ser
385 390

<210> 695

<211> 479

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Caspase_8__Homo_sapiens__Q14790

<400> 695

Met Asp Phe Ser Arg Asn Leu Tyr Asp Ile Gly Glu Gln Leu Asp Ser
1 5 10 15

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

Arg Lys Gln Glu Pro Ile Lys Asp Ala Leu Met Leu Phe Gln Arg Leu
35 40 45

Gln Glu Lys Arg Met Leu Glu Glu Ser Asn Leu Ser Phe Leu Lys Glu
50 55 60

Leu Leu Phe Arg Ile Asn Arg Leu Asp Leu Leu Ile Thr Tyr Leu Asn
65 70 75 80

Thr Arg Lys Glu Glu Met Glu Arg Glu Leu Gln Thr Pro Gly Arg Ala
85 90 95

Gln Ile Ser Ala Tyr Arg Val Met Leu Tyr Gln Ile Ser Glu Glu Val
100 105 110

Ser Arg Ser Glu Leu Arg Ser Phe Lys Phe Leu Leu Gln Glu Glu Ile
115 120 125

Ser Lys Cys Lys Leu Asp Asp Asp Met Asn Leu Leu Asp Ile Phe Ile
130 135 140

Glu Met Glu Lys Arg Val Ile Leu Gly Glu Gly Lys Leu Asp Ile Leu
145 150 155 160

Lys Arg Val Cys Ala Gln Ile Asn Lys Ser Leu Leu Lys Ile Ile Asn
165 170 175

Asp Tyr Glu Glu Phe Ser Lys Glu Arg Ser Ser Ser Leu Glu Gly Ser
180 185 190

Pro Asp Glu Phe Ser Asn Gly Glu Glu Leu Cys Gly Val Met Thr Ile
195 200 205

Ser Asp Ser Pro Arg Glu Gln Asp Ser Glu Ser Gln Thr Leu Asp Lys
210 215 220
Val Tyr Gln Met Lys Ser Lys Pro Arg Gly Tyr Cys Leu Ile Ile Asn
225 230 235 240
Asn His Asn Phe Ala Lys Ala Arg Glu Lys Val Pro Lys Leu His Ser
245 250 255
Ile Arg Asp Arg Asn Gly Thr His Leu Asp Ala Gly Ala Leu Thr Thr
260 265 270

Thr Phe Glu Glu Leu His Phe Glu Ile Lys Pro His Asp Asp Cys Thr
275 280 285
Val Glu Gln Ile Tyr Glu Ile Leu Lys Ile Tyr Gln Leu Met Asp His
290 295 300
Ser Asn Met Asp Cys Phe Ile Cys Cys Ile Leu Ser His Gly Asp Lys
305 310 315 320
Gly Ile Ile Tyr Gly Thr Asp Gly Gln Glu Ala Pro Ile Tyr Glu Leu
325 330 335

Thr Ser Gln Phe Thr Gly Leu Lys Cys Pro Ser Leu Ala Gly Lys Pro
340 345 350
Lys Val Phe Phe Ile Gln Ala Cys Gln Gly Asp Asn Tyr Gln Lys Gly
355 360 365
Ile Pro Val Glu Thr Asp Ser Glu Glu Gln Pro Tyr Leu Glu Met Asp
370 375 380
Leu Ser Ser Pro Gln Thr Arg Tyr Ile Pro Asp Glu Ala Asp Phe Leu
385 390 395 400

Leu Gly Met Ala Thr Val Asn Asn Cys Val Ser Tyr Arg Asn Pro Ala
405 410 415
Glu Gly Thr Trp Tyr Ile Gln Ser Leu Cys Gln Ser Leu Arg Glu Arg
420 425 430
Cys Pro Arg Gly Asp Asp Ile Leu Thr Ile Leu Thr Glu Val Asn Tyr

435 440 445

Glu Val Ser Asn Lys Asp Asp Lys Lys Asn Met Gly Lys Gln Met Pro

450 455 460

Gln Pro Thr Phe Thr Leu Arg Lys Lys Leu Val Phe Pro Ser Asp

465 470 475

<210> 696

<211> 375

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> SERPINB5__Homo_sapiens__P36952

<400> 696

Met Asp Ala Leu Gln Leu Ala Asn Ser Ala Phe Ala Val Asp Leu Phe

1 5 10 15

Lys Gln Leu Cys Glu Lys Glu Pro Leu Gly Asn Val Leu Phe Ser Pro

20 25 30

Ile Cys Leu Ser Thr Ser Leu Ser Leu Ala Gln Val Gly Ala Lys Gly

35 40 45

Asp Thr Ala Asn Glu Ile Gly Gln Val Leu His Phe Glu Asn Val Lys

50 55 60

Asp Val Pro Phe Gly Phe Gln Thr Val Thr Ser Asp Val Asn Lys Leu

65 70 75 80

Ser Ser Phe Tyr Ser Leu Lys Leu Ile Lys Arg Leu Tyr Val Asp Lys

85 90 95

Ser Leu Asn Leu Ser Thr Glu Phe Ile Ser Ser Thr Lys Arg Pro Tyr

100 105 110

Ala Lys Glu Leu Glu Thr Val Asp Phe Lys Asp Lys Leu Glu Glu Thr

115 120 125

Lys Gly Gln Ile Asn Asn Ser Ile Lys Asp Leu Thr Asp Gly His Phe

130 135 140

Glu Asn Ile Leu Ala Asp Asn Ser Val Asn Asp Gln Thr Lys Ile Leu

145 150 155 160

Val Val Asn Ala Ala Tyr Phe Val Gly Lys Trp Met Lys Lys Phe Ser

165 170 175

Glu Ser Glu Thr Lys Glu Cys Pro Phe Arg Val Asn Lys Thr Asp Thr

180 185 190

Lys Pro Val Gln Met Met Asn Met Glu Ala Thr Phe Cys Met Gly Asn

195 200 205

Ile Asp Ser Ile Asn Cys Lys Ile Ile Glu Leu Pro Phe Gln Asn Lys

210 215 220

His Leu Ser Met Phe Ile Leu Leu Pro Lys Asp Val Glu Asp Glu Ser

225 230 235 240

Thr Gly Leu Glu Lys Ile Glu Lys Gln Leu Asn Ser Glu Ser Leu Ser

245 250 255

Gln Trp Thr Asn Pro Ser Thr Met Ala Asn Ala Lys Val Lys Leu Ser

260 265 270

Ile Pro Lys Phe Lys Val Glu Lys Met Ile Asp Pro Lys Ala Cys Leu

275 280 285

Glu Asn Leu Gly Leu Lys His Ile Phe Ser Glu Asp Thr Ser Asp Phe

290 295 300

Ser Gly Met Ser Glu Thr Lys Gly Val Ala Leu Ser Asn Val Ile His

305 310 315 320

Lys Val Cys Leu Glu Ile Thr Glu Asp Gly Gly Asp Ser Ile Glu Val

325 330 335

Pro Gly Ala Arg Ile Leu Gln His Lys Asp Glu Leu Asn Ala Asp His

340 345 350

Pro Phe Ile Tyr Ile Ile Arg His Asn Lys Thr Arg Asn Ile Ile Phe

355 360 365

Phe Gly Lys Phe Cys Ser Pro

370 375

<210> 697

<211> 212

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> calreticulin__Homo_sapiens__B4DHR1

<400> 697

Met Leu Leu Ser Val Tyr Phe Lys Glu Gln Phe Leu Asp Gly Asp Gly
1 5 10 15

Trp Thr Ser Arg Trp Ile Glu Ser Lys His Lys Ser Asp Phe Gly Lys
20 25 30

Phe Val Leu Ser Ser Gly Lys Phe Tyr Gly Asp Glu Glu Lys Asp Lys
35 40 45

Gly Leu Gln Thr Ser Gln Asp Ala Arg Phe Tyr Ala Leu Ser Ala Ser
50 55 60

Phe Glu Pro Phe Ser Asn Lys Gly Gln Thr Leu Val Val Gln Phe Thr
65 70 75 80

Val Lys His Glu Gln Asn Ile Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Val Lys Leu
85 90 95

Phe Pro Asn Ser Leu Asp Gln Thr Asp Met His Gly Asp Ser Glu Tyr
100 105 110

Asn Ile Met Phe Gly Pro Asp Ile Cys Gly Pro Gly Thr Lys Lys Val
115 120 125

His Val Ile Phe Asn Tyr Lys Gly Lys Asn Val Leu Ile Asn Lys Asp
130 135 140

Ile Arg Cys Lys Asp Asp Glu Phe Thr His Leu Tyr Thr Leu Ile Val
145 150 155 160

Arg Pro Asp Asn Thr Tyr Glu Val Lys Ile Asp Asn Ser Gln Val Glu
165 170 175

Ser Gly Ser Leu Glu Asp Asp Trp Asp Phe Leu Pro Pro Lys Lys Ile
180 185 190

Lys Asp Pro Asp Ala Ser Lys Pro Glu Asp Trp Asp Glu Arg Ala Lys
195 200 205

Ile Asp Asp Pro
210

<210> 698

<211> 296

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> calreticulin__Homo_sapiens__B4E2Y9

<400> 698

Met His Gly Asp Ser Glu Tyr Asn Ile Met Phe Gly Pro Asp Ile Cys
1 5 10 15

Gly Pro Gly Thr Lys Lys Val His Val Ile Phe Asn Tyr Lys Gly Lys
20 25 30

Asn Val Leu Ile Asn Lys Asp Ile Arg Cys Lys Asp Asp Glu Phe Thr
35 40 45

His Leu Tyr Thr Leu Ile Val Arg Pro Asp Asn Thr Tyr Glu Val Lys
50 55 60

Ile Asp Asn Ser Gln Val Glu Ser Gly Ser Leu Glu Asp Asp Trp Asp
65 70 75 80

Phe Leu Pro Pro Lys Lys Ile Lys Asp Pro Asp Ala Ser Lys Pro Glu
85 90 95

Asp Trp Asp Glu Arg Ala Lys Ile Asp Asp Pro Thr Asp Ser Lys Pro
100 105 110

Glu Asp Trp Asp Lys Pro Glu His Ile Pro Asp Pro Asp Ala Lys Lys
115 120 125

Pro Glu Asp Trp Asp Glu Glu Met Asp Gly Glu Trp Glu Pro Pro Val
130 135 140

Ile Gln Asn Pro Glu Tyr Lys Gly Glu Trp Lys Pro Arg Gln Ile Asp
145 150 155 160

Asn Pro Asp Tyr Lys Gly Thr Trp Ile His Pro Glu Ile Asp Asn Pro
165 170 175

Glu Tyr Ser Pro Asp Pro Ser Ile Tyr Ala Tyr Asp Asn Phe Gly Val
180 185 190

Leu Gly Leu Asp Leu Trp Gln Val Lys Ser Gly Thr Ile Phe Asp Asn
195 200 205

Phe Leu Ile Thr Asn Asp Glu Ala Tyr Ala Glu Glu Phe Gly Asn Glu
210 215 220
Thr Trp Gly Val Thr Lys Ala Ala Glu Lys Gln Met Lys Asp Lys Gln
225 230 235 240
Asp Glu Glu Gln Arg Leu Lys Glu Glu Glu Glu Asp Lys Lys Arg Lys
245 250 255

Glu Glu Glu Glu Ala Glu Asp Lys Glu Asp Asp Glu Asp Lys Asp Glu
260 265 270
Asp Glu Glu Asp Glu Glu Asp Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Asp Val
275 280 285
Pro Gly Gln Ala Lys Asp Glu Leu
290 295

<210> 699
<211> 417
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> calreticulin__Homo_sapiens__P27797
<400> 699
Met Leu Leu Ser Val Pro Leu Leu Leu Gly Leu Leu Gly Leu Ala Val

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

65 70 75 80
Phe Glu Pro Phe Ser Asn Lys Gly Gln Thr Leu Val Val Gln Phe Thr
85 90 95
Val Lys His Glu Gln Asn Ile Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Val Lys Leu
100 105 110

Phe Pro Asn Ser Leu Asp Gln Thr Asp Met His Gly Asp Ser Glu Tyr
115 120 125
Asn Ile Met Phe Gly Pro Asp Ile Cys Gly Pro Gly Thr Lys Lys Val

130 135 140
His Val Ile Phe Asn Tyr Lys Gly Lys Asn Val Leu Ile Asn Lys Asp
145 150 155 160
Ile Arg Cys Lys Asp Asp Glu Phe Thr His Leu Tyr Thr Leu Ile Val
165 170 175
Arg Pro Asp Asn Thr Tyr Glu Val Lys Ile Asp Asn Ser Gln Val Glu
180 185 190
Ser Gly Ser Leu Glu Asp Asp Trp Asp Phe Leu Pro Pro Lys Lys Ile

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

260 265 270
Gly Glu Trp Lys Pro Arg Gln Ile Asp Asn Pro Asp Tyr Lys Gly Thr
275 280 285
Trp Ile His Pro Glu Ile Asp Asn Pro Glu Tyr Ser Pro Asp Pro Ser
290 295 300
Ile Tyr Ala Tyr Asp Asn Phe Gly Val Leu Gly Leu Asp Leu Trp Gln
305 310 315 320
Val Lys Ser Gly Thr Ile Phe Asp Asn Phe Leu Ile Thr Asn Asp Glu

325 330 335
Ala Tyr Ala Glu Glu Phe Gly Asn Glu Thr Trp Gly Val Thr Lys Ala
340 345 350
Ala Glu Lys Gln Met Lys Asp Lys Gln Asp Glu Glu Gln Arg Leu Lys

355 360 365

Glu Glu Glu Glu Asp Lys Lys Arg Lys Glu Glu Glu Glu Ala Glu Asp

370 375 380

Lys Glu Asp Asp Glu Asp Lys Asp Glu Asp Glu Glu Asp Glu Glu Asp

385 390 395 400

Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Asp Val Pro Gly Gln Ala Lys Asp Glu

405 410 415

Leu

<210> 700

<211> 384

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> calreticulin__Homo_sapiens__Q96L12

<400> 700

Met Ala Arg Ala Leu Val Gln Leu Trp Ala Ile Cys Met Leu Arg Val

1 5 10 15

Ala Leu Ala Thr Val Tyr Phe Gln Glu Glu Phe Leu Asp Gly Glu His

20 25 30

Trp Arg Asn Arg Trp Leu Gln Ser Thr Asn Asp Ser Arg Phe Gly His

35 40 45

Phe Arg Leu Ser Ser Gly Lys Phe Tyr Gly His Lys Glu Lys Asp Lys

50 55 60

Gly Leu Gln Thr Thr Gln Asn Gly Arg Phe Tyr Ala Ile Ser Ala Arg

65 70 75 80

Phe Lys Pro Phe Ser Asn Lys Gly Lys Thr Leu Val Ile Gln Tyr Thr

85 90 95

Val Lys His Glu Gln Lys Met Asp Cys Gly Gly Gly Tyr Ile Lys Val

100 105 110

Phe Pro Ala Asp Ile Asp Gln Lys Asn Leu Asn Gly Lys Ser Gln Tyr

115 120 125

Tyr Ile Met Phe Gly Pro Asp Ile Cys Gly Phe Asp Ile Lys Lys Val

130 135 140

His Val Ile Leu His Phe Lys Asn Lys Tyr His Glu Asn Lys Lys Leu

145 150 155 160

Ile Arg Cys Lys Val Asp Gly Phe Thr His Leu Tyr Thr Leu Ile Leu

165 170 175

Arg Pro Asp Leu Ser Tyr Asp Val Lys Ile Asp Gly Gln Ser Ile Glu

180 185 190

Ser Gly Ser Ile Glu Tyr Asp Trp Asn Leu Thr Ser Leu Lys Lys Glu

195 200 205

Thr Ser Pro Ala Glu Ser Lys Asp Trp Glu Gln Thr Lys Asp Asn Lys

210 215 220

Ala Gln Asp Trp Glu Lys His Phe Leu Asp Ala Ser Thr Ser Lys Gln

225 230 235 240

Ser Asp Trp Asn Gly Asp Leu Asp Gly Asp Trp Pro Ala Pro Met Leu

245 250 255

Gln Lys Pro Pro Tyr Gln Asp Gly Leu Lys Pro Glu Gly Ile His Lys

260 265 270

Asp Val Trp Leu His Arg Lys Met Lys Asn Thr Asp Tyr Leu Thr Gln

275 280 285

Tyr Asp Leu Ser Glu Phe Glu Asn Ile Gly Ala Ile Gly Leu Glu Leu

290 295 300

Trp Gln Val Arg Ser Gly Thr Ile Phe Asp Asn Phe Leu Ile Thr Asp

305 310 315 320

Asp Glu Glu Tyr Ala Asp Asn Phe Gly Lys Ala Thr Trp Gly Glu Thr

325 330 335

Lys Gly Pro Glu Arg Glu Met Asp Ala Ile Gln Ala Lys Glu Glu Met

340 345 350

Lys Lys Ala Arg Glu Glu Glu Glu Glu Glu Leu Leu Ser Gly Lys Ile

355 360 365

Asn Arg His Glu His Tyr Phe Asn Gln Phe His Arg Arg Asn Glu Leu

370 375 380

<210> 701

<211> 464

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> N-myc__Homo_sapiens__P04198

<400> 701

Met Pro Ser Cys Ser Thr Ser Thr Met Pro Gly Met Ile Cys Lys Asn
1 5 10 15

Pro Asp Leu Glu Phe Asp Ser Leu Gln Pro Cys Phe Tyr Pro Asp Glu
20 25 30

Asp Asp Phe Tyr Phe Gly Gly Pro Asp Ser Thr Pro Pro Gly Glu Asp
35 40 45

Ile Trp Lys Lys Phe Glu Leu Leu Pro Thr Pro Pro Leu Ser Pro Ser
50 55 60

Arg Gly Phe Ala Glu His Ser Ser Glu Pro Pro Ser Trp Val Thr Glu
65 70 75 80

Met Leu Leu Glu Asn Glu Leu Trp Gly Ser Pro Ala Glu Glu Asp Ala
85 90 95

Phe Gly Leu Gly Gly Leu Gly Gly Leu Thr Pro Asn Pro Val Ile Leu
100 105 110

Gln Asp Cys Met Trp Ser Gly Phe Ser Ala Arg Glu Lys Leu Glu Arg
115 120 125

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

Ser Thr Ala Gln Ser Pro Gly Ala Gly Ala Ala Ser Pro Ala Gly Arg
145 150 155 160

Gly His Gly Gly Ala Ala Gly Ala Gly Arg Ala Gly Ala Ala Leu Pro
165 170 175

Ala Glu Leu Ala His Pro Ala Ala Glu Cys Val Asp Pro Ala Val Val
180 185 190

Phe Pro Phe Pro Val Asn Lys Arg Glu Pro Ala Pro Val Pro Ala Ala
195 200 205

Pro Ala Ser Ala Pro Ala Ala Gly Pro Ala Val Ala Ser Gly Ala Gly
210 215 220
Ile Ala Ala Pro Ala Gly Ala Pro Gly Val Ala Pro Pro Arg Pro Gly
225 230 235 240
Gly Arg Gln Thr Ser Gly Gly Asp His Lys Ala Leu Ser Thr Ser Gly
245 250 255
Glu Asp Thr Leu Ser Asp Ser Asp Asp Glu Asp Asp Glu Glu Glu Asp
260 265 270

Glu Glu Glu Glu Ile Asp Val Val Thr Val Glu Lys Arg Arg Ser Ser
275 280 285
Ser Asn Thr Lys Ala Val Thr Thr Phe Thr Ile Thr Val Arg Pro Lys
290 295 300
Asn Ala Ala Leu Gly Pro Gly Arg Ala Gln Ser Ser Glu Leu Ile Leu
305 310 315 320
Lys Arg Cys Leu Pro Ile His Gln Gln His Asn Tyr Ala Ala Pro Ser
325 330 335

Pro Tyr Val Glu Ser Glu Asp Ala Pro Pro Gln Lys Lys Ile Lys Ser
340 345 350
Glu Ala Ser Pro Arg Pro Leu Lys Ser Val Ile Pro Pro Lys Ala Lys
355 360 365
Ser Leu Ser Pro Arg Asn Ser Asp Ser Glu Asp Ser Glu Arg Arg Arg
370 375 380
Asn His Asn Ile Leu Glu Arg Gln Arg Arg Asn Asp Leu Arg Ser Ser
385 390 395 400

Phe Leu Thr Leu Arg Asp His Val Pro Glu Leu Val Lys Asn Glu Lys
405 410 415
Ala Ala Lys Val Val Ile Leu Lys Lys Ala Thr Glu Tyr Val His Ser
420 425 430
Leu Gln Ala Glu Glu His Gln Leu Leu Leu Glu Lys Glu Lys Leu Gln
435 440 445
Ala Arg Gln Gln Gln Leu Leu Lys Lys Ile Glu His Ala Arg Thr Cys
450 455 460