



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2023-0041711
(43) 공개일자 2023년03월24일

- (51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 16/28 (2006.01) A61K 39/00 (2006.01)
A61P 35/00 (2006.01) C07K 16/32 (2006.01)
C12N 15/70 (2006.01)
- (52) CPC특허분류
C07K 16/2809 (2013.01)
A61P 35/00 (2018.01)
- (21) 출원번호 10-2023-7002752
(22) 출원일자(국제) 2021년06월24일
심사청구일자 없음
(85) 번역문제출일자 2023년01월25일
(86) 국제출원번호 PCT/US2021/039006
(87) 국제공개번호 WO 2021/263058
국제공개일자 2021년12월30일
- (30) 우선권주장
63/044,301 2020년06월25일 미국(US)
(뒷면에 계속)
- (71) 출원인
아뮤닉스 파마슈티컬스, 인크.
미국 94080 캘리포니아주 사우스 샌 프란시스코 2
타워 플레이스 샵1100
- (72) 발명자
셀렌버거, 볼커
미국 94303 캘리포니아 팔로알토 모레노 애비뉴
914
요한센, 에릭
미국 94619 캘리포니아 오클랜드 매스터슨 스트리트
4120
(뒷면에 계속)
- (74) 대리인
양영준, 이윤기

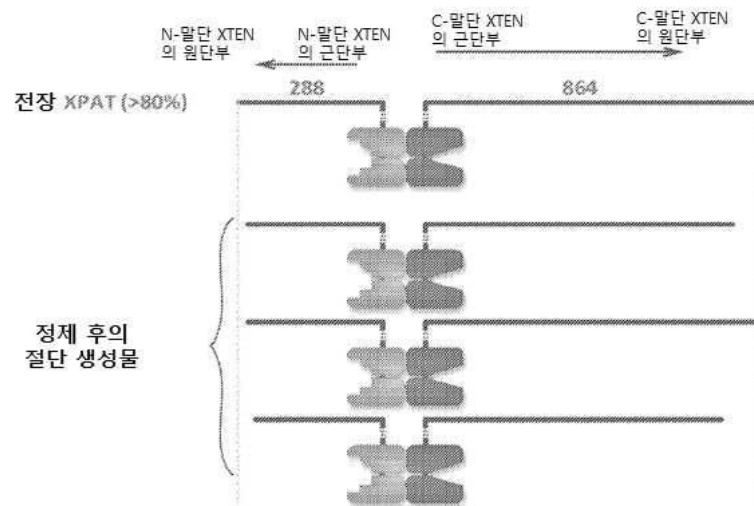
전체 청구항 수 : 총 142 항

(54) 발명의 명칭 HER-2 표적화 이중특이적 조성물 및 이의 제조 및 사용 방법

(57) 요약

폴리펩티드, 및 그러한 폴리펩티드의 제조 및 사용 방법이 본 명세서에 개시되며, 상기 폴리펩티드는 프로테아제에 의한 분해(digestion) 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 바코드 단편을 포함하는 연장된 재조합 폴리펩티드에 공유적으로 연결된 이중특이성 항체 작제물, 및 단백질 분해적으로 절단될 수 있는 방출 세그먼트를 포함하며, 상기 절단은 연장된 재조합 폴리펩티드로부터 이중특이성 항체 작제물을 방출한다.

대표도



(52) CPC특허분류

C07K 16/32 (2013.01)
C12N 15/70 (2013.01)
A61K 2039/505 (2013.01)
A61K 2039/54 (2013.01)
C07K 2317/31 (2013.01)
C07K 2317/73 (2013.01)
C07K 2317/94 (2013.01)
C07K 2319/40 (2013.01)
C07K 2319/50 (2013.01)

(72) 발명자

헨켄시프켄, 안젤라

미국 95126 캘리포니아 산호세 새들 락 스트리트
 1390 #204

마칸, 다라그

영국 비티45 5에이알 마러켄트 리사텔 드라이브 10

맥클로리, 제임스

영국 비티32 5비에스 밴브릿지 브론테 로드 42

쿤, 필리프

독일 28355 브레만 몰레르스트라쎄 13

프렌첼, 안드레

독일 38104 브라운슈바이크 호르도르퍼 스트라베
 117아

투, 밀턴

미국 94080 캘리포니아 사우스 샌프란시스코 타워
 플레이스 2 #1100

폭스, 미셸

미국 94080 캘리포니아 사우스 샌프란시스코 타워
 플레이스 2 #1100

어빙, 브라이언

미국 94062 캘리포니아 우드사이드 웨어 로드 108

데링크, 미카

미국 94080 캘리포니아 사우스 샌프란시스코 타워
 플레이스 2 #1100

(30) 우선권주장

63/077,503	2020년09월11일	미국(US)
63/108,783	2020년11월02일	미국(US)
63/166,857	2021년03월26일	미국(US)
63/196,408	2021년06월03일	미국(US)

명세서

청구범위

청구항 1

N-말단 아미노산 및 C-말단 아미노산을 갖는 폴리펩티드로서,

(a) 프로테아제에 의한 분해(digestion) 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 바코드 단편(**BAR**)을 포함하는, 연장된 재조합 폴리펩티드(**XTEN**);

(b) 분화 클러스터 3 T 세포 수용체(CD3)에 특이적으로 결합하는 제1 항원 결합 단편(**AF1**)(여기서, 상기 AF1은 경쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-L1), 2(CDR-L2), 및 3(CDR-L3) 및 중쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-H1), 2(CDR-H2), 및 3(CDR-H3)을 포함하며, 상기 CDR-H3은 **서열 번호 10**의 아미노산 서열을 포함함); 및

인간 표피 성장 인자 수용체 2(HER2)에 특이적으로 결합하는 제2 항원 결합 단편(**AF2**)

을 포함하는, 이중특이성 항체 작제물(**BsAb**); 및

(c) 상기 XTEN과 상기 이중특이성 항체 작제물 사이에 위치한 방출 세그먼트(**RS**)

를 포함하며,

상기 XTEN은

(i) 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함하고;

(ii) 그의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 본 명세서에서 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루탐이트(E) 또는 프롤린(P)에 의해 확인되고;

(iii) 본 명세서에서 G, A, S, T, E, 또는 P에 의해 확인된 적어도 4가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하고;

(iv) 상기 XTEN은, 각각 9 내지 14개의 아미노산 길이인 복수의 비중첩 서열 모티프들로부터 형성되는 것을 특징으로 하며,

상기 복수의 비중첩 서열 모티프들은

(1) 비중첩 서열 모티프 세트(여기서, 상기 비중첩 서열 모티프 세트의 각각의 비중첩 서열 모티프는 상기 XTEN 내에서 적어도 2회 반복됨); 및

(2) 상기 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 비중첩 서열 모티프

를 포함하며,

상기 바코드 단편(**BAR**)은 상기 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 상기 비중첩 서열 모티프의 적어도 일부를 포함하고;

상기 바코드 단편(**BAR**)은 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하고;

상기 바코드 단편(**BAR**)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 아미노산 또는 상기 C-말단 아미노산을 포함하지 않는 폴리펩티드.

청구항 2

제1항에 있어서, 상기 비중첩 서열 모티프 세트는 각각 독립적으로 본 명세서에서 **서열 번호 179 내지 200 및 1715 내지 1722**에 의해 확인되는, 폴리펩티드.

청구항 3

제1항 또는 제2항에 있어서, 상기 비중첩 서열 모티프 세트는 각각 독립적으로 본 명세서에서 **서열 번호 186 내**

지 189에 의해 확인되는, 폴리펩티드.

청구항 4

제3항에 있어서, 상기 비중첩 서열 모티프 세트는 서열 모티프 **서열 번호 186 내지 189** 중 적어도 2개, 적어도 3개, 또는 4개 모두를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 5

제1항 내지 제4항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 100 내지 3,000개, 150 내지 3,000개, 100 내지 1,000개, 또는 150 내지 1,000개의 아미노산 잔기 길이를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 6

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 적어도 200개, 적어도 250개, 적어도 300개, 적어도 350개, 적어도 400개, 적어도 450개, 또는 적어도 500개의 아미노산 잔기 길이를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 7

제1항 내지 제6항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN의 아미노산 잔기의 적어도 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)인, 폴리펩티드.

청구항 8

제1항 내지 제7항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 **표 3a**에 제시된 서열과 적어도 90%, 적어도 92%, 적어도 95%, 적어도 98%, 적어도 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는, 폴리펩티드.

청구항 9

제1항 내지 제8항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(**BAR**)은, 상기 XTEN 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않는, 폴리펩티드.

청구항 10

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(**BAR**)은 그의 C-말단에 글루탐산을 갖는, 폴리펩티드.

청구항 11

제1항 내지 제10항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(**BAR**)은 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 갖는, 폴리펩티드.

청구항 12

제1항 내지 제11항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(**BAR**)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 또는 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 상기 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이인, 폴리펩티드.

청구항 13

제1항 내지 제12항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(**BAR**)은

(i) 상기 XTEN 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않으며;

(ii) 그의 C-말단에 글루탐산을 가지며;

(iii) 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 가지며;

(iv) 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 또는 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 상기 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이인 것을 특징으로 하는, 폴리펩티드.

청구항 14

제11항 내지 제13항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(BAR)의 상기 N-말단 아미노산 앞에 위치한 상기 글루탐산 잔기는 또 다른 글루탐산 잔기에 바로 인접하지 않는, 폴리펩티드.

청구항 15

제1항 내지 제14항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(BAR)은 제2 글루탐산 바로 뒤에 프롤린이 위치하지 않는 한, 상기 바코드 단편의 C-말단 이외의 위치에 상기 제2 글루탐산 잔기를 포함하지 않는, 폴리펩티드.

청구항 16

제1항 내지 제15항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치하고, 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 17

제1항 내지 제16항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치하고, 상기 바코드 단편(BAR1)은 상기 단백질의 상기 N-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 18

제1항 내지 제15항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치하고, 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 19

제1항 내지 제15항 및 제18항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치하고, 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 단백질의 상기 C-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 20

제1항 내지 제19항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(BAR)은 적어도 4개의 아미노산 길이인, 폴리펩티드.

청구항 21

제20항에 있어서, 상기 바코드 단편(BAR)은 4 내지 20개, 5 내지 15개, 6 내지 12개, 또는 7 내지 10개의 아미노산 길이인, 폴리펩티드.

청구항 22

제1항 내지 제21항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바코드 단편(BAR)은 표 2에 제시된 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 23

제1항 내지 제22항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 근단부와 원단부에 의해 한정된 길이를 가지며, 여기서 (1) 상기 근단부는 상기 원단부에 비해, 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 더 가깝게 위치하고, (2) 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 원단부로부터 측정될 때, 상기 XTEN의 상기 길이의 5% 내지 50%, 7% 내지 40%, 또는 10% 내지 30%를 연장시키는 상기 XTEN의 영역 내에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 24

제1항 내지 제23항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN은 추가의 하나 이상의 바코드 단편을 추가로 포함하며, 상기 추가의 하나 이상의 바코드 단편은 각각 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상

기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이한, 폴리펩티드.

청구항 25

제1항 내지 제24항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 방출 세그먼트(RS)는 본 명세서에서 **서열 번호 7001 내지 7626**에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 26

제1항 내지 제25항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 프로테아제는 프롤린이 뒤에 위치하지 않는 글루탐산 잔기의 C-말단 측에서 절단하는, 폴리펩티드.

청구항 27

제26항에 있어서, 상기 프로테아제는 Glu-C 프로테아제인, 폴리펩티드.

청구항 28

제1항 내지 제27항 중 어느 한 항에 있어서, 융합 단백질로서 발현되며, 상기 융합 단백질은 비절단된 상태에서, N-말단에서 C-말단으로, 본 명세서에서 AF1-AF2-RS-XTEN, AF2-AF1-RS-XTEN, XTEN-RS-AF1-AF2, 또는 XTEN-RS-AF2-AF1에 의해 확인된 구조 배열을 갖는, 폴리펩티드.

청구항 29

제1항 내지 제28항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 방출 세그먼트(RS)는 스페이서에 의해 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 융합되는, 폴리펩티드.

청구항 30

제29항에 있어서, 상기 스페이서는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)인 적어도 4가지 유형의 아미노산을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 31

제29항에 있어서, 상기 스페이서는 **표 C**에 제시된 서열과 적어도 80%, 90%, 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 32

제1항 내지 제31항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)의 상기 CDR-H1 및 상기 CDR-H2는 각각 **서열 번호 8 및 9**의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 33

제1항 내지 제32항 중 어느 한 항에 있어서,

상기 AF1의 상기 CDR-L1은 **서열 번호 1 또는 2**의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 AF1의 상기 CDR-L2는 **서열 번호 4 또는 5**의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 AF1의 상기 CDR-L3은 **서열 번호 6**의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 34

제1항 내지 제32항 중 어느 한 항에 있어서,

상기 AF1의 상기 CDR-L1은 **서열 번호 1**의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 AF1의 상기 CDR-L2는 **서열 번호 4 또는 5**의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 AF1의 상기 CDR-L3은 **서열 번호 6**의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 35

제1항 내지 제32항 중 어느 한 항에 있어서,
 상기 AF1의 상기 CDR-L1은 **서열 번호 2**의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 AF1의 상기 CDR-L2는 **서열 번호 4 또는 5**의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 AF1의 상기 CDR-L3은 **서열 번호 6**의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 36

제1항 내지 제32항 중 어느 한 항에 있어서,
 상기 AF1의 상기 CDR-L1은 **서열 번호 1**의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 AF1의 상기 CDR-L2는 **서열 번호 4**의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 AF1의 상기 CDR-L3은 **서열 번호 6**의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 37

제1항 내지 제32항 중 어느 한 항에 있어서,
 상기 AF1의 상기 CDR-L1은 **서열 번호 2**의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 AF1의 상기 CDR-L2는 **서열 번호 5**의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 AF1의 상기 CDR-L3은 **서열 번호 6**의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 38

제1항 내지 제37항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 각각 **서열 번호 60, 64, 65, 및 67**의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 사슬 가변 도메인 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3), 및 4(FR-H4)를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 39

제1항 내지 제37항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 각각 **서열 번호 61, 64, 65, 및 67**의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 사슬 가변 도메인 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3), 및 4(FR-H4)를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 40

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편은 각각 **서열 번호 51, 52, 53, 및 59**의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 경쇄 가변 도메인 프레임워크 영역(FR-L): FR-L1, FR-L2, FR-L3, 및 FR-L4를 추가로 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 41

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편은 각각 **서열 번호 51, 52, 54, 및 59**의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 경쇄 가변 도메인 프레임워크 영역(FR-L): FR-L1, FR-L2, FR-L3, 및 FR-L4를 추가로 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 42

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편은 각각 **서열 번호 51, 52, 55, 및 59**의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열

동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 경쇄 가변 도메인 프레임워크 영역(FR-L): FR-L1, FR-L2, FR-L3, 및 FR-L4를 추가로 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 43

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편은 각각 서열 번호 51, 52, 56, 및 59의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 경쇄 가변 도메인 프레임워크 영역(FR-L): FR-L1, FR-L2, FR-L3, 및 FR-L4를 추가로 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 44

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며,

상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L3은 서열 번호 53, 54, 55, 또는 56의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-H1은 서열 번호 60 또는 61의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 45

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며,

상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L3은 서열 번호 53의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-H1은 서열 번호 60의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 46

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며,

상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L3은 서열 번호 54의 아미노산 서열을 포함하고;

상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H1은 서열 번호 61의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 47

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며,

상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-L3은 서열 번호 55의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H1은 서열 번호 61의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 48

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며,

상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-L3은 서열 번호 56의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H1은 서열 번호 61의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고;
 상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 49

제1항 내지 제48항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 시험관내 검정(*in vitro* assay)에서 하기에 의해 입증된 바와 같이, 서열 번호 206에 제시된 서열로 구성되는 항-CD3 결합 단편보다 더 높은 열 안정성을 나타내는, 폴리펩티드:

상기 항-CD3 결합 단편에 비해 상기 제1 항원 결합 단편의 더 높은 용융 온도(T_m); 또는

시험 이중특이성 항원 결합 작제물 내로 상기 제1 항원 결합 단편을 도입할 때, 대조 이중특이성 항원 결합 작제물에 비해 상기 시험 이중특이성 항원 결합 작제물의 더 높은 T_m (여기서, 상기 시험 이중특이성 항원 결합 작제물은 상기 제1 항원 결합 단편 및 CD3 이외의 항원에 결합하는 참조 항원 결합 단편을 포함하고; 상기 대조

이중특이성 항원 결합 작제물은 **서열 번호 206**의 상기 서열로 구성되는 상기 항-CD3 결합 단편 및 상기 참조 항원 결합 단편으로 구성됨).

청구항 50

제49항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편의 상기 T_m 은 **서열 번호 206**의 상기 서열로 구성되는 상기 항-CD3 결합 단편의 상기 T_m 보다 적어도 2℃ 더 크거나, 적어도 3℃ 더 크거나, 적어도 4℃ 더 크거나, 또는 적어도 5℃ 더 큰, 폴리펩티드.

청구항 51

제1항 내지 제50항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 중쇄 가변 영역(VH₁)을 포함하며, 상기 VH₁은 **서열 번호 102 또는 105**의 아미노산 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖거나 이와 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 52

제1항 내지 제51항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 가변 영역(VL₁)을 포함하며, 상기 VL₁은 **서열 번호 101, 103, 104, 106, 또는 107** 중 어느 하나의 아미노산 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖거나 이와 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 53

제51항 또는 제52항에 있어서, 상기 VH₁ 및 상기 VL₁은 **표 A**에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커에 의해 연결되는, 폴리펩티드.

청구항 54

제1항 내지 제53항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 **서열 번호 201 내지 205** 중 어느 하나의 아미노산 서열과 적어도 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖거나 이와 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 55

제1항 내지 제54항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 인간 또는 사이노몰거스 원숭이(사이노(Cyno)) CD3에 특이적으로 결합하는, 폴리펩티드.

청구항 56

제55항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 인간 CD3에 특이적으로 결합하는, 폴리펩티드.

청구항 57

제1항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 본 명세서에서 CD3의 CD3 엡실론, CD3 델타, CD3 감마, 또는 CD3 제타 단위에 의해 확인된 CD3 복합체 하위단위에 결합하는, 폴리펩티드.

청구항 58

제57항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 CD3의 CD3 엡실론 단편에 결합하는, 폴리펩티드.

청구항 59

제1항 내지 제58항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 6.6 이하의 등전점(pI)을 나타내는, 폴리펩티드.

청구항 60

제59항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 6.0 내지 6.6(중점 포함)의 등전점(pI)을 나타내는, 폴리펩

티드.

청구항 61

제1항 내지 제60항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 서열 번호 206에 제시된 서열로 구성되는 참조 항원 결합 단편의 등전점(pI)보다 적어도 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 또는 1.0 pH 단위가 더 낮은 pI를 나타내는, 폴리펩티드.

청구항 62

제1항 내지 제61항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은, 인간 또는 사이노 CD3 항원을 포함하는 시험관내 항원-결합 검정에서 결정될 때, 약 10 nM 내지 약 400 nM의 해리 상수(K_d)로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으로 결합하는, 폴리펩티드.

청구항 63

제1항 내지 제62항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은, 시험관내 항원-결합 검정에서 결정될 때, 약 10 nM 미만, 또는 약 50 nM 미만, 또는 약 100 nM 미만, 또는 약 150 nM 미만, 또는 약 200 nM 미만, 또는 약 250 nM 미만, 또는 약 300 nM 미만, 또는 약 350 nM 미만, 또는 약 400 nM 미만의 해리 상수(K_d)로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으로 결합하는, 폴리펩티드.

청구항 64

제1항 내지 제63항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은, 시험관내 항원-결합 검정에서 각각의 해리 상수들(K_d)에 의해 결정될 때, 서열 번호 206의 아미노산 서열로 구성되는 항원 결합 단편에 비해 적어도 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 또는 적어도 10배 더 약한 CD3에 대한 결합 친화도를 나타내는, 폴리펩티드.

청구항 65

제1항 내지 제64항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 키메라(chimeric) 또는 인간화(humanized) 항원 결합 단편인, 폴리펩티드.

청구항 66

제1항 내지 제65항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 Fv, Fab, Fab' , Fab' -SH, 선형 항체, 또는 단일쇄 가변 단편(scFv)인, 폴리펩티드.

청구항 67

제1항 내지 제66항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 항원 결합 단편(AF2)은 Fv, Fab, Fab' , Fab' -SH, 선형 항체, 단일 도메인 항체, 또는 단일쇄 가변 단편(scFv)인, 폴리펩티드.

청구항 68

제1항 내지 제66항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편 및 제2 항원 결합 단편은 (Fab')₂ 또는 단일쇄 디아바디(diabody)로서 구성되는, 폴리펩티드.

청구항 69

제1항 내지 제68항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 항원 결합 단편(AF2)은,
본 명세서에서 서열 번호 778 내지 783에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역(VH_{II}), 및
본 명세서에서 서열 번호 878 내지 883에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역(VL_{II})
을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 70

제69항에 있어서, 상기 VH_{II} 및 상기 VL_{II} 는 표 A에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커에 의해 연결되는, 폴리펩티드.

청구항 71

제1항 내지 제70항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 항원 결합 단편과 제2 항원 결합 단편은 펩티드 링커에 의해 함께 융합되는, 폴리펩티드.

청구항 72

제70항에 있어서, 상기 펩티드 링커는, 글리신, 세린, 또는 프롤린인 2가지 또는 3가지 유형의 아미노산을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 73

제70항 또는 제72항에 있어서, 상기 펩티드 링커는 표 B에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 74

제1항 내지 제73항 중 어느 한 항에 있어서,

상기 XTEN은 제1 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN1)이고;

상기 XTEN1을 형성하는 상기 복수의 비중첩 서열 모티프들은 제1 복수의 비중첩 서열 모티프들이고;

상기 BAR은 제1 바코드 단편(BAR1)이고;

상기 RS는 제1 방출 세그먼트(RS1)이고;

상기 폴리펩티드는

(d) 상기 프로테아제에 의한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 제2 바코드 단편(BAR2)을 포함하는, 제2 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN2); 및

(e) 상기 제2 XTEN(XTEN2)과 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb) 사이에 위치한 제2 방출 세그먼트(RS2)

를 추가로 포함하며,

상기 XTEN2는

(i) 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함하고;

(ii) 그의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)이고;

(iii) G, A, S, T, E, 또는 P인, 적어도 4가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하는 것을 특징으로 하며;

상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하고;

상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 아미노산 또는 상기 C-말단 아미노산을 포함하지 않는, 폴리펩티드.

청구항 75

제74항에 있어서, 상기 XTEN1은 상기 이중특이성 항체 작제물의 N-말단에 위치하고, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물의 C-말단에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 76

제74항에 있어서, 상기 XTEN1은 상기 이중특이성 항체 작제물의 C-말단에 위치하고, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물의 N-말단에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 77

제74항 내지 제76항 중 어느 한 항에 있어서,

(iv) 상기 XTEN2는, 각각 9 내지 14개의 아미노산 길이인 제2 복수의 비중첩 서열 모티프들로부터 형성되며, 상기 제2 복수의 비중첩 서열 모티프들은

(1) 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트(여기서, 상기 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트의 각각의 비중첩 서열 모티프는 상기 제2 XTEN 내에서 적어도 2회 반복됨); 및

(2) 상기 제2 XTEN 내에서 단지 1회만 발생되는 비중첩 서열 모티프

를 포함하며,

상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 제2 XTEN 내에서 단지 1회만 발생되는 상기 비중첩 서열 모티프의 적어도 일부를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 78

제77항에 있어서, 상기 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트는 각각 독립적으로 본 명세서에서 서열 번호 179 내지 200 및 1715 내지 1722에 의해 확인되는, 폴리펩티드.

청구항 79

제78항에 있어서, 상기 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트는 각각 독립적으로 본 명세서에서 서열 번호 186 내지 189에 의해 확인되는, 폴리펩티드.

청구항 80

제79항에 있어서, 상기 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트는 서열 모티프 서열 번호 186 내지 189 중 적어도 2개, 적어도 3개, 또는 4개 모두를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 81

제74항 내지 제80항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 100 내지 3,000개, 150 내지 3,000개, 100 내지 1,000개, 또는 150 내지 1,000개의 아미노산 잔기 길이를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 82

제74항 내지 제81항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 적어도 200개, 적어도 250개, 적어도 300개, 적어도 350개, 적어도 400개, 적어도 450개, 또는 적어도 500개의 아미노산 잔기 길이를 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 83

제74항 내지 제82항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2의 아미노산 잔기의 적어도 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)인, 폴리펩티드.

청구항 84

제74항 내지 제83항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 표 3a에 제시된 서열과 적어도 90%, 적어도 92%, 적어도 95%, 적어도 98%, 적어도 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는, 폴리펩티드.

청구항 85

제74항 내지 제84항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은, 상기 XTEN2 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않는, 폴리펩티드.

청구항 86

제74항 내지 제85항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 그의 C-말단에 글루탐산을 갖는,

폴리펩티드.

청구항 87

제74항 내지 제86항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 갖는, 폴리펩티드.

청구항 88

제74항 내지 제87항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 또는 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 상기 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이인, 폴리펩티드.

청구항 89

제74항 내지 제88항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은

- (i) 상기 XTEN2 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않으며;
- (ii) 그의 C-말단에 글루탐산을 가지며;
- (iii) 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 가지며;
- (iv) 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 또는 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 상기 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이인 것을 특징으로 하는, 폴리펩티드.

청구항 90

제87항 내지 제89항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 BAR2의 상기 N-말단 아미노산 앞에 위치한 상기 글루탐산 잔기는 또 다른 글루탐산 잔기에 바로 인접하지 않는, 폴리펩티드.

청구항 91

제74항 내지 제90항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 제2 글루탐산 바로 뒤에 프롤린이 위치하지 않는 한, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)의 C-말단 이외의 위치에 상기 제2 글루탐산 잔기를 포함하지 않는, 폴리펩티드.

청구항 92

제74항 내지 제91항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치하고, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 93

제74항 내지 제92항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치하고, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 단백질의 상기 N-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 94

제74항 내지 제93항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치하고, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 95

제74항 내지 제94항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치하고, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 단백질의 상기 C-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 96

제74항 내지 제95항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 적어도 4개의 아미노산 길이인, 폴리펩티드.

청구항 97

제96항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 4 내지 20개, 5 내지 15개, 6 내지 12개, 또는 7 내지 10개의 아미노산 길이인, 폴리펩티드.

청구항 98

제74항 내지 제97항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 표 2에 제시된 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 99

제74항 내지 제98항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 근단부와 원단부에 의해 한정된 길이를 가지며, 여기서 (1) 상기 XTEN2의 상기 근단부는 상기 원단부에 비해, 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 더 가깝게 위치하고, (2) 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 XTEN2의 상기 원단부로부터 측정될 때, 상기 XTEN2의 상기 길이의 5% 내지 50%, 7% 내지 40%, 또는 10% 내지 30%를 연장시키는 상기 XTEN2의 영역 내에 위치하는, 폴리펩티드.

청구항 100

제74항 내지 제99항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 XTEN2는 추가의 하나 이상의 바코드 단편을 추가로 포함하며, 상기 XTEN2의 상기 추가의 하나 이상의 바코드 단편은 각각 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이한, 폴리펩티드.

청구항 101

제74항 내지 제100항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 방출 세그먼트(RS1)와 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 서열이 동일한, 폴리펩티드.

청구항 102

제74항 내지 제100항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 방출 세그먼트(RS1)와 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 서열이 동일하지 않은, 폴리펩티드.

청구항 103

제74항 내지 제102항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 104

제74항 내지 제103항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 방출 세그먼트(RS1) 및 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 각각, 각각의 방출 세그먼트 서열 내의 1개, 2개, 또는 3개의 절단 부위에서의 다수의 프로테아제에 의한 절단을 위한 기질인, 폴리펩티드.

청구항 105

제74항 내지 제104항 중 어느 한 항에 있어서, 융합 단백질로서 발현되며, 상기 융합 단백질은 비절단된 상태에서, N-말단에서 C-말단으로, 본 명세서에서 XTEN1-RS1-AF1-AF2-RS2-XTEN2, XTEN1-RS1-AF2-AF1-RS2-XTEN2, XTEN2-RS2-AF1-AF2-RS1-XTEN1, XTEN2-RS2-AF2-AF1-RS1-XTEN1, XTEN1-RS1-디아바디-RS2-XTEN2, 또는 XTEN2-RS2-디아바디-RS1-XTEN1에 의해 확인된 구조 배열을 가지며,

상기 디아바디는 상기 AF1의 경쇄 가변 영역(VL_I), 상기 AF1의 중쇄 가변 영역(VH_I), 상기 AF2의 경쇄 가변 영역(VL_{II}), 및 상기 AF2의 중쇄 가변 영역(VH_{II})을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 106

제74항 내지 제105항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 방출 세그먼트(RS1)의 상기 스페이서는 제1 스페이서이고, 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 제2 스페이서에 의해 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 융합되는, 폴리펩티드.

청구항 107

제106항에 있어서, 상기 제2 스페이서는, 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)인 적어도 4가지 유형의 아미노산을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 108

제106항에 있어서, 상기 제2 스페이서는 표 C에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 109

제74항에 있어서,

(a) 상기 XTEN1은 표 3a에 제시된 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(b) 상기 BsAb는

(I) 경쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-L1), 2(CDR-L2), 및 3(CDR-L3) 및 각각 서열 번호 8, 9, 및 10의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-H1), 2(CDR-H2), 및 3(CDR-H3)을 포함하는, 상기 AF1; 및

(II) 본 명세서에서 서열 번호 778 내지 783에 의해 확인된 경쇄 가변 영역(VL_{II}) 및 본 명세서에서 서열 번호 878 내지 883에 의해 확인된 중쇄 가변 영역(VH_{II})을 포함하는 상기 AF2

를 포함하고;

(c) 상기 RS1은 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(d) 상기 XTEN2는 표 3a에 제시된 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(e) 상기 RS2는 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고,

상기 폴리펩티드는, N-말단에서 C-말단으로, 본 명세서에서 XTEN1-RS1-AF2-AF1-RS2-XTEN2, XTEN1-RS1-AF1-AF2-RS2-XTEN2, XTEN2-RS2-AF2-AF1-RS1-XTEN1, 또는 XTEN2-RS2-AF1-AF2-RS1-XTEN1에 의해 확인된 구조 배열을 갖는, 폴리펩티드.

청구항 110

제1항 내지 제109항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 폴리펩티드는 어떠한 XTEN에도 연결되지 않은 이중특이성 항체 작제물에 비하여 적어도 2배 더 긴 최종 반감기(terminal half-life)를 갖는, 폴리펩티드.

청구항 111

제1항 내지 제110항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 폴리펩티드는 어떠한 XTEN에도 연결되지 않은 이중특이성 항체 작제물에 비하여, 대상체에 대한 비슷한 용량의 투여 후에 상기 이중특이성 항체 작제물에 선택적으로 결합하는 IgG 항체의 생성을 측정함으로써 확인된 바와 같이 덜 면역원성인, 폴리펩티드.

청구항 112

제1항 내지 제111항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 폴리펩티드는 생리학적 조건 하에서의 겔보기 분자량 계수 (apparent molecular weight factor)가 약 3 초과, 약 4 초과, 약 5 초과, 또는 약 6 초과를 나타내는, 폴리펩티드.

청구항 113

제1항에 있어서, 상기 폴리펩티드는 표 D에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 폴리펩티드.

청구항 114

제1항 내지 제113항 중 어느 한 항의 폴리펩티드 및 하나 이상의 약제학적으로 적합한 부형제를 포함하는 약제학적 조성물.

청구항 115

제114항에 있어서, 상기 약제학적 조성물은 피내, 피하, 경구, 정맥내, 동맥내, 복강내, 복막내, 수강내, 또는 근육내 투여를 위해 제형화되는, 약제학적 조성물.

청구항 116

제114항 또는 제115항에 있어서, 상기 약제학적 조성물은 액체 형태이거나 냉동된, 약제학적 조성물.

청구항 117

제114항 내지 제116항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 약제학적 조성물은 단위 주사용 사전충전 주사기 내에 들어 있는, 약제학적 조성물.

청구항 118

제117항에 있어서, 상기 약제학적 조성물은 투여 전에 재구성되는 동결건조된 분말로서 제형화되는, 약제학적 조성물.

청구항 119

제114항에 있어서, 상기 조성물은 항체, 항체 단편, 항체 접합체, 세포독성제, 독소, 방사성 핵종, 면역조절제, 광활성 치료제, 방사선 감작제, 호르몬, 항혈관생성제, 및 이들의 조합으로 구성되는 군으로부터 선택되는 적어도 하나의 추가의 치료제와의 약제학적 병용물 형태인, 약제학적 조성물.

청구항 120

제119항에 있어서, 상기 추가의 치료제는 PD-1/PD-L1(2) 억제제인, 약제학적 조성물.

청구항 121

제120항에 있어서, 상기 PD-1/PD-L1(2) 억제제는 항-PD-1 항체 또는 항-PD-L1 항체 또는 항-PD-L2 항체인, 약제학적 병용물.

청구항 122

제121항에 있어서, 상기 PD-1/PD-L1(2) 억제제는 니볼루맵(Opdivo, BMS-936558, MDX1106), 캄브롤리주맵(Keytruda, MK-3475, 람브롤리주맵), 피딜리주맵(CT-011), PDR-001, JS001, STI-A1110, AMP-224 및 AMP-514(MEDI0680)를 포함하는 군으로부터 선택되는 항-PD-1 항체인, 약제학적 병용물.

청구항 123

제121항에 있어서, 상기 PD-1/PD-L1(2) 억제제는 아테졸리주맵(Tecentriq, MPDL3280A), 두르발루맵(MEDI4736), 아벨루맵(MSB0010718C), BMS-936559(MDX1105) 및 LY3300054를 포함하는 군으로부터 선택되는 항-PD-L1 항체인,

약제학적 병용물.

청구항 124

제121항에 있어서, 상기 PD-1/PD-L1(2) 억제제는 항-PD-L2 항체인, 약제학적 병용물.

청구항 125

제119항에 있어서, 상기 병용물은 성분들이 서로 분리되어 담긴 콤비네이션 팩(combination pack)인, 약제학적 병용물.

청구항 126

제119항에 있어서, 상기 성분들은 동일한 질병의 치료에 사용하기 위하여 동시에 또는 순차적으로 별개의 투여 형태로 투여되는, 약제학적 병용물.

청구항 127

과증식성 장애를 치료하기 위한 약제로서 사용하기 위한 제119항의 약제학적 병용물.

청구항 128

제127항에 있어서, 상기 과증식성 장애는 유방, 기도, 뇌, 생식 기관, 소화관, 요로, 눈, 간, 피부, 두경부, 갑상선, 부갑상선의 암 및 이들의 원격 전이로 구성되는 군으로부터 선택되는, 약제학적 병용물.

청구항 129

대상체에서 질병의 치료를 위한 약제의 제조에서의 제1항 내지 제112항 중 어느 한 항의 폴리펩티드 또는 제119항 내지 제128항 중 어느 한 항의 약제학적 병용물의 용도.

청구항 130

제129항에 있어서, 상기 질병은 암인, 용도.

청구항 131

대상체에서 질병을 치료하는 방법으로서,

질병의 치료를 필요로 하는 상기 대상체에게 제114항 내지 제118항 중 어느 한 항의 약제학적 조성물 또는 제119항 내지 제128항 중 어느 한 항의 약제학적 병용물의 1회 이상의 치료적 유효 용량을 투여하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 132

제131항에 있어서, 상기 질병은 암인, 방법.

청구항 133

제132항에 있어서, 상기 암은 교아세포종, 흑색종, 담관 암종, 소세포 폐암, 결직장암, 전립선암, 질암, 혈관육종, 비소세포 폐암, 충수암, 편평세포암, 타액선 도관 암종, 선양 낭포 암종, 소장암, 및 담낭암으로 구성되는 군으로부터 선택되는, 방법.

청구항 134

제131항 내지 제133항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 약제학적 조성물은 1회 이상의 치료적 유효 용량으로서 상기 대상체에게 투여되는, 방법.

청구항 135

제131항 내지 제134항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 약제학적 조성물은 유효 투여 기간에 걸쳐 1회 이상의 치료적 유효 용량으로서 상기 대상체에게 투여되는, 방법.

청구항 136

제131항 내지 제134항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대상체는 마우스, 래트, 원숭이, 또는 인간인, 방법.

청구항 137

(a) 제1항 내지 제112항 중 어느 한 항의 폴리펩티드를 인코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열; 또는 (b) (a)의 상기 폴리뉴클레오티드 서열의 역상보체를 포함하는 핵산.

청구항 138

제1항 내지 제112항 중 어느 한 항의 상기 폴리뉴클레오티드 서열, 및 상기 폴리뉴클레오티드 서열에 작동 가능하게 연결된 재조합 조절 서열을 포함하는 발현 벡터.

청구항 139

제138항의 상기 발현 벡터를 포함하는 숙주 세포.

청구항 140

제139항에 있어서, 상기 숙주 세포는 원핵생물인, 숙주 세포.

청구항 141

제140항에 있어서, 상기 숙주 세포는 E. 콜리(*E. coli*)인, 숙주 세포.

청구항 142

제139항에 있어서, 상기 숙주 세포는 포유류 세포인, 숙주 세포.

발명의 설명

기술 분야

[0001] 서열 목록에 대한 진술:

[0002] 서열 목록의 컴퓨터 판독가능 형태가 전자 제출에 의해 본 출원과 함께 제출되고, 전체적으로 본 출원에 참고로 포함된다. 서열 목록은 파일명이 "789-601_20-1832-WO_ST25_FINAL.txt" 인 2021년 6월 14일에 생성된 파일 내에 수록되고, 크기가 1502 kb이다.

[0003] 참고문헌에 대한 진술

[0004] 본 출원은, 발명의 명칭이 "BARCODED BISPECIFIC COMPOSITIONS AND METHODS FOR MAKING AND USING THE SAME"인 2020년 6월 25일에 출원된 미국 가출원 제63/044,301호; 발명의 명칭이 "BARCODED BISPECIFIC COMPOSITIONS AND METHODS FOR MAKING AND USING THE SAME"인 2020년 9월 11일에 출원된 미국 가출원 제63/077,503호; 발명의 명칭이 "BARCODED BISPECIFIC COMPOSITIONS AND METHODS FOR MAKING AND USING THE SAME"인 2020년 11월 2일에 출원된 미국 가출원 제63/108,783호; 발명의 명칭이 "HER2 TARGETED BISPECIFIC COMPOSITIONS AND METHODS FOR MAKING AND USING THE SAME"인 2021년 3월 26일에 출원된 미국 가출원 제63/166,857호; 및 발명의 명칭이 "HER2 TARGETED BISPECIFIC COMPOSITIONS AND METHODS FOR MAKING AND USING THE SAME"인 2021년 6월 3일에 출원된 미국 가출원 제63/196,408호에 대한 우선권을 주장하며, 이들 모두는 전체적으로 본 명세서에 포함된다.

배경 기술

[0005] 이중특이성 T 세포 인게이지(T Cell Engager, TCE)는 종양 항원의 T-세포 인식에 대한 요건을 우회함으로써, 선택된 종양-관련 항원을 발현하는 종양에 대한 T-세포 세포독성을 재유도하는 암 요법을 위한 매우 강력한 양식을 제시한다. TCE의 활성화는 T 세포 수용체(TCR)의 효과적인 자극을 통해 T 세포를 활성화하는 능력에 따라 달라진다. TCE의 극단적인 효능(extreme potency)은, T 세포와 표적 세포 사이에 면역 시냅스를 형성하여 세포독성을 개시하도록 3개 정도로 적은 수의 TCR이 자극되고 합쳐지기 위한 최소한의 요건에서 유도된다. 세포독성 유도에 추가하여, TCE의 효능은 또한 항-종양 면역 반응을 향상시키고 증폭시키는, T-세포 활성화의 하류에 있는

사이토카인-유도 작용을 포함한다. 따라서, TCE는, 불충분한 돌연변이를 보유하거나 기타 다른 수단에 의해 면역 감시를 벗어난 종양을 갖는 환자에게 유망한 면역요법을 제공한다. 그러나, 이러한 양식은 그 자체에 어려움이 없지 않으며, 고형 종양에서 TCE를 사용하는 것은 TCE의 극단적인 효능 및 건강한 조직의 표적-적중, 종양-외 독성(on target, off-tumor toxicity)에 의해 제한되어 있다.

[0006] TCE는 혈액암을 갖는 환자의 관해(remission) 유도에 매우 효과적이었지만, 고형 종양에서의 TCE의 사용은 극단적인 효능 및 심지어 낮은 수준의 표적을 발현하는 정상 조직에 대한 표적-적중 독성에 의해 제한되어 있다. 통상적으로 면역요법에 대해 불응성인 종양(예를 들어, 미소부수체-안정성(microsatellite-stable) 결직장암 및 전립선암)에 대해 임상적이지만 드문 임상 반응이 관찰되었지만, 저용량에서의 사이토카인 방출 증후군과 같은 독성이 이 양식의 임상적 잠재성을 밝혀내기 위한 용량 점증을 막아 왔다. 1 ug/kg 미만 용량의 Ichnos ISB 1302 HER2 TCE로 치료되는 환자에서 유도된 등급 4 사이토카인 방출 증후군은 심지어 비교적 조직-제한된 표적을 대상으로 하는 경우에도 TCE가 직면한 난제를 강조한다.

[0007] 블리나투모맵(승인된 CD3xCD19 이중특이성 항체)을 사용한 임상 시험에서 사이토카인 방출 증후군(CRS)이 주요 안전성-관련 유해 사건들 중 하나인 것으로 나타났다. 저 약물 용량에서의 CRS 및 표적-적중 독성은 고형 종양에 대한 임상에서 TCE 양식의 치료 지수(therapeutic index) 및 잠재성을 상당히 손상시켰다. 예를 들어, 카투막소맵(CD3xEpCAM)에 대한 임상 시험은 10 ug 용량에서의 약물-관련 간부전(hepatic failure)으로 인해 종결되었다. 또 다른 시험인 HER2-표적화된 TCE(Glenmark GBRI302)에서는, G4 CRS의 발병으로 인해 이 작용제(agent)의 용량이 1 ug/kg 미만으로 제한되었다. 파소투수맵(PSMA-표적화된 TCE)은 우수한 반응을 나타내었지만, 40 ug/일 초과 용량에서 CRS에 의해 방해를 받았다. 문헌은 TCE에 의해 제시되는 CRS 및 표적-적중 독성 난제에 관한 다른 예로 가득차 있다.

[0008] CRS를 피하기 위한 시도에는 복잡한 분자 설계가 포함되지만, 독성 및/또는 증강된 면역원성으로 인해 성공적이지 않았다. 이는 고형 종양에서의 치료 지수 난제를 극복할 수 있는 새로운 전략에 대한 상당한 미충족 요구를 제시한다. TCE의 효능을 이용할 수 있고 CRS 및 표적-적중 독성 난제를 제어할 수 있다면, 광범위한 암에 잠재적으로 사용할 수 있는 강력한 치료제를 생성하는 것이 가능할 수 있다.

[0009] 약물 물질(drug substance)과 같은 치료제는 약물 물질의 활성화에 영향을 미칠 수 있는 폴리펩티드들의 혼합물을 생성하는 방식으로 생성될 수 있는 폴리펩티드를 포함한다. 폴리펩티드들의 혼합물은 종종 전장(full-length) 폴리펩티드를 이의 크기 변이체(예를 들어, 절단체)와 함께 포함할 수 있다. 원하는 전장 생성물과 크기가 상이한 변이체들의 존재는 약물 물질의 생물학적 거동에 영향을 줄 수 있으며, 이는 잠재적으로 폴리펩티드 약물 물질의 안전성 및/또는 효능에 영향을 줄 수 있다. 예를 들어, 암 요법을 위한 단백질-기반 전구약물이 종양-표적화된 활성화 기전을 갖도록 조작될 수 있다. 더 구체적으로는, 전장 치료용 단백질은 비활성(비세포독성) 전구 약물 형태일 수 있는 반면, 전장 작제물의 절단 변이체는 보호 서열을 상실하고 세포독성이 되어(활성), 전구 약물 조성물을 "오염"시킬 수 있다. 일부 경우에, 그러한 더 짧은 길이의 변이체는 전장 단백질과 비교하여 면역원성의 위험이 더 크거나, 종양 세포에 대한 선택적인 독성이 더 적거나, 덜 바람직한 약동학적 프로파일을 나타낼 수 있다(예를 들어, 치료역(therapeutic window)이 좁아짐). 결과적으로, 단백질 구조 변형의 검출 및 정량화가 생물치료제의 생물학적 특성(예를 들어, 임상 안전성 및 약리학적 효능)을 평가하고 (예를 들어, 증가된 효능 및 감소된 부작용을 갖는) 신규 생물치료제를 개발하는 데 중요할 수 있다. "오염성" 절단 생성물의 양을 확인하고 정량화하기 위한 기존의 기법 및 방법은 제한된 민감성, 용이성, 효율, 또는 유효성과 같은 하나 이상의 결점을 포함할 수 있다.

발명의 내용

[0010] 본 발명은 증가된 치료 지수를 갖는 TCE 암 치료제를 제공하는 데 있어 오랫동안 느껴온 미충족 요구를 해결한다. 그렇게 하는 데 있어서, 본 발명은 XTEN화된 프로테아제-활성화 이중특이성 T 세포 인게이지어(XTENylated protease activated bispecific T cell engager, XPAT)를 제공함으로써 TCE의 치료적 잠재력을 이용한다. XPAT는, 고형 종양에 대한 T 세포 인게이지어의 효능을 유지하면서 T 세포 인게이지어의 독성 프로파일을 개선함으로써 이 강력한 양식에 대한 표적 범위(target landscape)의 확장 및 치료 지수의 상당한 증가를 가능하게 하기 위한 신규한 전략을 나타낸다. 특정 구체적인 구현예에서, 본 발명의 XPAT는 HER2-보유 종양을 표적화한다. 더 구체적으로는, AMX-818은, 프로테아제 억제제 우세한 건강한 조직은 보호하면서, 종양에서의 조절이상(dysregulated) 프로테아제 활성을 이용함으로써 안전성 여유도(safety margin) 및 치료 지수를 확대하도록 설계된 HER2-표적화된, 조건부 활성화(conditionally activated) 전구약물 TCE이다.

[0011] N-말단 아미노산 및 C-말단 아미노산을 갖는 폴리펩티드가 본 명세서에 제공되며, 상기 폴리펩티드는 (a) 프로

테아제에 의한 분해(digestion) 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 바코드 단편(BAR)을 포함하는, 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN); (b) 분화 클러스터 3 T 세포 수용체(CD3)에 특이적으로 결합하는 제1 항원 결합 단편(AF1)(여기서, 상기 AF1은 경쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-L1), 2(CDR-L2), 및 3(CDR-L3) 및 중쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-H1), 2(CDR-H2), 및 3(CDR-H3)을 포함하며, 상기 CDR-H3은 **서열 번호 10**의 아미노산 서열을 포함함); 및 인간 표피 성장 인자 수용체 2(HER2)에 특이적으로 결합하는 제2 항원 결합 단편(AF2)을 포함하는, 이중특이성 항체 작제물(BsAb); 및 (c) 상기 XTEN과 상기 이중특이성 항체 작제물 사이에 위치한 방출 세그먼트(RS)를 포함하며, 상기 XTEN은 (i) 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함하고; (ii) 그의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)이고; (iii) G, A, S, T, E, 또는 P인, 적어도 4가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하는 것을 특징으로 하며; (iv) 상기 XTEN은, 각각 9 내지 14개의 아미노산 길이인 복수의 비중첩 서열 모티프들로부터 형성되는 것을 특징으로 하며, 상기 복수의 비중첩 서열 모티프들은 (1) 비중첩 서열 모티프 세트(여기서, 상기 비중첩 서열 모티프 세트의 각각의 비중첩 서열 모티프는 상기 XTEN 내에서 적어도 2회 반복됨); 및 (2) 상기 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 비중첩 서열 모티프를 포함하며, 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 상기 비중첩 서열 모티프의 적어도 일부를 포함하고; 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하고; 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 아미노산 또는 상기 C-말단 아미노산을 포함하지 않는다.

[0012] 특정 구현예에서, 상기 비중첩 서열 모티프 세트는 각각 독립적으로 본 명세서에서 **서열 번호 179 내지 200 및 1715 내지 1722**에 의해 확인된 아미노산을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 비중첩 서열 모티프 세트는 각각 독립적으로 본 명세서에서 **서열 번호 186 내지 189**에 의해 확인된 아미노산을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 비중첩 서열 모티프 세트는 서열 모티프 **서열 번호 186 내지 189** 중 적어도 2개, 적어도 3개, 또는 4개 모두를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 100 내지 3,000개, 150 내지 3,000개, 100 내지 1,000개, 또는 150 내지 1,000개의 아미노산 잔기 길이를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 적어도 200개, 적어도 250개, 적어도 300개, 적어도 350개, 적어도 400개, 적어도 450개, 또는 적어도 500개의 아미노산 잔기 길이를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN의 아미노산 잔기의 적어도 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)이다.

[0013] 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 **표 3a**에 제시된 서열과 적어도 90%, 적어도 92%, 적어도 95%, 적어도 98%, 적어도 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은, 상기 XTEN 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않는다. 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은 그의 C-말단에 글루탐산을 갖는다. 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 갖는다. 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 또는 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 상기 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이이다. 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은 (i) 상기 XTEN 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않으며; (ii) 그의 C-말단에 글루탐산을 가지며; (iii) 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 가지며; (iv) 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 또는 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 상기 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이인 것을 특징으로 한다. 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)의 상기 N-말단 아미노산 앞에 위치한 상기 글루탐산 잔기는 또 다른 글루탐산 잔기에 바로 인접하지 않는다.

[0014] 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은 제2 글루탐산 바로 뒤에 프롤린이 위치하지 않는 한, 상기 바코드 단편의 C-말단 이외의 위치에 상기 제2 글루탐산 잔기를 포함하지 않는다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치하고, 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치하고, 상기 바코드 단편(BAR1)은 상기 단백질의 상기 N-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치하고, 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치하고, 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 단백질의 상기 C-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치한다.

특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은 적어도 4개의 아미노산 길이이다. 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은 4 내지 20개, 5 내지 15개, 6 내지 12개, 또는 7 내지 10개의 아미노산 길이이다.

[0015] 특정 구현예에서, 상기 바코드 단편(BAR)은 표 2에 제시된 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 근단부와 원단부에 의해 한정된 길이를 가지며, 여기서 (1) 상기 근단부는 상기 원단부에 비해, 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 더 가깝게 위치하고, (2) 상기 바코드 단편(BAR)은 상기 원단부로부터 측정될 때, 상기 XTEN의 상기 길이의 5% 내지 50%, 7% 내지 40%, 또는 10% 내지 30%를 연장시키는 상기 XTEN의 영역 내에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 추가의 하나 이상의 바코드 단편을 추가로 포함하며, 상기 추가의 하나 이상의 바코드 단편은 각각 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하다. 특정 구현예에서, 상기 방출 세그먼트(RS)는 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 프로테아제는 프로린 뒤에 위치하지 않는 글루탐산 잔기의 C-말단 측에서 절단한다. 특정 구현예에서, 상기 프로테아제는 Glu-C 프로테아제이다.

[0016] 특정 구현예에서, 상기 폴리펩티드는 융합 단백질로서 발현되며, 상기 융합 단백질은 비절단된 상태에서, N-말단에서 C-말단으로, AF1-AF2-RS-XTEN, AF2-AF1-RS-XTEN, XTEN-RS-AF1-AF2, 또는 XTEN-RS-AF2-AF1인 구조 배열을 갖는다. 특정 구현예에서, 상기 방출 세그먼트(RS)는 스페이서에 의해 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 융합된다. 특정 구현예에서, 상기 스페이서는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)인 적어도 4가지 유형의 아미노산을 포함할 수 있다. 특정 구현예에서, 상기 스페이서는 표 C에 제시된 서열과 적어도 80%, 90%, 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)의 상기 CDR-H1 및 상기 CDR-H2는 각각 서열 번호 8 및 9의 아미노산 서열을 포함한다.

[0017] 특정 구현예에서, 상기 AF1의 상기 CDR-L1은 서열 번호 1 또는 2의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L2는 서열 번호 4 또는 5의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 AF1의 상기 CDR-L1은 서열 번호 1의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L2는 서열 번호 4 또는 5의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 AF1의 상기 CDR-L1은 서열 번호 2의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L2는 서열 번호 4 또는 5의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 AF1의 상기 CDR-L1은 서열 번호 1의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L2는 서열 번호 4의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 AF1의 상기 CDR-L1은 서열 번호 2의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L2는 서열 번호 5의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 AF1의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 각각 서열 번호 60, 64, 65, 및 67의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 사슬 가변 도메인 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3), 및 4(FR-H4)를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 각각 서열 번호 61, 64, 65, 및 67의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 사슬 가변 도메인 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3), 및 4(FR-H4)를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편은 각각 서열 번호 51, 52, 53, 및 59의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 경쇄 가변 도메인 프레임워크 영역(FR-L): FR-L1, FR-L2, FR-L3, 및 FR-L4를 추가로 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편은 각각 서열 번호 51, 52, 54, 및 59의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 경쇄 가변 도메인 프레임워크 영역(FR-L): FR-L1, FR-L2, FR-L3, 및 FR-L4를 추가로 포함한다.

[0018] 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편은 각각 서열 번호 51, 52, 55, 및 59의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와 동일한 4개의 경쇄 가변 도메인 프레임워크 영역(FR-L): FR-L1, FR-L2, FR-L3, 및 FR-L4를 추가로 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편은 각각 서열 번호 51, 52, 56, 및 59의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 나타내거나 이와

동일한 4개의 경쇄 가변 도메인 프레임워크 영역(FR-L): FR-L1, FR-L2, FR-L3, 및 FR-L4를 추가로 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며, 상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L3은 서열 번호 53, 54, 55, 또는 56의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H1은 서열 번호 60 또는 61의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함한다.

[0019] 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며, 상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L3은 서열 번호 53의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H1은 서열 번호 60의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함한다.

[0020] 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며, 상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L3은 서열 번호 54의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H1은 서열 번호 61의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함한다.

[0021] 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며, 상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L3은 서열 번호 55의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H1은 서열 번호 61의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함한다.

[0022] 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 프레임워크 영역 1(FR-L1), 2(FR-L2), 3(FR-L3), 및 4(FR-L4) 및 중쇄 프레임워크 영역 1(FR-H1), 2(FR-H2), 3(FR-H3) 및 4(FR-H4)를 추가로 포함하며, 상기 FR-L1은 서열 번호 51의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L2는 서열 번호 52의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L3은 서열 번호 56의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-L4는 서열 번호 59의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H1은 서열 번호 61의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H2는 서열 번호 64의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H3은 서열 번호 65의 아미노산 서열을 포함하고; 상기 FR-H4는 서열 번호 67의 아미노산 서열을 포함한다.

[0023] 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 시험관내 검정(*in vitro* assay)에서 하기에 의해 입증된 바와 같이, 서열 번호 206에 제시된 서열을 갖는 항-CD3 결합 단편보다 더 높은 열안정성을 나타낸다: 상기 항-CD3 결합 단편에 비해 상기 제1 항원 결합 단편의 더 높은 용융 온도(T_m); 또는 시험 이중특이성 항원 결합 작용제물 내로 상기 제1 항원 결합 단편을 도입할 때, 대조 이중특이성 항원 결합 작용제물에 비해 상기 시험 이중특이성 항원 결합 작용제물의 더 높은 T_m (여기서, 상기 시험 이중특이성 항원 결합 작용제물은 상기 제1 항원 결합 단편 및 CD3 이외의 항원에 결합하는 참조 항원 결합 단편을 포함하고; 상기 대조 이중특이성 항원 결합 작용제물은 서열 번호 206의 상기 서열로 구성되는 상기 항-CD3 결합 단편 및 상기 참조 항원 결합 단편으로 구성됨). 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편의 상기 T_m 은 서열 번호 206의 상기 서열로 구성되는 상기 항-CD3 결합 단편의 상기 T_m 보다 적어도 2°C 더 크거나, 적어도 3°C 더 크거나, 적어도 4°C 더 크거나, 또는 적어도 5°C 더 크다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 중쇄 가변 영역(VH₁)을 포함하며, 상기 VH₁은 서열 번호 102 또는 105의 아미노산 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖

거나 이와 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 경쇄 가변 영역(VL_I)을 포함하며, 상기 VL_I은 **서열 번호 101, 103, 104, 106, 또는 107** 중 어느 하나의 아미노산 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하거나 이와 동일하다. 특정 구현예에서, 상기 VH_I 및 상기 VL_I은 **표 A**에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커에 의해 연결된다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 **서열 번호 201 내지 205** 중 어느 하나의 아미노산 서열과 적어도 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖거나 이와 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 인간 또는 사이노몰거스 원숭이(사이노(Cyno)) CD3에 특이적으로 결합한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 인간 CD3에 특이적으로 결합한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 CD3의 CD3 엡실론, CD3 델타, CD3 감마, 또는 CD3 제타 단위인 CD3 복합체 하위단위에 결합한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 CD3의 CD3 엡실론 단편에 결합한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 6.6 이하의 등전점(pI)을 나타낸다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 6.0 내지 6.6(중점 포함)의 등전점(pI)을 나타낸다.

[0024] 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 **서열 번호 206**에 제시된 서열을 갖는 참조 항원 결합 단편의 등전점(pI)보다 적어도 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 또는 1.0 pH 단위가 더 낮은 pI를 나타낸다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은, 인간 또는 사이노 CD3 항원을 포함하는 시험관내 항원-결합 검정에서 결정될 때, 약 10 nM 내지 약 400 nM의 해리 상수(K_d)로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으로 결합한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은, 시험관내 항원-결합 검정에서 결정될 때, 약 10 nM 미만, 또는 약 50 nM 미만, 또는 약 100 nM 미만, 또는 약 150 nM 미만, 또는 약 200 nM 미만, 또는 약 250 nM 미만, 또는 약 300 nM 미만, 또는 약 350 nM 미만, 또는 약 400 nM 미만의 해리 상수(K_d)로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으로 결합한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은, 시험관내 항원-결합 검정에서 각각의 해리 상수들(K_d)에 의해 결정될 때, **서열 번호 206**의 아미노산 서열로 구성되는 항원 결합 단편에 비해 적어도 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 또는 적어도 10배 더 약한 CD3에 대한 결합 친화도를 나타낸다.

[0025] 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 키메라(chimeric) 또는 인간화(humanized) 항원 결합 단편이다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편(AF1)은 Fv, Fab, Fab', Fab'-SH, 선형 항체, 또는 단일쇄 가변 단편(scFv)이다. 특정 구현예에서, 상기 제2 항원 결합 단편(AF2)은 Fv, Fab, Fab', Fab'-SH, 선형 항체, 단일 도메인 항체, 또는 단일쇄 가변 단편(scFv)이다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편 및 제2 항원 결합 단편은 (Fab')₂ 또는 단일쇄 디아바디(diabody)로서 구성된다. 특정 구현예에서, 상기 제2 항원 결합 단편(AF2)은 본 명세서에서 **서열 번호 778 내지 783**에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역(VH_{II}), 및 본 명세서에서 **서열 번호 878 내지 883**에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역(VL_{II})을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 VH_{II} 및 상기 VL_{II}는 **표 A**에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커에 의해 연결된다. 특정 구현예에서, 상기 제1 항원 결합 단편과 제2 항원 결합 단편은 펩티드 링커에 의해 함께 융합된다. 특정 구현예에서, 상기 펩티드 링커는 2가지 또는 3가지 유형의 아미노산을 포함하며, 상기 아미노산은 글리신, 세린, 또는 프롤린이다. 특정 구현예에서, 상기 펩티드 링커는 **표 B**에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다.

[0026] 특정 구현예에서, 상기 XTEN은 제1 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN1)이고; 제1 복수의 비중첩 서열 모티프들을 포함하는, 복수의 비중첩 서열 모티프들로부터 형성되고; 상기 BAR은 제1 바코드 단편(BAR1)이고; 상기 RS는 제1 방출 세그먼트(RS1)이고; 상기 폴리펩티드는 (d) 상기 프로테아제에 의한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 제2 바코드 단편(BAR2)을 포함하는, 제2 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN2); 및 (e) 상기 제2 XTEN(XTEN2)과 상기 이중특이성 항체 착제물(BsAb) 사이에 위치한 제2 방출 세그먼트(RS2)를 추가로 포함하며, 상기 XTEN2는(i) 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함하고; (ii) 그의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)이고; (iii) G, A, S, T, E, 또는 P인, 적어도 4가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하는 것을 특징으로 하며; 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하고; 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 폴리펩티드의 상

기 N-말단 아미노산 또는 상기 C-말단 아미노산을 포함하지 않는다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN1은 상기 이중특이성 항체 작제물의 N-말단에 위치하고, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물의 C-말단에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN1은 상기 이중특이성 항체 작제물의 C-말단에 위치하고, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물의 N-말단에 위치한다.

[0027] 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는, 각각 9 내지 14개의 아미노산 길이인 제2 복수의 비중첩 서열 모티프들로부터 형성되며, 상기 제2 복수의 비중첩 서열 모티프들은 (1) 상기 제2 XTEN 내에서 적어도 2회 반복되는 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트; 및 (2) 상기 제2 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 비중첩 서열 모티프를 포함하며, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 제2 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 상기 비중첩 서열 모티프의 적어도 일부를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트는 각각 독립적으로 본 명세서에서 서열 번호 179 내지 200 및 1715 내지 1722에 의해 확인된다. 특정 구현예에서, 상기 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트는 각각 독립적으로 본 명세서에서 서열 번호 186 내지 189에 의해 확인된다. 특정 구현예에서, 상기 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트는 서열 모티프 서열 번호 186 내지 189 중 적어도 2개, 적어도 3개, 또는 4개 모두를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 100 내지 3,000개, 150 내지 3,000개, 100 내지 1,000개, 또는 150 내지 1,000개의 아미노산 잔기 길이를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 적어도 200개, 적어도 250개, 적어도 300개, 적어도 350개, 적어도 400개, 적어도 450개, 또는 적어도 500개의 아미노산 잔기 길이를 포함한다.

[0028] 특정 구현예에서, 상기 XTEN2의 아미노산 잔기의 적어도 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루탐산(E) 또는 프롤린(P)이다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 표 3a에 제시된 서열과 적어도 90%, 적어도 92%, 적어도 95%, 적어도 98%, 적어도 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은, 상기 XTEN2 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않는다. 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 그의 C-말단에 글루탐산을 갖는다. 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 갖는다. 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 또는 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 상기 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이이다. 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 (i) 상기 XTEN2 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않으며; (ii) 그의 C-말단에 글루탐산을 가지며; (iii) 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 가지며; (iv) 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단 또는 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 상기 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이인 것을 특징으로 한다.

[0029] 특정 구현예에서, 상기 BAR2의 상기 N-말단 아미노산 앞에 위치한 상기 글루탐산 잔기는 또 다른 글루탐산 잔기에 바로 인접하지 않는다. 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 제2 글루탐산 바로 뒤에 프롤린이 위치하지 않는 한, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)의 C-말단 이외의 위치에 상기 제2 글루탐산 잔기를 포함하지 않는다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치하고, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 폴리펩티드의 상기 N-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치하고, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 단백질의 상기 N-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치하고, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 폴리펩티드의 상기 C-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치하고, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 단백질의 상기 C-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치한다.

[0030] 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 적어도 4개의 아미노산 길이이다. 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 4 내지 20개, 5 내지 15개, 6 내지 12개, 또는 7 내지 10개의 아미노산 길이이다. 특정 구현예에서, 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 표 2에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 근단부와 원단부에 의해 한정된 길이를 가지며, 여기서 (1) 상기 XTEN2의 상기 근단부는 상기 원단부에 비해, 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 더 가깝게 위치하고, (2) 상기 제2 바코드 단편(BAR2)은 상기 XTEN2의 상기 원단부로부터 측정될 때, 상기 XTEN2의 상기 길이의 5% 내지 50%, 7% 내지 40%,

또는 10% 내지 30%를 연장시키는 상기 XTEN2의 영역 내에 위치한다. 특정 구현예에서, 상기 XTEN2는 추가의 하나 이상의 바코드 단편을 추가로 포함하며, 상기 XTEN2의 상기 추가의 하나 이상의 바코드 단편은 각각 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하다. 특정 구현예에서, 상기 제1 방출 세그먼트(RS1)와 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 서열이 동일하다. 특정 구현예에서, 상기 제1 방출 세그먼트(RS1)와 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 서열이 동일하지 않다. 특정 구현예에서, 상기 방출 세그먼트(RS2)는 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 방출 세그먼트(RS1) 및 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 각각, 각각의 방출 세그먼트 서열 내의 1개, 2개, 또는 3개의 절단 부위에서의 다수의 프로테아제에 의한 절단을 위한 기질이다.

[0031] 특정 구현예에서, 폴리펩티드는 융합 단백질로서 발현되며, 상기 융합 단백질은 비절단된 상태에서, N-말단에서 C-말단으로, 본 명세서에서 XTEN1-RS1-AF1-AF2-RS2-XTEN2, XTEN1-RS1-AF2-AF1-RS2-XTEN2, XTEN2-RS2-AF1-AF2-RS1-XTEN1, XTEN2-RS2-AF2-AF1-RS1-XTEN1, XTEN1-RS1-디아바디-RS2-XTEN2, 또는 XTEN2-RS2-디아바디-RS1-XTEN1에 의해 확인된 구조 배열을 가지며, 상기 디아바디는 상기 AF1의 경쇄 가변 영역(VL_I), 상기 AF1의 중쇄 가변 영역(VH_I), 상기 AF2의 경쇄 가변 영역(VL_{II}), 및 상기 AF2의 중쇄 가변 영역(VH_{II})을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제1 방출 세그먼트(RS1)의 상기 스페이서는 제1 스페이서이고, 상기 제2 방출 세그먼트(RS2)는 제2 스페이서에 의해 상기 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 융합된다. 특정 구현예에서, 상기 제2 스페이서는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)인 적어도 4가지 유형의 아미노산을 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 제2 스페이서는 표 C에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다.

[0032] 특정 구현예에서, 상기 XTEN1은 표 3a에 제시된 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 상기 BsAb는, 경쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-L1), 2(CDR-L2), 및 3(CDR-L3) 및 각각 서열 번호 8, 9, 및 10의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-H1), 2(CDR-H2), 및 3(CDR-H3)을 포함하는, 상기 AF1; 및 본 명세서에서 서열 번호 778 내지 783에 의해 확인된 경쇄 가변 영역(VL_{II}) 및 본 명세서에서 서열 번호 878 내지 883에 의해 확인된 중쇄 가변 영역(VH_{II})을 포함하는 상기 AF2를 포함하고; 상기 RS1은 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 상기 XTEN2는 표 3a에 제시된 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 상기 RS2는 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고, 상기 폴리펩티드는, N-말단에서 C-말단으로, 본 명세서에서 XTEN1-RS1-AF2-AF1-RS2-XTEN2, XTEN1-RS1-AF1-AF2-RS2-XTEN2, XTEN2-RS2-AF2-AF1-RS1-XTEN1, 또는 XTEN2-RS2-AF1-AF2-RS1-XTEN1로서 확인된 구조 배열을 갖는다.

[0033] 특정 구현예에서, 상기 폴리펩티드는 어떠한 XTEN에도 연결되지 않은 이중특이성 항체 작제물에 비하여 적어도 2배 더 긴 최종 반감기(terminal half-life)를 갖는다. 특정 구현예에서, 상기 폴리펩티드는 어떠한 XTEN에도 연결되지 않은 이중특이성 항체 작제물에 비하여, 대상체에 대한 비슷한 용량의 투여 후에 상기 이중특이성 항체 작제물에 선택적으로 결합하는 IgG 항체의 생성을 측정함으로써 확인된 바와 같이 덜 면역원성이다. 특정 구현예에서, 상기 폴리펩티드는 생리학적인 조건 하에서의 겔보기 분자량 계수(apparent molecular weight factor)가 약 3 초과, 약 4 초과, 약 5 초과, 또는 약 6 초과를 나타낸다. 특정 구현예에서, 상기 폴리펩티드는 본 명세서에서 표 D에서의 서열로서 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다.

[0034] 특정 구현예에서, 약제학적 조성물은 상기에서와 같은 폴리펩티드 및 하나 이상의 약제학적으로 적합한 부형제를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 약제학적 조성물은 임의의 임상적으로 적절한 경로 및 제형에 의한 인간 또는 동물에 대한 투여를 위해 제형화된다. 특정 구현예에서, 상기 약제학적 조성물은 액체 형태이거나 냉동된다. 특정 구현예에서, 상기 약제학적 조성물은 단위 주사용 사전충전 주사기 내에 들어 있다. 특정 구현예에서, 상기 약제학적 조성물은 투여 전에 재구성되는 동결건조된 분말로서 제형화된다.

[0035] 특정 구현예에서, 상기 조성물은 항체, 항체 단편, 항체 접합체, 세포독성제, 독소, 방사성 핵종, 면역조절제, 광활성 치료제, 방사선 감작제, 호르몬, 항혈관생성제, 및 이들의 조합으로 구성되는 군으로부터 선택되는 적어

도 하나의 추가의 치료제와의 약제학적 병용물 형태이다.

- [0036] 추가의 치료제는 PD-1/PD-L1(2) 억제제일 수 있으며, 여기서 PD-1/PD-L1(2) 억제제는 항-PD-1 항체 또는 항-PD-L1 항체 또는 항-PD-L2 항체이다.
- [0037] 특정 구현예에서, 상기 PD-1/PD-L1(2) 억제제는 니볼루맵(Opdivo, BMS-936558, MDX1106), 캄브롤리주맵(Keytruda, MK-3475, 캄브롤리주맵), 피딜리주맵(CT-011), PDR-001, JS001, STI-A1110, AMP-224 및 AMP-514(MED10680)를 포함하는 군으로부터 선택되는 항-PD-1 항체이다.
- [0038] 일 구현예에서, 상기 PD-1/PD-L1(2) 억제제는 아테졸리주맵(Tecentriq, MPDL3280A), 두르발루맵(MED14736), 아벨루맵(MSB0010718C), BMS-936559(MDX1105) 및 LY3300054를 포함하는 군으로부터 선택되는 항-PD-L1 항체일 수 있다. 또 다른 구현예에서, 상기 PD-1/PD-L1(2) 억제제는 -PD-L2 항체이다.
- [0039] 특정 구현예에서, 상기 병용물은 성분들이 서로 분리되어 담긴 콤비네이션 팩(combination pack)이다. 특정 구현예에서, 상기 성분들은 동일한 질병의 치료에 사용하기 위하여 동시에 또는 순차적으로 별개의 투여 형태로 투여된다.
- [0040] 특정 구현예에서, 본 명세서에 기재된 폴리펩티드는 과증식성 장애를 치료하기 위한 약제로서 사용하기 위한 약제학적 병용물의 일부이다. 과증식성 장애는 유방, 기도, 뇌, 생식 기관, 소화관, 요로, 눈, 간, 피부, 두경부, 갑상선, 부갑상선의 암 및 이들의 원격 전이로 구성되는 군으로부터 선택된다.
- [0041] 특정 구현예에서, 본 명세서에 기재된 바와 같은 폴리펩티드는 대상체에서 질병의 치료를 위한 약제의 제조에 사용된다. 특정 구현예에서, 상기 질병은 암이다.
- [0042] 특정 구현예에서, 대상체에서 질병을 치료하는 방법이 제공되며, 상기 방법은 이를 필요로 하는 상기 대상체에게 약제학적 조성물 또는 약제학적 병용물의 1회 이상의 치료적 유효 용량을 투여하는 단계를 포함한다.
- [0043] 일 구현예에서, 질병은 암이다. 특정 구현예에서, 상기 암은 교아세포종, 흑색종, 담관 암종, 소세포 폐암, 결직장암, 전립선암, 질암, 혈관육종, 비소세포 폐암, 충수암, 편평세포암, 타액선 도관 암종, 선양 낭포 암종, 소장암, 및 담낭암으로 구성되는 군으로부터 선택된다.
- [0044] 대상체에서 질병을 치료하는 방법이 본 명세서에 제공되며, 상기 방법은 이를 필요로 하는 상기 대상체에게 상기 기에서와 같은 약제학적 조성물의 1회 이상의 치료적 유효 용량을 투여하는 단계를 포함한다. 특정 구현예에서, 상기 약제학적 조성물은 치료의 치료적 유효 과정 동안 동안 투여되는 1회 이상의 치료적 유효 용량으로서 상기 대상체에게 투여된다. 특정 구현예에서, 상기 용량은 임의의 임상적으로 적절한 경로 및 제형에 의해 인간 또는 동물에게 투여된다. 특정 구현예에서, 상기 대상체는 마우스, 래트, 원숭이, 또는 인간이다.
- [0045] 본 명세서에 기재된 바와 같은 폴리펩티드를 인코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열; 또는 상기 폴리뉴클레오티드 서열의 역상보체를 포함하는 핵산이 본 명세서에 또한 제공된다. 본 명세서에 기재된 바와 같은 상기 폴리뉴클레오티드 서열 및 상기 폴리뉴클레오티드 서열에 작동 가능하게 연결된 재조합 조절 서열을 포함하는 발현 벡터가 본 명세서에 추가로 제공된다. 상기 발현 벡터를 포함하는 숙주 세포가 본 명세서에 제공된다. 특정 구현예에서, 상기 숙주 세포는 원핵생물이다. 특정 구현예에서, 상기 숙주 세포는 E. 콜리(*E. coli*)이다. 특정 구현예에서, 상기 숙주 세포는 포유류 세포이다.
- [0046] 본 발명의 추가의 양태 및 이점이 본 발명의 단지 예시적인 구현예가 제시되고 기재된 하기의 상세한 설명으로부터 당업자에게 용이하게 명백해질 것이다. 인식되는 바와 같이, 본 발명은 다른 그리고 상이한 구현예들이 가능하고, 그의 몇몇 세부사항은 모두 본 발명으로부터 벗어나지 않고서 다양한 명백한 측면에서 변형이 가능하다. 따라서, 도면 및 상세한 설명은 본질적으로 예시적인 것으로 간주되어야 하고 제한적인 것으로 간주되어서는 안 된다.
- [0047] **문헌의 인용**
- [0048] 본 명세서에 언급된 모든 간행물, 특허, 및 특허 출원은 각각의 개별적인 간행물, 특허, 또는 특허 출원이 참고로 포함되는 것으로 구체적이고 개별적으로 지시된 것처럼 그와 동일한 정도로 본 명세서에 참고로 포함된다.

도면의 간단한 설명

- [0049] 본 발명의 다양한 특징이 첨부된 청구범위에 구체적으로 제시되어 있다. 본 발명의 원리가 이용되고 있는 예시적인 구현예를 기술하는 하기의 상세한 설명 및 하기와 같은 첨부 도면을 참고함으로써 본 발명의 특징 및 이점

에 대한 더 충분한 이해가 달성될 것이다:

도 1은, 다양한 길이의 XTEN을 갖는, XTEN화된 프로테아제-활성화 T 세포 인게이저(“XPAT”) 폴리펩티드들의 혼합물을 도시한다. 전장 XPAT(상부)는 N-말단에 있는 288개-아미노산-길이 XTEN 및 C-말단에 있는 864개-아미노산-길이 XTEN을 포함한다. 예를 들어, 발효, 정제, 또는 생성물 제조에서의 기타 다른 단계 동안, XPAT에서 N-말단 XTEN 및 C-말단 XTEN 중 하나 또는 둘 모두에서 다양한 절단체가 발생할 수 있다. 제한된 절단(XTEN의 원단부 부근의 절단)을 갖는 생성물은 전장 작제물과 유사한 방식으로 기능할 수 있지만, 심각한 절단(XTEN의 근단부에 더 가까운 절단)은 그들의 전장 대응물과 상당히 상이한 약리학적 특성을 가질 수 있다. 절단의 존재로 인해 XPAT 생성물에서 약리학적으로 효능이 있는 변이체 및 약리학적으로 효능이 없는 변이체를 정량화하는데 있어서 어려움이 있다. 전장 XPAT를 사용하여 도 1에 예시된 바와 같이, 각각의 XTEN은 근단부 및 원단부를 가지며, 여기서 근단부는 원단부에 비해, 생물학적 활성 폴리펩티드(예를 들어, T-세포 인게이저, 사이토카인, 단일클론 항체(mAb), 항체 단편, 또는 XTEN화된 기타 다른 단백질)에 더 가깝게 위치한다.

도 2는 다양한 길이의 바코드화된(barcoded) XTEN을 갖는 XPAT 폴리펩티드들의 혼합물을 도시한다. 전장 XPAT(상부)에서, 288개-아미노산-길이 N-말단 XTEN은 3개의 절단 가능하게 융합된 바코드 서열, 즉, (원단부에서 근단부로) “NA”, “NB”, 및 “NC”를 함유하고, 864개-아미노산-길이 C-말단 XTEN은 3개의 절단 가능하게 융합된 바코드 서열, 즉, (근단부에서 원단부로) “CC”, “CB”, 및 “CA”를 함유한다. 각각의 바코드는 상응하는 XTEN의 약리학적-관련 길이를 지시하도록 위치한다. 예를 들어, 바코드 “NA”가 (예를 들어, 절단으로 인해) 결여되어 있지만 더 근접한 바코드 “NB” 및 “NC”를 갖는 XPAT의 부(minor) N-말단 절단 생성물은 전장 작제물과 실질적으로 동일한 약리학적 특성을 나타낼 수 있다. 대조적으로, 예를 들어 N-말단 상의 3개의 모든 바코드가 (예를 들어, 절단으로 인해) 결여되어 있는 XPAT의 주(major) N-말단 절단 생성물은 약리학적 활성에 있어서 전장 작제물과 식별 가능하게 상이할 수 있다. 특유의 단백질 분해적 절단 가능(proteolytically-cleavable) 서열이 XPAT의 생물학적 활성 폴리펩티드(여기서는, T-세포 인게이저의 활성 부분을 포함하는 탠덤 scFv)로부터 확인된다. 특유의 단백질 분해적 절단 가능 서열은, XPAT의 모든 길이 변이체(전장 XPAT, 및 이의 부 절단체 및 주 절단체를 포함함)에 존재하기 때문에, 생물학적 활성 단백질의 총량과 관련하여 다양한 절단 생성물의 양을 정량화하기 위한 참조물로서 사용될 수 있다.

도 3은 바코드-생성 서열을 범용(또는 보통) XTEN 내로 삽입함으로써 행해지는 바코드화된 XTEN에 대한 가능성 있는 설계를 예시한다. 예시적인 범용(또는 보통) XTEN(상부)은 서열 “BCDABDCDABDCBDCDABDCB” 내에 비중첩 12량체 모티프를 포함하며, 여기서 서열 모티프 “A”, “B”, “C”, 및 “D”는 각각 3회, 6회, 5회, 및 7회 발생한다. 예시적인 범용 XTEN(상부 패널)의 Glu-C 프로테아제 분해는 양쪽 말단(“NT” 및 “CT”)을 제외하고는 특유의 펩티드를 산출하지 않는다. XTEN 내의 바코드-생성 서열, “X”(예를 들어, 특유의 12량체)의 삽입은 XTEN 내의 다른 어떠한 곳에서도 발생하지 않는 특유의 단백질 분해적 절단 가능 서열(또는 바코드 서열)을 생성하게 된다. 바코드-생성 서열, “X”는 생성되는 바코드가 XTEN의 약리학적-관련 길이를 표시하도록 위치할 수 있다. 예를 들어, 절단으로 인해 바코드가 결여되어 있는 XTEN은 바코드를 갖는 상응하는 XTEN과 기능적으로 상이할 수 있다. 당업자는 바코드-생성 서열(“X”)이 바코드 서열 그 자체일 수 있음을 이해할 것이다. 대안적으로, 바코드-생성 서열(“X”)은 생성되는 바코드 서열과 상이할 수 있다. 예를 들어, 바코드 서열은 이전 또는 이후의 12량체 모티프의 일부와 중첩되고, 따라서 이를 함유할 수 있다.

도 4a 및 도 4b는 N-말단 XTEN에 대한 절단 수준의 정량화를 예시한다. 도 4a는 바코드화된 XTEN(하부 패널)이 범용 XTEN(상부 패널) 내의 서열 모티프(예를 들어, N-말단으로부터 세 번째의 서열 모티프, “D”)를 바코드-생성 모티프, “X”로 대체함으로써 작제될 수 있음을 입증하며; 이 예에서, 바코드-생성 모티프(“X”)는 그 자체가 특유의 단백질 분해적 절단 가능 바코드 서열이다. 도 4a의 하부 패널에 나타낸 바와 같이, XTEN의 모든 심각한 절단 형태에는 바코드가 결여되고 XTEN의 모든 제한된 절단 형태에는 바코드가 함유되도록 바코드가 위치한다. 도 4b는 XPAT의 2개의 상이한 혼합물에서의 다양한 절단 생성물들의 상대 풍부도를 예시한다. 혼합물들 중 하나에서는, 생물학적 활성 단백질을 함유하는 작제물의 99%에 바코드가 존재한다. 혼합물들 중 나머지 다른 하나에서는, 작제물의 13%에 (예를 들어, 절단으로 인해) 바코드가 결여되어 있다. 도 4a 및 도 4b는, 실질적으로 유사한 평균 분자량을 갖지만 식별 가능하게 상이한 약리학적 활성을 갖는 2개의 폴리펩티드 혼합물 사이를 구별하기 위한 바코드화된 XTEN의 사용을 예시한다.

도 5a 및 도 5b와 도 6a 내지 도 6c는 다양한 수준의 표적 항원 발현을 갖는 표적 세포에 대한 마스킹된(XTEN화된) 및 마스킹되지 않은 이중특이성 T-세포 인게이저의 용량-의존적 세포독성을 예시한다. 단백질 분해적으로 마스킹되지 않은(탈-XTEN화된) 이중특이체는 다양한 종양주에 대한 강력한 세포독성을 입증하는데, 예를 들어

SK-OV-3 및 BT-474 세포를 사용하여 시험될 때, EC₅₀이 한 자릿수 pM 범위이다. XTEN화는, 예를 들어 이중특이성 T-세포 인게이지를 면역 시냅스의 형성으로부터 차폐함으로써 농도-반응 곡선의 우측 이동에 의해 나타낸 바와 같은 감소된 독성을 초래하는 데 있어서의 견고한 마스킹 능력을 추가로 입증한다.

도 5a 및 도 5b는, 일반적으로는 XTEN화된 프로테아제-활성화 T-세포 인게이지(“XPAT”)에 대한, 그리고 구체적으로는 HER2-XPAT에 대한 XTEN에 의한 효과적인 마스킹을 예시한다. 예를 들어, 2개의 상이한 HER2-발현(예를 들어, 암) 세포주에 대한 XTEN화된(마스킹된) HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨) 및 상응하는 탈-XTEN화된(마스킹되지 않은, 활성화된) HER2-PAT의 세포 독성이 용량-의존적 방식으로 관찰되었다. 마스킹되지 않은, 탈-XTEN화된 PAT(채워진 원으로 표시됨)는 각각 3.4 pM(피코몰 농도)(SKOV3 세포)(**도 5a**) 및 4.8 pM(BT474 세포)(**도 5b**)의 EC₅₀ 값을 산출하였지만, 상응하는 마스킹된, XTEN화된 PAT(채워진 정사각형으로 표시됨)는 적어도 10⁴ 배의 마스킹 효과를 나타내는 44,474 pM(SKOV3 세포) 및 49,370 pM(BT474 세포)의 EC₅₀ 값을 산출하였다.

도 6a는 비암성 조직(심근세포)과 접촉할 때 이중특이성 T-세포 인게이지에 대한 XTEN에 의한 효과적인 마스킹을 나타낸다. 더 구체적으로는, **도 6a**는 심근세포에 대한 XTEN화된(마스킹된) HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨) 및 상응하는 탈-XTEN화된(마스킹되지 않은, 활성화된) HER2-PAT의 세포 독성을 보여준다. 마스킹되지 않은, 탈-XTEN화된 PAT에 반응하여 T 세포-유도 세포용해에 의한 심근세포의 살해가 관찰된 반면(이때, 64 pM의 적절한 EC₅₀ 농도를 가짐), 중앙 세포와 대조적으로, 심근세포는 1 μM(마이크로몰 농도) 정도로 높은 농도에서 마스킹된, XTEN화된 PAT에 의한 살해에 대해 불응성을 유지하였다.

도 6b 및 도 6c는 비교적 중간 또는 낮은 수준의 표적 항원 발현을 갖는 표적 세포를 인게이지하는 것과 관련하여 이중특이성 T-세포 인게이지에 대한 XTEN에 의한 견고한 마스킹을 예시한다. 예를 들어, **도 6b**는 낮은 수준의 HER2 발현을 갖는 암 세포주, MCF-7에 대한 XTEN화된 및 탈-XTEN화된 프로테아제-활성화 T-세포 인게이지(PAT)의 세포독성 효과를 예시하는데, 여기서는 XTEN 폴리펩티드에 의한 마스킹이 시험된 HER2-XPAT의 T 세포-매개 세포독성을 대략 10⁴ 배만큼 감소시켰다. 또 다른 예로서, 중간 수준의 HER2 발현을 갖는 또 다른 암 세포주인 MDA-MB-453에 대한 XTEN화된(마스킹된) HER2-XPAT 및 상응하는 탈-XTEN화된(마스킹되지 않은, 활성화된) HER2-PAT의 세포 독성을 결정하였다(**도 6c**).

도 7a 내지 도 7d는 대상체에서의 XTEN화된 이중특이체의 단백질 분해적 활성화 및 이에 의해 유도된 견고한 중앙 퇴행을 예시한다. **도 7a**는 (예를 들어, BT-474) 중앙-보유 마우스에서 절단 가능한 XTEN화된 HER2 T-세포 인게이지(“HER2-XPAT”, 육각형으로 표시됨) 및 상응하는 마스킹되지 않은 HER2 T-세포 인게이지(“HER2-PAT”, 삼각형으로 표시됨)의 동물 투여를 사용하여 유도된 비슷한 효능을 예시한다. (**는 p < 0.01임을 나타낸다.) 특히, 2개의 시험된 XTEN화된 이중특이체 사이에, 절단 가능한 XTEN화된 작제물(육각형으로 표시됨)에 대해서는 퇴행이 관찰되었지만, 절단 불가능한 XTEN화된 대응물(마름모꼴로 표시됨)에 대해서는 그렇지 않았는데, 이는 단백질 분해적 언마스킹(탈-XTEN화)이 효능을 위한 전제조건임을 나타낸다. **도 7b**는 단회 용량(예를 들어, 2.1 mg/kg(mpk))에 의한 큰 중앙에 대한 절단 가능한 XTEN화된 이중특이체(예를 들어, HER2-XPAT)의 효능을 예시한다. 이들 실험에 사용되는 절단 불가능한 작제물은, 방출 부위가 GASTEP 아미노산(글리신, 알라닌, 세린, 트레오닌, 글루타메이트, 및/또는 프롤린)으로부터 제조되는 유사한 길이의 절단 불가능한 서열로 대체된 것을 제외하고는, 상응하는 절단 가능한 작제물과 동일하다. **도 7c**는, 마스킹되지 않은 HER2-PAT(채워진 정사각형) 및 절단 불가능한 XPAT(채워진 마름모꼴)와 비교하여, 2개의 상이한 농도(15 nmol/Kg 및 36 nmol/Kg)의 마스킹된 HER2-XPAT(채워진 삼각형)의 효능을 나타낸다. 비히클 및 비히클 + PBMC로 처리된 중앙에 대한 데이터가 또한 나타나 있다. **도 7d**는 BT-474 중앙 보유 마우스의 생체내(*in vivo*)에서의 HER2-PAT의 절단 백분율을 나타낸다.

도 8은 XTEN화된 HER2-XPAT의 투여에 의해 대상체에서 유도된 림프구 변연화(margination)를 예시한다. 예를 들어, XTEN화된 HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨)의 단회 용량 정맥내 주입(예를 들어, 10 ml/kg의 용량 부피로의 25 mg/kg) 시에, 림프구 카운트(혈액학적 검사)의 감소가 암컷 및 수컷 원숭이 대상체 둘 모두에서 관찰되었는데(각각 삼각형 및 정사각형에 의해 표시된 바와 같음), 이는 투여 후 6시간째에서 시작되어, 투여 후 적어도 24 내지 72시간까지 지속된다.

도 9a 및 도 9b. **도 9a**는 대상체(예를 들어, 사이노몰거스 원숭이)의 (예를 들어, 25 mg/kg 용량에서의) 혈장 순환에서의 XTEN화된 프로테아제-활성화 T-세포 인게이지(PAT)의 안정성을 예시한다. XTEN화된 PAT의 절단 불가능한 형태에 비하여 XTEN화된 PAT 클리어런스의 상당한 증가가 없다는 것은 말초에서의 최소한의 절단을 나타낸다. 시험된 절단 가능한 HER2-XPAT(채워진 삼각형 및 채워진 정사각형)와 절단 불가능한 대응물(채워지지 않은

삼각형 및 채워지지 않은 정사각형) 사이에 비슷한 약동학적 특성들이 관찰되었다. 이들 실험에 사용되는 절단 불가능한 작제물은, 방출 부위가 GASTEP 아미노산(글리신, 알라닌, 세린, 트레오닌, 글루타메이트, 및/또는 프롤린)으로부터 제조되는 유사한 길이의 절단 불가능한 서열로 대체된 것을 제외하고는, 상응하는 절단 가능한 작제물과 동일하다. **도 9b**는 투여 후 심지어 96시간째에도 순환 중인 낮은 빈도의 HER2-XPAT 단백질 분해 대사물이 존재함을 나타낸다.

도 10a 내지 도 10c. **도 10a**는 단위 용량, 단일 대상체 HER2-XPAT 용량 점증(escalation)을 나타내고, 최대 42 mg/kg까지의 모든 용량에 대해 내약성을 나타내었을 입증한다. **도 10b**는 단일 대상체 HER2-PAT 점감 계획(de-escalation scheme)을 나타내는데, 여기서는 마스킹되지 않은 HER2-PAT의 최대 내약 용량이 0.2 mg/kg이다. **도 10c**는 마스킹되지 않은 HER2-PAT와 대비하여 (450배 더 높은 내약 C_{max} 로) 마스킹된 HER2-PAT의 혈장 농도를 나타낸다.

도 11a 내지 도 11e. **도 11a** 및 **11b**는 HER2-PAT와 비교할 때 HER2-XPAT에 반응하여 말초 T 세포 활성화가 없음을 보여주는 말초 T 세포 활성화 데이터를 나타낸다. **도 11c 내지 도 11e**는 다양한 농도의 HER2-XPAT 및 HER2-PAT로 처리된 대상체에서의 사이토카인 IL-6(**도 11c**), TNF- α (**도 11d**) 및 IFN- γ (**도 11e**)의 수준을 나타내는데, 이는 HER2-XPAT가 심지어 50 mg/kg에서조차도 사이토카인 방출을 유도하지 않음을 입증한다. 사이토카인 수준에 대한 정상 범위는 다음과 같음에 유의한다: IL-6 ≤ 6 pg/ml, TNF $\alpha = 1$ 내지 10 pg/ml, IFN $\gamma \leq 10$ pg/ml.

도 12. NHP 및 인간으로부터의 혈장 샘플에서 생체의(*ex vivo*) 인큐베이션된 AMX-818은, 염증 상태 하에서조차도, 마스킹되지 않은 TCE에 대한 최소한의 절단을 보여주었다. 형광 표지(DyL650)가 탠덤 scFv에 부착된 AMX-818을 지시된 혈장 샘플 중에서 37°C에서 7일 동안 인큐베이션하였다. 이어서, 샘플을 겔 상에서 전개하고, AMX-818의 마스킹되지 않은 활성 형태와 크기가 유사한 대사물을 LI-COR 검출기를 사용하여 정량화하였다. 염증성 질병 인간 샘플은 류마티스성 관절염, 루푸스, 염증성 장 질병, 및 다발성 경화증을 갖는 환자로부터 채취하였다. 암 인간 샘플은 폐, 유방, 및 결장 종양을 갖는 환자로부터 채취하였다. 샘플 크기: 건강한 NHP N = 4, 건강한 인간 N = 4, “염증성(Inflamed)” NHP N = 6, “염증성” 인간 N = 27, 암에 걸린 인간 N = 11.

도 13a 및 도 13b. 본 발명의 바람직한 HER2-XPAT의 안전성 프로파일을 뒷받침하는 추가의 데이터를 제공한다. **도 13a**에서의 데이터는 HER2-XPAT 포맷과 절단 불가능한 HER2-PAT 포맷 사이의 비슷한 PK를 나타내는데, 이는 프로테아제 방출 부위가, 심지어 높은 용량에서조차도, 사이노몰거스 원숭이의 순환 중에 대체로 안정한 상태로 남아 있음을 입증한다. **도 13b**는, 심지어 HER2 XPAT의 높은 용량에서조차도, 하나 또는 둘 모두의 XTEN 마스크가 결여되어 있는 대사물의 매우 제한된 전신 축적이 있음을 나타낸다.

도 14a 내지 도 14d. AMX818 및 818-PAT는 SKOV3 종양 세포에 반응하여 T 세포 상에서의 PD-1의 표면 발현을 유도한다. 지시된 농도의 시험 대상물과 5:1 이펙터:표적 비로 PBMC와 SKOV3 세포를 48시간 동시-인큐베이션한 후에 유세포측정(flow cytometry)에 의해 $CD4^{+}$ 및 $CD8^{+}$ T 세포 상에서의 표면 PD-1 발현을 평가하였다. **도 14a** 및 **도 14c**는 AMX818 및 818-PAT의 존재 하에서의 $CD4^{+}$ T 세포 상에서의 표면 PD1 발현을 나타낸다. **도 14b** 및 **도 14d**는 AMX818 및 818-PAT의 존재 하에서의 $CD8^{+}$ T 세포 상에서의 표면 PD1 발현을 나타낸다.

도 13a 내지 도 13c. AMX818 및 818-PAT는 SKOV3 종양 세포에 반응하여 T 세포 상에서의 PD-L1의 표면 발현을 유도한다. **도 15a** 및 **도 15b**는 지시된 농도의 시험 대상물과 5:1 이펙터:표적 비로 존재하는 SKOV3 세포 상에서의 PD-L1 발현을 보여준다. **도 15c**는 SKOV3 종양 세포 상에서의 표면 HER2 발현을 나타낸다.

도 16a 내지 도 16c. XPAT는 살아있는 마우스에 이식된 인간 종양에서 마스킹되지 않은 TCE로 우선적으로 절단되며, 아울러 건강한 조직에서는 최소한의 절단이 관찰된다. 1.8 mg/kg(13 nM)의 적색 형광단-표지된(Alexa) XPAT의 단위 용량을 인간 종양이 이식된 마우스에 주사하였다(**도 16a**). 2일 후에, 종양 및 건강한 기관을 채취하여 생체내에서의 프로테아제 절단을 측정하였다(결과는 **도 16b**에 나타나 있음). 상기 프로세싱 동안 비관련 세포내 프로테아제의 방출로부터 발생될 수 있는 인위적 절단을 설명하기 위해, 녹색 형광단-표지된(Dy1800) XPAT를 프로테아제 억제제의 존재 하에서 조직 채취 후에 첨가하였다. 적색 형광단- 및 녹색 형광단-표지된 XPAT의 발생된 절단 생성물들을 비교함으로써, 조직 프로세싱 동안 '생체내에서' vs. '인위적으로' 다양한 조직에서 발생된 절단을 결정할 수 있다. 종양이 이식된 마우스(9개의 종양 유형에 걸쳐 n=31; **도 16c**)에 대한 주사 후에 일수 2까지 종양 내의 XPAT의 평균 20%가 활성화된다.

이 특허 또는 출원 파일은 컬러로 실행되는 적어도 하나의 도면을 포함한다. 컬러 도면을 갖는 이 특허 또는 특허 출원 공개의 사본이 신청 및 필요한 요금의 지불 시에 사무소에 의해 제공될 것이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0050] 바람직한 구현예에 대한 상세한 설명
- [0051] 암 치료제에 대한 상당한 미충족 요구가 있다. TCE는 특정 암에서 관해를 유도하는 데 효과적인 것으로 밝혀져 있지만, 이들은 건강한 조직에서의 극단적인 효능 및 표적-적중, 표적 외 독성으로 인해 광범위한 치료제를 생성하지 않았다. 설명으로서, TCE는 T 세포와 종양 세포 사이에 가교(bridge)를 형성하고, 종양 세포의 T 세포-매개 용해를 활성화하고, 추가의 살해를 촉진시키고 장기간 면역을 잠재적으로 제공하는 사이토카인 증폭 캐스케이드(amplification cascade)를 추가로 개시한다. TCE에 의해 활성화된 T 세포는 항원-MHC 인식과 독립적인 방식으로 세포용해성 퍼포린/그랜자임을 방출한다. 이는 2배의 반응을 생성한다: 직접 종양 세포 사멸 및 종양 세포로부터의 강력한 사이토카인 반응의 개시를 통한 종양 살해의 증폭. 직접 종양 세포 사멸은 종양 항원의 방출을 가져온다. 사이토카인 반응은, 특히, CD8 T 세포 활성을 자극하고 APC에 의한 항원 제시를 자극하는 증가된 인터페론- γ ; 활성화된 T-세포의 증가된 증식을 야기하는 증가된 IL2; 및 T 세포 동원을 증가시키는 증가된 CXCL9 및 CXCL10 반응을 포함한다. 종합하면, 종양 항원의 방출 및 사이토카인 반응의 개시는 내인성 T-세포 반응의 활성화를 가져오며, 이는 잠재적으로 에피토프 확산을 야기하여 장기간 면역을 유도한다.
- [0052] TCE에 관한 독성 난제는 대부분의 종양 표적이 어느 정도까지는 건강한 조직에서도 발견되고, 정상 세포가 또한 사이토카인 방출 증후군(CRS)을 가져오는 사이토카인 반응을 생성할 수 있다는 사실로부터 야기된다. TCE에 의한 T 세포 활성화에 대한 건강 조직의 이들 2가지의 강력한 반응은 이들 작용제에 대한 전반적으로 부족한 치료 지수로 이어진다.
- [0053] 본 발명은 HER2를 표적화하는 조건부 활성화 TCE, XPAT, 또는 XTEN화된 프로테아제-활성화 이중특이성 T 세포 인게이지터(XTENylated Protease-Activated bispecific T Cell Engager)(본 명세서에서 HER2-XPAT로 지칭되고, AMX818로서 예시됨)를 제공함으로써 기존 TCE에서의 결점을 극복한다. 더 구체적으로는, 본 발명의 XPAT는 건강한 조직 대비 종양에 존재하는 조절이상 프로테아제 활성을 이용하여, 치료 지수의 확대를 가능하게 한다. XPAT 코어는 CD3 및 종양 표적(예시적인 구현예에서, 종양 표적은 HER2임)을 표적화하는 2개의 단일쇄 항체 단편(scFv)으로 구성된다. 종양 표적 및/또는 CD3 중 어느 하나의 표적 인게이지먼트(target engagement)를 입체적으로 감소시키고 단백질 반감기를 연장시키는 2개의 비구조화된 폴리펩티드 마스크(XTEN)가 코어에 부착된다. XTEN 중합체의 특성은 또한 면역원성에 대한 잠재성을 최소화하는데, 이는 안정한 3차 구조가 결여되어 항체 결합이 불리하고, 펩티드 MHC II 결합을 위한 앵커 잔기로서의 역할을 하는 소수성 잔기, 방향족 잔기 및 양으로 하전된 잔기가 부재하여 T 세포 에피토프에 대한 잠재성을 감소시키기 때문이다. 인간에서, 인간 성장 호르몬 및 인자(Factor) VIII의 반감기 연장된 형태와 관련하여 XTEN을 함유하는 약물로 치료된 200명 초과 환자에서 XTEN 중합체의 최소한의 면역원성이 관찰되었다. XTEN 마스크의 베이스에서의 프로테아제 절단 부위는 종양 미세환경에서 XPAT의 단백질 분해적 활성화를 가능하게 하여, 표적-발현 종양 세포를 살해하도록 세포독성 T 세포를 재유도할 수 있는 작은 매우 강력한 TCE를 촉발시킨다. 프로테아제 활성이 엄격하게 조절되는 건강한 조직에서, XPAT는 온전한 전구약물로서 주로 비활성인 상태로 유지되어야 함에 따라, 마스크되지 않은 TCE에 비하여 치료 지수를 확대시킨다.
- [0054] 국부화된 활성화에 추가하여, T-세포 면역의 효능을 제공하여 고형 종양의 근절을 개선하면서, 마스크되지 않은 PAT 형태의 짧은 반감기는 치료 지수를 추가로 확대시킬 것이다. XPAT에 사용되는 방출 부위는 각각의 모든 암 특징(cancer hallmark)(성장; 생존 및 사멸; 혈관생성; 침습 및 전이; 염증; 및 면역 회피)에 집합적으로 관여하는 프로테아제들에 의해 광범위한 종양에 걸쳐 절단될 수 있다. 따라서, 암의 모드 병기 및 종양 발달에서는 상향조절되지만 건강한 조직에서는 엄격히 조절되는 향상된 프로테아제 활성을 이용함으로써, XPAT의 TCE 활성은 종양으로 국부화된다.
- [0055] 예시적인 HER2-XPAT인 AMX-818의 성분들을, 광범위한 암에 걸쳐 종양에서 필요한 효능을 보유하면서 건강한 조직에서 충분한 보호를 제공하는 것 사이에 원하는 균형을 달성하도록 최적화하였다. 전구약물에 의한 T 세포 활성화에 대한 잠재성을 감소시키기 위하여, 더 긴 XTEN 중합체 마스크(576개의 아미노산 마스크 vs. HER2 측에서의 256개의 아미노산)에 추가하여 α -CD3 도메인에 대해 더 낮은 결합 친화도를 선택하였다. 종양에서의 AMX-818의 충분한 활성화를 보장하기 위하여, XTEN 마스크의 베이스에서의 프로테아제 방출 부위를, 암에서 과발현되거나 조절이상 상태가 된 것으로 보고된 3개의 상이한 클래스 중의 적어도 8개의 상이한 프로테아제에 의해 절단되도록 조작하였으며; 이들은 몇몇 기질 금속단백질분해효소(MMP), 매트립타제(Matriptase), uPA, 및 시스템인 프로테아제, 레구마인(legumain)을 포함한다. 안전성 체크포인트로서, AMX-818에 의한 CD3과 HER2 둘 모두의 공동-인게이지먼트(co-engagement)가 T 세포 활성화에 필요하다. HER2 발현이 부재하는 염증 조직에서 AMX-818이

마스킹되지 않은 경우, 또는 프로테아제가 엄격하게 제어되는 건강한 조직에서 발현된 HER2와 AMX-818이 접하게 되는 경우 T 세포의 활성화는 일어나지 않아야 한다. 이러한 AND-게이트 특징은 상승된 프로테아제 활성 및 높은 HER2 발현 둘 모두가 존재하는 종양에서 우선적인 활성화를 제공할 것으로 예상된다.

[0056] XPAT 상에의 XTEN의 존재는 긴 반감기, 약한 표적 인게이지먼트 및 무시할 만한 T-세포 활성화를 갖는 작용제를 생성한다. 일단 XTEN이 종양 미세환경에서 프로테아제의 작용에 의해 제거되면, XPAT의 우선적인 활성화는 짧은 반감기, 최적의 표적 인게이지먼트, 및 고도로 효율적인 T-세포 활성화를 갖는 활성화된 약물(XTEN을 갖지 않는 PAT)을 생성하고, 그럼으로써 향상된 치료 지수를 갖는 강력한 활성화된 약물을 생성한다. 본 발명의 HER2-XPAT는, 고형 종양에 대한 T 세포 인게이지의 효능을 유지하면서 T 세포 인게이지의 독성 프로파일을 개선할 수 있으며, 이에 의해 이 강력한 양식에 대한 표적 범위의 확장 및 치료 지수의 상당한 증가를 가능하게 할 수 있다.

[0057] **예시적인 HER2-XPAT인 AMX-818로부터 생성된 데이터의 요약**

[0058] AMX-818의 표적 결합 및 시험관내 생물학적 활성을 다수의 연구에서 특성화하였다. 표면 플라즈몬 공명을 이용한 평형 결합 분석은 AMX-818 및 이의 대사물에 대해 인간과 사이노몰거스 원숭이 HER2 및 CD3 사이의 고도로 비슷한 친화도를 입증하였는데, 이는 독성 및 PK 연구에 대한 종으로서의 사이노몰거스 원숭이의 사용을 뒷받침한다. 단백질 분해적 활성화 AMX-818(PAT)은 인간 및 사이노몰거스 원숭이 HER2에 각각 2.4 nM 및 2.0 nM 친화도로, 그리고 인간 및 사이노몰거스 원숭이 CD3에 각각 26.3 nM 및 21.5 nM 친화도로 결합되었다. AMX-818의 마스킹은 두 종 모두에 대해 HER2에 대한 친화도를 10배만큼 감소시켰고, CD3에 대한 친화도를 대략 6배만큼 감소시켰다. AMX-818은 인간 및 사이노몰거스 원숭이 HER2에 대해 24.9 nM 및 20.1 nM 친화도로 결합된 반면, 인간 및 사이노몰거스 원숭이에 대한 CD3 친화도는 각각 160 nM 및 140.3 nM이었다.

[0059] TCE의 활성은 T 세포 수용체(TCR)의 효과적인 자극을 통해 T 세포를 활성화하는 능력에 따라 달라진다. TCE의 극단적인 효능은, T 세포와 표적 세포 사이에 면역 시냅스를 형성하여 세포독성을 개시하도록 3개 정도로 적은 수의 TCR이 자극되고 합쳐지기 위한 최소한의 요건에서 유도된다. T-세포 인게이지는 주로 세포독성을 유도하기 위한 것으로 알려져 있지만, 이들의 효능은 또한 항-종양 면역 반응을 향상시키고 증폭시키는, T-세포 활성화의 하류에 있는 사이토카인-유도 작용을 포함한다. AMX-818, 이의 프로토타입 AMX-818-P1, 및 이의 단백질 분해 대사물에 의한 T-세포 활성화를 HER2-고-발현 종양 세포인 BT-474(유방) 및 SKOV-3(난소)의 존재 하에서 Jurkat NFAT-리포터 세포 및 1차 인간 PBMC를 이용하여 시험관내에서 특성화하였다. 유세포측정에 의해 표면 활성화 마커 CD69 및 억제성 리포터 PD-1의 상향조절에 대해 인간 T 세포를 또한 평가하였다. PD-L1은 활성화된 T 세포에 의해 분비되는 IFN- γ 에 반응하여 유도되기 때문에, T-세포 활성화의 간접적인 척도로서, PD-1 리간드 PD-L1의 상향조절을 SKOV3 종양 표적의 표면 상에서 평가하였다.

[0060] AMX-818(PAT)은 BT-474 세포의 존재 하에서 Jurkat NFAT-루시페라제 리포터 T 세포를 70 pM 범위의 EC₅₀ 값으로 활성화한 반면, 마스킹된 AMX-818 및 AMX-818-P1에 대한 반응은 4 자릿수만큼 상당히 감소되었으며, 최대 반응은 활성화된 AMX-818(PAT) 대비 80 내지 90%만큼 감소되었다. AMX-818(PAT)에 의한 T-세포 활성화는 HER2⁺ BT-474 종양 세포의 부재 하에서 관찰되지 않았는데, 이는 CD3의 1가 인게이지먼트는 활성화에 충분하지 않고, CD3 및 종양 표적 둘 모두의 공동-인게이지먼트가 효과적인 T 세포 수용체(TCR) 자극에 필요하다는 것을 입증하였다. 단일 마스킹된 AMX-818 대사물, AMX-818(1x-C), 및 AMX-818(1x-N)은 중간 정도의 활성을 입증하였다. AMX-818-NoClvSite는 어떠한 검출 가능한 T-세포 활성화도 유도하지 않았는데, 이는, AMX-818에 의해 관찰된 최소한의 반응이 단백질 분해적 절단에 의해 유도되었을 가능성이 높았음을 시사한다.

[0061] AMX-818(PAT) 및 전구약물 AMX-818은, 비슷한 정도로, CD4⁺ 및 CD8⁺ T-세포 하위세트 둘 모두의 표면 상에서는 CD69 및 PD-1 발현을 유도하고, SKOV3 종양 세포 상에서는 PD-L1 발현을 유도하였다. 그러나, AMX-818에 대한 용량-반응 곡선은 AMX-818(PAT) 대비 평균 400 내지 650배 더 높은 값으로 이동하였는데, 이는, AMX-818에 대한 XTEN 마스크의 효과적인 기능성 마스킹을 추가로 입증한다.

[0062] AMX-818 및 이의 대사물을 그들의 세포독성 활성 및 염증성 사이토카인의 유도에 대해 특성화하였다. 말초 혈액 단핵 세포(PBMC)를 이펙터 세포로서 사용하고, HER2-고 BT-747 유방 종양주를 종양 표적 세포로서 선택하였다. 심근 조직은 HER2를 발현하는 것으로 알려져 있고, 드물지만, 일부 HER2-표적화된 요법에 의해 치료된 환자에서 심장 독성이 관찰되어 왔기 때문에, AMX-818 및 이의 단백질 분해 대사물에 대한 더 생리학적으로 세포용해성인 표적을 나타내기 위해 1차 심근 세포(낮은 내지 중간 정도의 HER2)를 선택하였다. 발광-기반 세포독성 검정을 1:1 이펙터:표적 세포 비로 수행하고, TCE-유도 사이토카인의 측정을 위해 무세포 상층액을 수집하였다.

- [0063] AMX-818(PAT)은 5 내지 11 pM 범위의 절반 최대 억제 농도(half-maximal inhibitory concentration)(IC₅₀) 값으로 거의 완전한 표적 세포 살해를 나타내어, BT-474 종양 세포에 대한 매우 강력한 세포독성을 입증하였다. 표적으로서 더 낮은 HER2-발현 인간 심근세포를 사용하는 경우(세포는 조절이상 프로테아제 활성을 나타낼 것으로 예상되지 않음), 세포독성 반응은 대략 13배만큼 감소되었으며, 최대 살해는 불완전하여, 단지 50 내지 60%에 접근하였다. BT-474 세포 및 심근세포 세포 둘 모두에 대한 AMX-818에 의한 세포독성 반응은, 평균 IC₅₀ 값이 2500 내지 3000배만큼 이동하면서 강하게 감소되었는데, 이는 XTEN 중합체 마스크에 의한 전구약물의 효과적인 기능성 마스크를 입증한다. 이들 마스크는, 표적 세포 살해의 개시가 필요한 기능적 면역 시냅스의 형성을 방해함으로써 표적 결합의 감소에 미치는 그들의 조합된 영향을 훨씬 넘어서 세포독성에서 상승적 보호를 제공한다. AMX-818 및 이의 프로토타입 AMX-818-P1은 그들의 거의 동일한 조성과 일치하는 비슷한 세포독성을 보여주었다. 단일 마스크된 단백질 분해 대사물인 AMX-818(1x-N) 및 AMX-818(1x-C)의 세포독성은 AMX-818(PAT)과 AMX-818 사이의 중간이었는데, 이는 단일 마스크에 의해 부분적인 보호를 입증한다. AMX-818에 의해 관찰된 세포독성은 AMX-818-NoClvSite(이 포맷은 프로테아제 절단 부위 둘 모두가 결여되어 있음)에 의해 제공된 활성의 추가 감소에 기반한 단백질 분해적 절단으로 인한 것일 가능성이 높았다.
- [0064] 일반적으로, 세포독성 검정으로부터의 상층액에서의 사이토카인 분비 유도에 있어서 AMX-818 및 이의 대사물의 상대적 효능은 BT-474 및 심근세포 표적 세포 둘 모두에 대한 세포독성에서 관찰된 것들을 반영하였다(여기서는, AMX-818(PAT)가 가장 강력하였으며 > 단일 마스크된 형태 > 그리고 AMX-818이 가장 덜 강력하였음). 사이토카인 IC₅₀ 값은 평균적으로 세포독성 반응에 대한 값보다 더 높았는데, 이는 세포독성이 둘 중 더 민감한 검정임을 입증한다. BT-474 및 심근세포 둘 모두의 존재 하에 AMX-818에 대한 반응은 AMX-818(PAT) 대비 7 자릿수만큼 감소된 반면, 단일 마스크된 대사물인 AMX-818(1x-N) 및 AMX-818(1x-C)은 중간 정도의 반응을 나타내었다.
- [0065] 심근세포의 존재 하에, 시험된 최고 농도(300 nM)에서 AMX-818에 의해 유도된 사이토카인의 최대 수준은, IL-6을 제외하고는, AMX-818(PAT)에 의해 유도된 사이토카인에 비하여 현저하게 감소하였다. BT-474 및 심근세포 둘 모두의 존재 하에, 300 nM 농도의 AMX-818 및 AMX-818-NoClvSite 둘 모두에서 상승된 IL-6 수준이 검출되었는데, 대부분의 경우 AMX-818(PAT)에 의해 생성된 최대 수준을 2 내지 6배만큼 초과하였다. 주목할 만한 점은, 이는 IL-6의 피크 전신 수준이 42 mg/kg MTD의 AMX-818에서보다 0.2 mg/kg MTD의 AMX-818(PAT)에서 9배 넘게 더 높은 사이노몰거스 원숭이의 생체내에서 관찰되는 것과 대조적이라는 것이다.
- [0066] HER2-발현 표적 세포의 부재 하에 사이토카인의 유도를 평가할 때, 사이토카인 IL-2, IL-4, TNF- α , 및 IFN- γ 는 현탁액 및 플레이트-코팅된 AMX-818 또는 AMX-818(PAT)로 처리된 인간 PBMC 배양물 중에서 유도되지 않았다. 시험된 최고 농도(500 nM)에서, 가용성 AMX-818은 모든 PBMC 공여자로부터 저수준의 IL-10을 유도하였다. IL-6은 특히 예외적이었는데, 여기서는 500 nM의 가용성 포맷에서, AMX-818은 이들 수단에서 항-CD3 항체 양성 대조군에 의해 유도된 IL-6의 수준을 평균 4.6배 증가만큼 초과하는 IL-6의 수준을 모든 공여자로부터 유도하였다. 고수준의 IL-6은 또한 습윤 플레이트-코팅된 포맷에서 5명의 공여자 중 2명에 의해 유도되었으며, 더 낮은 수준의 IL-6은 또한 최고 농도의 AMX-818(PAT)에서 관찰되었다. 그러나, 중요한 점은, 이러한 상승된 IL-6 수준은 TNF- α , IFN- γ , 및 IL-2(이들은 공통적으로 CRS의 조건 하에서 IL-6 분비와 동시-관련된(co-associated) 사이토카인임)의 증가를 동반하지 않았으며, AMX-818이 최대 50 mg/kg까지 투여된 사이노몰거스 원숭이에서도 관찰되지 않았다는 것이다. 대조적으로, 활성화된 AMX-818(PAT)은 사이노에서 0.3 mg/kg 이하의 용량에서 고수준의 IL-6을 유도하였으며, 이에는 추가의 염증성 사이토카인들의 증가가 동반되었다.
- [0067] AMX-818 및 이의 대사물의 효능 및 안전성을 특성화하기 위하여 생체내 약리학적 특성(pharmacology), PK, 및 독성(toxicology) 연구를 수행하였다. 표준 독성 종점(toxicology endpoint)에 추가하여, 고용량 AMX-818이 투여되거나 유도된 염증 조건 하에 있는 사이노몰거스 원숭이에서, 그리고 암 또는 전신 자가면역 질병을 갖는 환자의 혈장에서 연장된 인큐베이션 후 시험관내에서, 순환계에서 AMX-818의 단백질 분해 안정성을 평가하였다. 종양에서 AMX-818의 우선적인 절단은 프로테아제-의존성 효능을 초래하는 것이 명백한 반면, NHP에서의 말초 안정성은 AMX-818(PAT)에 비해 큰 안전성 여유도를 제공하였는데, 이에 의해 증가된 치료 지수가 예측된다. 종합하면, 이들 데이터는 AMX818의 강한 조건부 마스크를 뒷받침하며, 국부화된 종양 활성화와 함께 순환 및 말초 조직에서의 안정성 및 효과적인 마스크를 가능하게 한다.
- [0068] 몇몇 생체내 효능 연구를 수행하여, HER2-발현 종양을 살해하도록 T 세포를 재유도하는 데 있어서의 AMX-818의 영향을 평가하였다. AMX-818은 마우스 HER2 또는 CD3과 교차-반응성이 없기 때문에, 면역결핍 마우스에 인간 HER2-발현 이종이식편 종양을 접종하고, 이펙터 T 세포의 공급원으로서 인간 PBMC(hPBMC)를 생착하였다. AMX-

818의 항-종양 활성을 HER2-고 BT-474 유방 모델(약 975,000개의 HER2 수용체) 및 HER2-저 HT-55 결직장 모델(25,000개의 수용체)에서 평가하였다.

[0069] BT474 모델에서는, 2.1 mg/kg의 AMX-818 및 이의 프로토타입 AMX-818-P1 또는 0.9 mg/kg의 마스크되지 않은 AMX-818(PAT)의 등몰 용량 투여가 강력하고 완전한 종양 퇴행을 유도하였다. AMX-818의 항-종양 효능은, 프로테아제 방출 부위가 결여된 AMX-818(AMX-818-NoClvSite)의 형태로 처리된 마우스에서 상당한 종양 성장 억제의 결여에 의해 입증된 바와 같이, 마스크의 프로테아제 절단에 의존하였다. AMX-818-P1 및 AMX-818(PAT)은, 유세포 측정에 의해 CD4 및 CD8⁺ T 세포 상의 활성화 마커 CD25 및 CD69의 상향조절에 의해 평가된 바와 같이, 종양 미세환경에서 T 세포의 비슷한 활성화를 유도하였다. 중요한 점은, T 세포는, 심지어 인간 HER2이 발현되지 않은 마스크되지 않은 AMX-818(PAT)에 의해서도, 말초에서 활성화되지 않았다는 것인데, 이는 T 세포를 활성화하고 이의 살해를 재유도하기 위한 HER2 및 CD3 둘 모두의 이중 인게이지먼트에 대한 요건과 일치한다.

[0070] 2.1 mg/kg 단위 용량의 AMX-818은 투여 4일 이내에 확립된 큰 BT-474 종양(478 mm³의 평균 종양 부피)을 보유하는 마우스에서 종양 퇴행을 유도하기에 충분하였다. 이러한 효능은 HER2 발현 및 T 세포 둘 모두에 의존적이었는데, 이는, 비종양 결합 변이체 NB-XPAT(HER2 결합 도메인이 비-HER2 결합 scFv로 대체된 AMX-818의 버전)의 활성 결여 또는 hPBMC가 없는 종양-보유 마우스에 투여될 때의 AMX-818의 활성 결여에 의해 입증된 바와 같다. 이들 조사결과는, 활성을 위한 AMX-818의 이중 인게이지먼트에 대한 요건을 추가로 뒷받침하고, AMX-818이 HER2가 없는 정상 조직에서 절단될 것이라는 안전성 척도를 제공한다.

[0071] HER2-저 HT-55 종양을 보유하는 마우스에서, AMX-818은 또한 용량- 및 프로테아제-의존성 효능을 유도하였으며, 5.1 mg/kg은 모든 마우스에서 완전 종양 퇴행을 유도하였고(103% TGI, p<0.01), 2.1 mg/kg은 70% 종양 성장 억제를 유도하였다. 25,000개의 HER2 수용체를 발현하는 모델에서 AMX-818의 효능은 저수준의 HER2 발현을 갖는 종양을 포함하는 다수의 암 유형을 갖는 환자의 치료에 대한 잠재성을 제공한다. 마지막으로, BT-474 종양-보유 마우스에서의 2일 인큐베이션 후에, 평균 25.2% AMX-818(PAT)로 형광단-표지된 AMX-818의 우선적인 언마스크이 종양에서 명백한 데 비해 심장, 뇌 및 간 조직에서는 합계 2% 미만이었는 데, 이는 종양에서의 프로테아제의 국부화된 조절이상 및 정상 조직에서의 프로테아제 억제제의 우세의 키 테넌트(key tenant)를 뒷받침한다.

[0072] 용어

[0073] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 하기 용어들은 달리 명시되지 않는 한 그에 해당하는 의미를 갖는다.

[0074] 본 명세서 및 청구범위에서 사용되는 바와 같이, 단수형("a", "an" 및 "the")은 문맥상 명확하게 달리 나타내지 않는 한, 복수의 지시 대상을 포함한다. 예를 들어, 용어 "세포"는 복수의 세포들(이들의 혼합물을 포함함)을 포함한다.

[0075] 용어 "폴리펩티드", "펩티드", 및 "단백질"은 본 명세서에서 임의의 길이의 아미노산의 중합체를 지칭하기 위해 상호교환 가능하게 사용된다. 중합체는 선형 또는 분지형일 수 있으며, 변형된 아미노산을 포함할 수 있고, 비-아미노산이 개재될 수 있다. 이 용어는 또한, 예를 들어 이황화물 결합 형성, 글리코실화, 지질화, 아세틸화, 인산화, 또는 임의의 다른 조작, 예컨대 표지화 성분과의 접합에 의해 변형된 아미노산 중합체를 포함한다.

[0076] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 "아미노산"은 천연 및/또는 비천연 또는 합성 아미노산을 지칭하며, 이는 글리신과, D 또는 L 광학 이성질체 둘 모두, 및 아미노산 유사체 및 펩티드 모방체가 포함되지만 이로 한정되지 않는다. 표준 1-문자 또는 3-문자 코드가 아미노산을 지정하는 데 사용된다.

[0077] "숙주 세포"는 대상 벡터를 위한 수용자일 수 있거나 수용자였던 개별 세포 또는 세포 배양물을 포함한다. 숙주 세포는 단일 숙주 세포의 자손을 포함한다. 자손은 자연 발생 또는 유전자 조작된 변이로 인해 원래의 모 세포와 (모폴로지에서 또는 총 DNA 상보체의 계통에서) 반드시 완전히 동일하지 않을 수 있다.

[0078] "키메라" 단백질은 자연에서 발생하는 위치와 서열 내의 상이한 위치에 있는 영역들을 포함하는 적어도 하나의 융합 폴리펩티드를 함유한다. 이들 영역은 통상적으로 별개의 단백질 내에 존재할 수 있고 융합 폴리펩티드에서 합쳐지거나; 또는 이들은 통상적으로 동일한 단백질 내에 존재할 수 있지만 융합 폴리펩티드에서 새로운 배열로 배치된다. 키메라 단백질은, 예를 들어, 화학적 합성에 의해 생성되거나, 또는 펩티드 영역이 원하는 관계로 인코딩되는 폴리뉴클레오티드를 생성하고 번역함으로써 생성될 수 있다.

[0079] "접합된", "연결된", "융합된", 및 "융합"은 본 명세서에서 상호교환 가능하게 사용된다. 이들 용어는 화학적 접합 또는 재조합 수단을 포함한 임의의 수단에 의해 2개 이상의 화학 원소 또는 성분을 함께 결합하는 것을 지

칭한다.

[0080] 용어 “폴리뉴클레오티드”, “핵산”, “뉴클레오티드” 및 “올리고뉴클레오티드”는 상호교환 가능하게 사용된다. 이들은 테옥시리보뉴클레오티드 또는 리보뉴클레오티드, 또는 이들의 유사체 중 어느 것인가의 임의의 길이의 뉴클레오티드의 중합체 형태를 지칭한다. 폴리뉴클레오티드는 임의의 3차원 구조를 가질 수 있고, 알려져 있거나 알려져 있지 않은 임의의 기능을 수행할 수 있다. 폴리뉴클레오티드는 변형된 뉴클레오티드, 예컨대 메틸화 뉴클레오티드 및 뉴클레오티드 유사체를 포함할 수 있다. 존재한다면, 뉴클레오티드 구조에 대한 변형은 중합체의 조립 전이나 후에 부여될 수 있다. 뉴클레오티드의 서열에는 비-뉴클레오티드 성분이 개재될 수 있다. 폴리뉴클레오티드는 중합 후에, 예를 들어 표지화 성분과의 접합에 의해 추가로 변형될 수 있다.

[0081] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, “상동성”을 갖거나 “상동성인” 폴리뉴클레오티드는, 본 명세서에 정의된 바와 같은 엄격한 조건 하에서 혼성화되고 그 서열과 적어도 70%, 바람직하게는 적어도 80%, 더 바람직하게는 적어도 90%, 더 바람직하게는 95%, 더 바람직하게는 97%, 더 바람직하게는 98%, 훨씬 더 바람직하게는 99% 서열 동일성을 갖는 것들이다.

[0082] 폴리뉴클레오티드 서열에 적용될 때, 용어 “퍼센트 동일성” 및 “% 동일성”은 표준화된 알고리즘을 사용하여 정렬된 적어도 2개의 폴리뉴클레오티드 서열 사이의 잔기 매치의 백분율을 지칭한다. 이러한 알고리즘은 표준화되고 재현가능한 방식으로 2개의 서열 사이의 정렬을 최적화하기 위해 비교되는 서열들 내에 갭(gap)을 삽입할 수 있고, 이에 따라 2개의 서열의 더 의미있는 비교를 달성할 수 있다. % 동일성은 예를 들어 특정 서열 번호에 정의된 바와 같은 전체 정의된 폴리뉴클레오티드 서열의 길이에 걸쳐 측정될 수 있거나, 더 짧은 길이에 걸쳐, 예를 들어 더 큰 정의된 폴리뉴클레오티드 서열로부터 취해진 단편, 예를 들어 적어도 45개, 적어도 60개, 적어도 90개, 적어도 120개, 적어도 150개, 적어도 210개 또는 적어도 450개의 연속 잔기의 단편의 길이에 걸쳐 측정될 수 있다. 이러한 길이는 단지 예시적이며, 표, 도면 또는 서열 목록에서 본 명세서에 제시된 서열에 의해 지지된 어떠한 단편 길이도 동일성 백분율이 측정될 수 있는 길이를 기재하는 데 사용될 수 있음이 이해된다.

[0083] 본 명세서에서 확인된 폴리펩티드 서열과 관련하여 “퍼센트(%) 아미노산 서열 동일성”은, 서열들을 정렬하고 필요하다면 갭을 도입하여 최대 % 서열 백분율을 달성한 후에, 서열 동일성의 일부로서 임의의 보존적 치환을 고려하지 않고서, 제2 참조 폴리펩티드 서열 또는 이의 일부분의 아미노산 잔기와 동일한 질의 서열 내의 아미노산 잔기의 백분율로서 정의된다. % 아미노산 서열 동일성을 결정하기 위한 정렬은 당업계의 기술 범위 내에 있는 다양한 방법으로, 예를 들어 BLAST, BLAST-2, ALIGN, 또는 Megalign(DNASTAR) 소프트웨어와 같은 공개적으로 입수가 가능한 컴퓨터 소프트웨어를 사용하여 달성될 수 있다. 당업자는 비교되는 서열의 전장(full length)에 걸쳐 최대한의 정렬을 달성하는 데 필요한 임의의 알고리즘을 비롯하여, 정렬을 측정하기 위한 적절한 파라미터를 결정할 수 있다. % 동일성은 예를 들어 특정 서열 번호에 정의된 바와 같은 전체 정의된 폴리펩티드 서열의 길이에 걸쳐 측정될 수 있거나, 더 짧은 길이에 걸쳐, 예를 들어 더 큰 정의된 폴리펩티드 서열로부터 취해진 단편, 예를 들어 적어도 15개, 적어도 20개, 적어도 30개, 적어도 40개, 적어도 50개, 적어도 70개 또는 적어도 150개의 연속 잔기의 단편의 길이에 걸쳐 측정될 수 있다. 이러한 길이는 단지 예시적이며, 표, 도면 또는 서열 목록에서 본 명세서에 제시된 서열에 의해 지지된 어떠한 단편 길이도 동일성 백분율이 측정될 수 있는 길이를 기재하는 데 사용될 수 있음이 이해된다.

[0084] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, XTEN 서열의 “반복성”은 3량체 반복성을 지칭하며, 컴퓨터 프로그램 또는 알고리즘에 의해 또는 당업계에 알려진 기타 다른 수단에 의해 측정될 수 있다. XTEN의 3량체 반복성은 폴리펩티드 내의 중첩 3량체 서열의 발생수를 결정함으로써 평가된다. 예를 들어, 200개의 아미노산 잔기의 폴리펩티드는 198개의 중첩 3-아미노산 서열(3량체)을 갖지만, 특유의 3량체 서열의 수는 서열 내의 반복성의 양에 따라 달라질 것이다. 전체 폴리펩티드 서열 내의 3량체의 반복성의 정도를 반영하는 점수(이하, “하위서열 점수”)가 생성될 수 있다. 본 발명과 관련하여, “하위서열 점수”는 폴리펩티드의 200개의 연속 아미노산 서열을 가로지르는 각각의 특유의 3량체 프레임의 발생수의 합을 200개의 아미노산 서열 내의 특유의 3량체 하위서열의 절대수로 나눈 값을 의미한다. 반복 폴리펩티드 및 비반복 폴리펩티드의 처음 200개의 아미노산으로부터 도출된 이러한 하위서열 점수의 예는 국제 특허 출원 공개 WO 2010/091122 A1(그 전체가 참고로 포함됨)의 실시예 73에 제시되어 있다. 일부 구현예에서, 본 발명은 16 미만, 또는 14 미만, 또는 12 미만, 또는 더 바람직하게는 10 미만의 하위서열 점수를 가질 수 있는 XTEN을 각각 포함하는 BPXTEN을 제공한다.

[0085] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 “실질적으로 비반복 XTEN”은 다음과 같은 XTEN을 지칭한다: (1) XTEN 서열 내에 4개의 연속 아미노산의 아미노산 유형이 동일한 경우가 거의 또는 전혀 없고, (2) XTEN은 (본 명세서에서 앞서의 문단에서 정의된) 하위서열 점수가 12, 또는 10 또는 그 미만이거나, N-말단에서 C-말단으로 폴리펩

티드 서열을 구성하는 서열 모티프들의 순서에 패턴이 없음.

- [0086] “백터”는 핵산 분자로서, 바람직하게는 적절한 숙주 내에서 자기-복제성이며, 이때 숙주는 삽입된 핵산 분자를 숙주 세포 내로 및/또는 숙주 세포 사이로 전달한다. 이 용어는 주로 DNA 또는 RNA를 세포 내로 삽입하는 기능을 하는 백터, 주로 DNA 또는 RNA를 복제하는 기능을 하는 백터, 및 DNA 또는 RNA의 전사 및/또는 번역하는 기능을 하는 발현 백터를 포함한다. 상기 기능들 중 하나 초과를 제공하는 백터도 포함된다. “발현 백터”는 적절한 숙주 내로 도입될 때, 폴리펩티드(들)로 전사 및 번역될 수 있는 폴리뉴클레오티드이다. “발현 시스템”은 일반적으로 원하는 발현 생성물을 산출하도록 기능할 수 있는 발현 백터로 구성되는 적합한 숙주 세포를 의미한다.
- [0087] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 “ $t_{1/2}$ ”는 $\ln(2)/K_{el}$ 로 계산되는 최종 반감기를 의미한다. K_{el} 은 로그 농도 vs. 시간 곡선의 최종 선형 부분(terminal linear portion)의 선형 회귀에 의해 계산된 최종 제거 속도 상수이다. 반감기는 통상적으로 살아있는 유기체 내에 침착되는 투여된 물질의 양의 절반이 정상적인 생물학적 과정에 의해 대사되거나 제거되는 데 필요한 시간을 지칭한다. 용어 “ $t_{1/2}$ ”, “최종 반감기”, “제거 반감기” 및 “순환 반감기”는 본 명세서에서 상호교환 가능하게 사용된다.
- [0088] 용어 “항원”, “표적 항원”, 또는 “면역원”은 본 명세서에서 항체 단편 또는 항체 단편-기반 치료제가 특이적으로 결합하거나 그에 대해 특이성을 갖는 구조 또는 결합 결정인자를 지칭하기 위해 상호교환 가능하게 사용된다.
- [0089] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 “페이로드(payload)”는 생물학적 또는 치료적 활성을 갖는 단백질 또는 펩티드 서열을 지칭하며; 소분자의 약물작용발생단(pharmacophore)에 대한 대응물이다. 페이로드의 예에는 사이토카인, 효소, 호르몬 및 혈액 및 성장 인자가 포함되지만 이로 한정되지 않는다. 페이로드는 유전자 융합된 또는 화학적으로 접합된 모이어티, 예컨대 화학요법제, 항바이러스 화합물, 독소, 또는 조영제(contrast agent)를 추가로 포함할 수 있다. 이들 접합된 모이어티는 절단 가능하거나 절단 불가능할 수 있는 링커를 통해 폴리펩티드의 나머지 부분에 결합될 수 있다.
- [0090] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, “치료” 또는 “치료하는”, “완화시키는(palliating)”, 및 “호전시키는(ameliorating)”은 본 명세서에서 상호교환 가능하게 사용된다. 이들 용어는 치료적 이익 및/또는 예방적 이익을 포함하지만 이로 한정되지 않는 유익하거나 원하는 결과를 얻기 위한 접근법을 지칭한다. “치료적 이익”이란, 치료되는 기저 장애의 근절 또는 호전을 의미한다. 또한, 기저 질병 병태와 관련된 생리학적 증상 중 하나 이상의 근절 또는 호전으로 치료적 이익이 달성되며, 이로써 대상체가 여전히 기저 장애를 앓고 있을 수 있음에도 불구하고, 대상체에서 개선이 관찰된다. 예방적 이익을 위하여, 조성물은 특정 질병 병태가 발생할 위험이 있는 대상체에게, 또는 질병의 진단이 이루어지지 않았더라도 질병의 생리학적 증상 중 하나 이상을 보고하는 대상체에게 투여될 수 있다.
- [0091] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, “치료적 효과”는, 생물학적 활성 단백질이 갖는 항원 에피토프에 대한 항체 생성을 유도하는 능력 이외에 본 발명의 융합 폴리펩티드에 의해 야기된, 인간 또는 기타 다른 동물에서의 질병 병태의 치유, 완화, 호전, 또는 예방, 또는 달리 인간 또는 동물의 신체적 또는 정신적 웰빙을 향상시키기 위한 것을 포함하지만 이로 한정되지 않는 생리학적 효과를 지칭한다. 치료적 유효량의 결정은, 특히 본 명세서에 제공된 상세한 개시내용에 비추어 당업자의 능력 내에 충분히 있다.
- [0092] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 “치료적 유효량” 및 “치료적 유효 용량”은 대상체에게 1회 또는 반복 용량으로 투여될 때 질병 상태 또는 병태의 임의의 증상, 양상, 측정된 파라미터, 또는 특성에 대해 임의의 검출 가능한 유익한 효과를 가질 수 있는, 단독으로의 또는 융합 단백질 조성물의 일부로서의 생물학적 활성 단백질의 양을 지칭한다. 그러한 효과는 절대적으로 유익할 필요는 없다. 질병 병태는 장애 또는 질병을 지칭할 수 있다.
- [0093] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 “치료적 유효 용량 계획(regimen)”은 단독으로의 또는 융합 단백질 조성물의 일부로서의 생물학적 활성 단백질의 연속 투여 용량에 대한 일정을 지칭하며, 여기서 용량은 질병 상태 또는 병태의 증상, 양상, 측정된 파라미터, 또는 특성에 대해 지속적인 유익한 효과를 가져오는 치료적 유효량으로 제공된다.
- [0094] **융합 폴리펩티드**
- [0095] 개시된 본 발명은 하나 이상의 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN 또는 XTEN들)(하기에 더 충분히 기재된 바와 같

음), XTEN(들)에 연결된 이중특이성 항체 작제물(BsAb), 및 하나 이상의 방출 세그먼트(RS)를 포함하는 폴리펩티드(또는 융합 폴리펩티드)를 포함하며; 방출 세그먼트는 XTEN과 이중특이성 항체 작제물(BsAb) 사이에 위치하고; 폴리펩티드(또는 융합 폴리펩티드)는 N-말단 아미노산 및 C-말단 아미노산을 갖는다.

[0096] 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 제1 XTEN(예컨대, 하기에 “연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN)” 섹션에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 것들)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 제2 XTEN(예컨대, 하기에 “연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN)” 섹션에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 것들)을 추가로 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 그의 N-말단 또는 그 부근에 있는 XTEN(“N-말단 XTEN”)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 그의 C-말단 또는 그 부근에 있는 XTEN(“C-말단 XTEN”)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 N-말단 XTEN 및 C-말단 XTEN 둘 모두를 포함한다. 일부 구현예에서, 제1 XTEN은 N-말단 XTEN이고, 제2 XTEN은 C-말단 XTEN이다. 일부 구현예에서, 제1 XTEN은 C-말단 XTEN이고, 제2 XTEN은 N-말단 XTEN이다.

[0097] 이중특이성 항체(BsAb)로서, 생물학적 활성 폴리펩티드(“BP”)가 폴리펩티드 내의 하나 이상의 XTEN에 연결되며, 이러한 폴리펩티드는 XTEN-함유 융합 폴리펩티드, 즉, “BPXTEN”으로 지칭될 수 있다.

[0098] XTEN은 프로테아제에 의한 융합 폴리펩티드(또는 BPXTEN)의 분해 시에 XTEN으로부터 방출 가능한(방출되도록 구성된) 하나 이상의 바코드 단편(하기에 더 충분히 기재된 바와 같음)을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 각각의 바코드 단편은 프로테아제에 의한 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편(존재한다면, 기타 다른 모든 바코드 단편을 포함함)과 서열 및 분자량이 상이하다.

[0099] (융합) 폴리펩티드는, 예를 들어 폴리펩티드로부터 바코드 단편(들)을 방출하는 프로테아제 분해 시에, 폴리펩티드로부터 방출 가능한(방출되도록 구성된) 하나 이상의 참조 단편(하기에 더 충분히 기재된 바와 같음)을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 각각의 참조 단편은, 프로테아제에 의한 폴리펩티드의 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이한 단일 참조 단편일 수 있다.

[0100] 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 N-말단 아미노산 및 C-말단 아미노산을 갖는다. 폴리펩티드는 (a) 프로테아제에 의한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 바코드 단편(BAR)을 포함하는, 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN); (b) 분화 클러스터 3 T 세포 수용체(CD3)에 특이적으로 결합하는 제1 항원 결합 단편(AF1)(여기서, AF1은 경쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-L1), 2(CDR-L2), 및 3(CDR-L3) 및 중쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-H1), 2(CDR-H2), 및 3(CDR-H3)을 포함하며, 여기서 CDR-H3은 서열 번호 10의 아미노산 서열을 포함함); 및 인간 표피 성장 인자 수용체 2(HER2)에 특이적으로 결합하는 제2 항원 결합 단편(AF2)을 포함하는, 이중특이성 항체 작제물(BsAb); 및 (c) XTEN과 이중특이성 항체 작제물 사이에 위치한 방출 세그먼트(RS)를 포함하며, 여기서 XTEN은 (i) 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함하고; (ii) 그의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 본 명세서에서 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)에 의해 확인되고; (iii) 적어도 4 가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하며, 이들 아미노산은 본 명세서에서 G, A, S, T, E, 또는 P에 의해 확인되는 것을 특징으로 하며; (iv) XTEN은, 각각 9 내지 14개의 아미노산 길이인 복수의 비중첩 서열 모티프들로부터 형성되는 것을 특징으로 하며, 여기서 복수의 비중첩 서열 모티프들은 (1) 비중첩 서열 모티프 세트(여기서, 비중첩 서열 모티프 세트의 각각의 비중첩 서열 모티프는 XTEN 내에서 적어도 2회 반복됨); 및 (2) XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 비중첩 서열 모티프를 포함하며, 여기서 바코드 단편(BAR)은 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 비중첩 서열 모티프의 적어도 일부를 포함하고; 여기서 바코드 단편(BAR)은 프로테아제에 의한 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하고; 여기서 바코드 단편(BAR)은 폴리펩티드의 N-말단 아미노산 또는 C-말단 아미노산을 포함하지 않는다. 폴리펩티드는 융합 단백질로서 발현될 수 있다. 절단되지 않은 상태에서의 융합 단백질은, N-말단에서 C-말단으로, 본 명세서에서 AF1-AF2-RS-XTEN, AF2-AF1-RS-XTEN, XTEN-RS-AF1-AF2, 또는 XTEN-RS-AF2-AF1에 의해 확인된 구조 배열을 가질 수 있다.

[0101] 본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, XTEN은 제1 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN1)이고; XTEN1을 형성하는 복수의 비중첩 서열 모티프들은 제1 복수의 비중첩 서열 모티프들이고; BAR은 제1 바코드 단편(BAR1)이고; RS는 제1 방출 세그먼트(RS1)이다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 (d) 프로테아제에 의한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 제2 바코드 단편(BAR2)을 포함하는, 제2 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN2); 및 (e) 제2 XTEN(XTEN2)과 이중특이성 항체 작제물(BsAb) 사이에 위치한 제2 방출 세그먼트(RS2)를 추가로 포함할 수 있으며, 여기서 XTEN2는 (i) 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함하고; (ii) 그의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 본 명세서에서 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)에

의해 확인되고; (iii) 적어도 4가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하며, 이들 아미노산은 본 명세서에서 G, A, S, T, E, 또는 P에 의해 확인되는 것을 특징으로 하며; 여기서 제2 바코드 단편(BAR2)은 프로테아제에 의한 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하고; 여기서 제2 바코드 단편(BAR2)은 폴리펩티드의 N-말단 아미노산 또는 C-말단 아미노산을 포함하지 않는다. XTEN1은 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치할 수 있고, XTEN2는 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치할 수 있다. 대안적으로, XTEN1은 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 C-말단에 위치할 수 있고, XTEN2는 이중특이성 항체 작제물(BsAb)의 N-말단에 위치할 수 있다. 폴리펩티드의 일부 구현예에서, (iv) XTEN2는, 각각 9 내지 14개의 아미노산 길이인 제2 복수의 비중첩 서열 모티프들로부터 형성될 수 있으며, 여기서 제2 복수의 비중첩 서열 모티프들은 (1) 상기 제2 XTEN 내에서 적어도 2회 반복되는 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트(여기서, 비중첩 서열 모티프들의 제2 세트의 각각의 비중첩 서열 모티프는 제2 XTEN 내에서 적어도 2회 반복됨); 및 (2) 제2 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 비중첩 서열 모티프를 포함하며, 여기서 제2 바코드 단편(BAR2)은 제2 XTEN 내에서 단지 1회만 발생하는 비중첩 서열 모티프의 적어도 일부를 포함한다. 폴리펩티드는 융합 단백질로서 발현될 수 있으며, 여기서 융합 단백질은 비절단된 상태에서, N-말단에서 C-말단으로, 본 명세서에서 XTEN1-RS1-AF1-AF2-RS2-XTEN2, XTEN1-RS1-AF2-AF1-RS2-XTEN2, XTEN2-RS2-AF1-AF2-RS1-XTEN1, XTEN2-RS2-AF2-AF1-RS1-XTEN1, XTEN1-RS1-디아바디-RS2-XTEN2, 또는 XTEN2-RS2-디아바디-RS1-XTEN1에 의해 확인된 구조 배열을 가질 수 있다. 디아바디는 AF1의 경쇄 가변 영역(VL_I), AF1의 중쇄 가변 영역(VH_I), AF2의 경쇄 가변 영역(VL_{II}), 및 AF2의 중쇄 가변 영역(VH_{II})을 포함할 수 있다.

[0102] 본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, (a) 제1 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN1)는 표 3a에 제시된 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있고; (b) 이중특이성 항체 작제물(BsAb)은, (I) 경쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-L1), 2(CDR-L2), 및 3(CDR-L3) 및 각각 서열 번호 8, 9, 및 10의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 상보성-결정 영역 1(CDR-H1), 2(CDR-H2), 및 3(CDR-H3)을 포함하는, 제1 항원 결합 단편(AF1); 및 (II) 본 명세서에서 서열 번호 778 내지 783에 의해 확인된 경쇄 가변 영역(VL_{II}) 및 본 명세서에서 서열 번호 878 내지 883에 의해 확인된 중쇄 가변 영역(VH_{II})을 포함하는 제2 항원 결합 단편(AF2)을 포함할 수 있고; (c) 제1 방출 세그먼트(RS1)는 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; (d) 제2 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN2)는 표 3a에 제시된 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; (e) 제2 방출 세그먼트(RS2)는 본 명세서에서 서열 번호 7001 내지 7626에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고, 여기서 폴리펩티드는, N-말단에서 C-말단으로, 본 명세서에서 XTEN1-RS1-AF2-AF1-RS2-XTEN2, XTEN1-RS1-AF1-AF2-RS2-XTEN2, XTEN2-RS2-AF2-AF1-RS1-XTEN1, 또는 XTEN2-RS2-AF1-AF2-RS1-XTEN1에 의해 확인된 구조 배열을 가질 수 있다.

[0103] 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN)

[0104] 사슬 길이 및 아미노산 조성

[0105] 일부 구현예에서, XTEN은 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함한다. 일부 구현예에서, XTEN은 100 내지 3,000개, 또는 150 내지 3,000개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, XTEN은 100 내지 1,000개, 또는 150 내지 1,000개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, XTEN은 적어도 (약) 100개, 적어도 (약) 150개, 적어도 (약) 200개, 적어도 (약) 250개, 적어도 (약) 300개, 적어도 (약) 350개, 적어도 (약) 400개, 적어도 (약) 450개, 적어도 (약) 500개, 적어도 (약) 550개, 적어도 (약) 600개, 적어도 (약) 650개, 적어도 (약) 700개, 적어도 (약) 750개, 적어도 (약) 800개, 적어도 (약) 850개, 적어도 (약) 900개, 적어도 (약) 950개, 적어도 (약) 1,000개, 적어도 (약) 1,100개, 적어도 (약) 1,200개, 적어도 (약) 1,300개, 적어도 (약) 1,400개, 적어도 (약) 1,500개, 적어도 (약) 1,600개, 적어도 (약) 1,700개, 적어도 (약) 1,800개, 적어도 (약) 1,900개, 또는 적어도 (약) 2,000개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, XTEN은 최대 (약) 100개, 최대 (약) 150개, 최대 (약) 200개, 최대 (약) 250개, 최대 (약) 300개, 최대 (약) 350개, 최대 (약) 400개, 최대 (약) 450개, 최대 (약) 500개, 최대 (약) 550개, 최대 (약) 600개, 최대 (약) 650개, 최대 (약) 700개, 최대 (약) 750개, 최대 (약) 800개, 최대 (약) 850개, 최대 (약) 900개, 최대 (약) 950개, 최대 (약) 1,000개, 최대 (약) 1,100개, 최대 (약) 1,200개, 최대 (약) 1,300개, 최대 (약) 1,400개, 최대 (약) 1,500개, 최대 (약) 1,600개, 최대 (약) 1,700개, 최대 (약) 1,800개, 최대 (약) 1,900개, 또는 최대 (약) 2,000개의 아미노산 길이이다. 일부 구

현예에서, XTEN은 (약) 100개, (약) 150개, (약) 200개, (약) 250개, (약) 300개, (약) 350개, (약) 400개, (약) 450개, (약) 500개, (약) 550개, (약) 600개, (약) 650개, (약) 700개, (약) 750개, (약) 800개, (약) 850개, (약) 900개, (약) 950개, (약) 1,000개, (약) 1,100개, (약) 1,200개, (약) 1,300개, (약) 1,400개, (약) 1,500개, (약) 1,600개, (약) 1,700개, (약) 1,800개, (약) 1,900개, 또는 (약) 2,000개의 아미노산 길이, 또는 전술한 값 중 임의의 2개 사이의 범위를 갖는다. 일부 구현예에서, XTEN의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 본 명세서에서 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)에 의해 확인된다. 일부 구현예에서, XTEN의 아미노산 잔기의 적어도 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)이다. 일부 구현예에서, XTEN은 G, A, S, T, E, 또는 P인, 적어도 4가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하며, 이들 아미노산은 XTEN 폴리펩티드를 포함하는 임의의 다른 비중첩 서열 모티프에 대해 실질적으로 랜덤화된다. 일부 구현예에서, XTEN(예를 들어, XTEN1, XTEN2 등)은 하기를 특징으로 한다: (i) 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함하고; (ii) XTEN의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)이고; (iii) G, A, S, T, E, 또는 P로부터의 적어도 4가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하며, 이러한 아미노산은 XTEN 폴리펩티드를 포함하는 임의의 다른 비중첩 서열 모티프에 대해 실질적으로 랜덤화됨. 당업자는, 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 “글루타메이트”는 “글루탐산”과 동의어이며, 측쇄 카르복실이 탈양성자화되어 있는지의 여부에 관계없이 글루탐산 잔기를 지칭함을 이해할 것이다. 일부 구현예에서, XTEN-함유 융합 폴리펩티드는 제1 XTEN 및 제2 XTEN을 포함한다. 일부 구현예에서, 제1 XTEN 내의 아미노산의 총수와 제2 XTEN 내의 아미노산의 총수의 합은 적어도 300개, 적어도 350개, 적어도 400개, 적어도 500개, 적어도 600개, 적어도 700개, 또는 적어도 800개의 아미노산이다.

[0106] 비중첩 서열 모티프

[0107] 일부 구현예에서, XTEN은 복수의 비중첩 서열 모티프들을 포함하거나 이들로부터 형성된다. 일부 구현예에서, 비중첩 서열 모티프들 중 적어도 하나는 반복성이고(또는 XTEN 내에서 적어도 2회 반복됨), 비중첩 서열 모티프들 중 적어도 또 다른 하나는 비반복성이다(또는 XTEN 내에서 단지 1회만 발견됨). 일부 구현예에서, 복수의 비중첩 서열 모티프들은 (a) (반복성) 비중첩 서열 모티프 세트(여기서, 비중첩 서열 모티프 세트의 각각의 비중첩 서열 모티프는 XTEN 내에서 적어도 2회 반복됨); 및 (b) XTEN 내에서 단지 1회만 발생되는(또는 발견되는) 비중첩 (비반복성) 서열 모티프를 포함한다. 일부 구현예에서, 각각의 비중첩 서열 모티프는 9 내지 14개(또는 10 내지 14개, 또는 11 내지 13개)의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, 각각의 비중첩 서열 모티프는 12개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, 복수의 비중첩 서열 모티프들은 비중첩 (반복성) 서열 모티프 세트를 포함하며, 여기서 비중첩 서열 모티프 세트의 각각의 비중첩 서열 모티프는 (1) XTEN 내에서 적어도 2회 반복되고, (2) 9 내지 14개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, (반복성) 비중첩 서열 모티프 세트는 본 명세서에서 표 1의 서열 번호 179 내지 200 및 1715 내지 1722에 의해 확인된 12량체 서열 모티프를 포함한다. 일부 구현예에서, (반복성) 비중첩 서열 모티프 세트는 본 명세서에서 표 1의 서열 번호 186 내지 189에 의해 확인된 12량체 서열 모티프를 포함한다. 일부 구현예에서, (반복성) 비중첩 서열 모티프 세트는 표 1의 서열 번호 186 내지 189의 12량체 서열 모티프 중 적어도 2개, 적어도 3개, 또는 4개 모두를 포함한다.

[0108] [표 1] XTEN의 작제를 위한 예시적인 12량체 서열 모티프

모티프 패밀리*	아미노산 서열	서열 번호
AD	GESPGGSSGSES	182
AD	GSEGSSGPGESE	183
AD	GSSESGSSEGGP	184
AD	GSGGEPSESGSS	185
AE, AM	GSPAGSPTSTEE	186
AE, AM, AQ	GSEPATSGSETP	187
AE, AM, AQ	GTSESATPESGP	188
AE, AM, AQ	GTSTEPSEGSAP	189
AF, AM	GSTSESPSGTAP	190
AF, AM	GTSTPESGSASP	191
AF, AM	GTSPSGESSTAP	192
AF, AM	GSTSSTAESPGP	193
AG, AM	GTPGSGTASSSP	194
AG, AM	GSSTPSGATGSP	195
AG, AM	GSSPSASTGTGP	196
AG, AM	GASPGTSSTGSP	197
AQ	GEPAGSPTSTSE	198
AQ	GTGEPSTPASE	199
AQ	GSGPSTESAPTE	200
AQ	GSETPSGPSETA	179
AQ	GPSETSTSEPGA	180
AQ	GSPSEPTEGTSA	181
BC	GSGASEPTSTEP	1715
BC	GSEPATSGTEPS	1716
BC	GTSEPSTSEPGA	1717
BC	GTSTEPSEPGSA	1718
BD	GSTAGSETSTEA	1719
BD	GSETATSGSETA	1720
BD	GTSESATSESGA	1721
BD	GTSTEASEGSAS	1722

[0109]

[0110] *는, 다양한 순열로 함께 사용될 때 "패밀리 서열"을 가져오는 개별 모티프 서열들을 나타낸다.

[0111] 바코드 단편

[0112] 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 프로테아제에 의한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 바코드 단편(예를 들어, XTEN의 제1, 제2, 또는 제3 바코드 단편)을 포함한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 (1) XTEN 내에서 단지 1회만 발생되는(또는 발견되는) (비반복성, 비중첩) 서열 모티프의 적어도 일부를 포함하는 XTEN의 일부분이고; (2) 프로테아제에 의한 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하다. 당업자는 용어 “바코드 단편” (또는 “바코드”, 또는 “바코드 서열”)이 폴리펩티드 내에 절단 가능하게 융합된 XTEN의 일부분, 또는 폴리펩티드로부터 방출되어 생성된 펩티드 단편 중 어느 하나를 지칭할 수 있음을 이해할 것이다.

[0113] 일부 구현예에서, 바코드 단편은 폴리펩티드의 N-말단 아미노산 또는 C-말단 아미노산을 포함하지 않는다. 하기에 더 충분히 기재된 바와 같이 또는 본 명세서의 임의의 곳에 기재된 바와 같이, 일부 구현예에서, 바코드 단편은 융합 폴리펩티드의 Glu-C 분해 시에 방출 가능하다(방출되도록 구성된다). 일부 구현예에서, 바코드 단편은, XTEN 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않는다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 그의 C-말단에 글루탐산을 갖는다. 당업자는, 바코드 단편의 C-말단은, 바코드 단편의

C-말단이 XTEN 내에 절단 가능하게 융합될 때, 심지어 다른 "비-바코드" 아미노산 잔기가 동일한 XTEN 내의 바코드 단편에 대해 C-말단에 위치하더라도, 바코드 단편 내의 "마지막"(또는 C-말단에 가장 가까운) 아미노산 잔기를 지칭할 수 있음을 이해할 것이다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 갖는다. 일부 구현예에서, N-말단 아미노산 앞에 위치한 글루탐산 잔기는 또 다른 글루탐산 잔기에 바로 인접하지 않는다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 글루탐산 바로 뒤에 프롤린이 위치하지 않는 한, 바코드 단편의 C-말단 이외의 위치에 (제2) 글루탐산 잔기를 포함하지 않는다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 폴리펩티드의 N-말단 또는 폴리펩티드의 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 여기서 거리는 10 내지 150개, 또는 10 내지 125개의 아미노산이다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 폴리펩티드의 N-말단으로부터 300, 280, 260, 250, 240, 220, 200, 190, 180, 170, 160, 150, 140, 130, 120, 110, 100, 90, 80, 70, 60, 50, 48, 40, 36, 30, 24, 20, 12, 또는 10개의 아미노산 이내에 또는 이의 위치에, 또는 전술한 값 중 임의의 값 사이의 범위의 위치에 위치한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 폴리펩티드의 N-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 단백질의 N-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 폴리펩티드의 C-말단으로부터 300, 280, 260, 250, 240, 220, 200, 190, 180, 170, 160, 150, 140, 130, 120, 110, 100, 90, 80, 70, 60, 50, 48, 40, 36, 30, 24, 20, 12, 또는 10개의 아미노산 이내에 또는 이의 위치에, 또는 전술한 값 중 임의의 값 사이의 범위의 위치에 위치한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 폴리펩티드의 C-말단의 200개의 아미노산 이내, 150개의 아미노산 이내, 100개의 아미노산 이내, 또는 50개의 아미노산 이내에 위치한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 단백질의 C-말단으로부터 10 내지 200개, 30 내지 200개, 40 내지 150개, 또는 50 내지 100개의 아미노산의 위치에 위치한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편(BAR)은 (i) XTEN 내에 또 다른 글루탐산이 존재하는 경우, 그것에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않으며; (ii) 그의 C-말단에 글루탐산을 가지며; (iii) 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 가지며; (iv) 폴리펩티드의 N-말단 또는 폴리펩티드의 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 여기서 거리는 10 내지 150개의 아미노산 길이, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이인 것을 특징으로 한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 (i) 폴리펩티드의 N-말단 아미노산 또는 C-말단 아미노산을 포함하지 않으며; (ii) XTEN 내의 또 다른 글루탐산에 바로 인접한 글루탐산을 포함하지 않으며; (iii) 그의 C-말단에 글루탐산을 가지며; (iv) 글루탐산 잔기가 바로 앞에 위치한 N-말단 아미노산을 가지며; (v) 폴리펩티드의 N-말단 또는 폴리펩티드의 C-말단 중 어느 하나로부터 소정 거리에 위치하며, 여기서 거리는 10 내지 150개, 또는 10 내지 125개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, N-말단 아미노산 앞에 위치한 글루탐산 잔기는 또 다른 글루탐산 잔기에 바로 인접하지 않는다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 글루탐산 바로 뒤에 프롤린이 위치하지 않는 한, 바코드 단편의 C-말단 이외의 위치에 글루탐산 잔기를 포함하지 않는다. 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 "거리"는 폴리펩티드의 N-말단으로부터 바코드 단편의 N-말단에 가장 가까운 아미노산 잔기까지의, 또는 폴리펩티드의 C-말단으로부터 바코드 단편의 C-말단에 가장 가까운 아미노산 잔기까지의 아미노산 잔기의 수를 지칭할 수 있음을 당업자는 이해할 것이다. 일부 구현예에서, 생물학적 활성 폴리펩티드에 융합된 바코드화된 XTEN에 대해, 바코드화된 XTEN 내에 수용된 적어도 1개의 바코드 단편 (또는 적어도 2개의 바코드 단편, 또는 3개의 바코드 단편)은 생물학적 활성 폴리펩티드로부터 적어도 50, 75, 100, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 275, 300개의 아미노산에 위치한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 적어도 4개, 적어도 5개, 적어도 6개, 적어도 7개, 또는 적어도 8개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 적어도 4개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25개의 아미노산 길이, 또는 전술한 값 중 임의의 값 사이의 범위이다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 4 내지 20개, 5 내지 15개, 6 내지 12개, 또는 7 내지 10개의 아미노산 길이이다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 본 명세서에서 표 2의 서열 번호 68 내지 77에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함한다.

[표 2] Glu-C 분해 시에 방출 가능한 예시적인 바코드 단편

아미노산 서열	서열 번호
SPATSGSTPE	68 (BAR001)
GSAPATSE	69 (BAR002)
GSAPGTATE	70 (BAR003)
GSAPGTE	71 (BAR004)
PATSGPTE	72 (BAR005)
SASPE	73 (BAR006)
PATSGSTE	74 (BAR007)
GSAPGTSAE	75 (BAR008)
SATSGSE	76 (BAR009)
SGPGSTPAE	77 (BAR010)

본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, XTEN은 근단부와 원단부에 의해 한정된 길이를 가질 수 있으며, 여기서 (1) 근단부는 원단부에 비해, 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 더 가깝게 위치하고, (2) 바코드 단편(BAR)은 원단부로부터 측정될 때, XTEN의 길이의 5% 내지 50%, 7% 내지 40%, 또는 10% 내지 30%를 연장시키는 XTEN의 영역 내에 위치할 수 있다.

본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, XTEN은 추가의 하나 이상의 바코드 단편을 추가로 포함하며, 상기 추가의 하나 이상의 바코드 단편은 각각 상기 프로테아제에 의한 상기 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 상기 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하다. 일부 구현예에서, 바코드화된 XTEN은 단지 1개의 바코드 단편을 포함한다. 일부 구현예에서, 바코드화된 XTEN은 제1 바코드 단편, 예컨대 상기에 또는 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 것들을 포함하는, 바코드 단편들의 세트를 포함한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들의 세트는 제2 바코드 단편(또는 추가의 바코드 단편), 예컨대 상기에 또는 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 것들을 포함한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들의 세트는 제3 바코드 단편, 예컨대 상기에 또는 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 것들을 포함한다. N-말단 XTEN 내에서 융합된 바코드 단편들의 세트는 바코드들의 N-말단 세트("N-말단 세트")로 지칭될 수 있다. C-말단 XTEN 내에서 융합된 바코드 단편들의 세트는 바코드들의 C-말단 세트("C-말단 세트")로 지칭될 수 있다. 일부 구현예에서, N-말단 세트는 제1 바코드 단편 및 제2 바코드 단편을 포함한다. 일부 구현예에서, N-말단 세트는 제3 바코드 단편을 추가로 포함한다. 일부 구현예에서, C-말단 세트는 제1 바코드 단편 및 제2 바코드 단편을 포함한다. 일부 구현예에서, C-말단 세트는 제3 바코드 단편을 추가로 포함한다. 일부 구현예에서, 제2 바코드 단편은 동일한 세트의 제1 바코드 단편에 대해 N-말단에 위치한다. 일부 구현예에서, 제2 바코드 단편은 동일한 세트의 제1 바코드 단편에 대해 C-말단에 위치한다. 일부 구현예에서, 제3 바코드 단편은 제1 바코드 단편 및 제2 바코드 단편 둘 모두에 대해 N-말단에 위치한다. 일부 구현예에서, 제3 바코드 단편은 제1 바코드 단편 및 제2 바코드 단편 둘 모두에 대해 C-말단에 위치한다. 일부 구현예에서, 제3 바코드 단편은 제1 바코드 단편과 제2 바코드 단편 사이에 위치한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드는, 제1 바코드 단편, 추가의 (제2) 바코드 단편, 및 적어도 하나의 추가의 바코드 단편을 포함하는 바코드 단편들의 세트를 포함하며, 여기서 바코드 단편들의 세트의 각각의 바코드 단편은 (1) 제2 XTEN의 일부분이고, (2) 프로테아제에 의한 폴리펩티드의 완전한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이하다.

예시적인 바코드화된 XTEN

1개의 바코드(예를 들어, 서열 번호 8002 및 8003, 8005 내지 8009, 및 8013), 또는 2개의 바코드(예를 들어, 서열 번호 8001, 8004, 및 8012), 또는 3개의 바코드(예를 들어, 서열 번호 8011)를 함유하는 13개의 예시적인 바코드화된 XTEN의 아미노산 서열이 표 3a에 예시되어 있다. 이들 13개의 예시적인 바코드화된 XTEN 중에서, 6개(서열 번호 8001 내지 8003, 8008 내지 8009, 및 8011)는 생물학적 활성 단백질의 C-말단에서 생물학적 활성 단백질에 융합되어야 하고, 7개(서열 번호 8004 내지 8007, 8010, 및 8012 및 8013)는 생물학적 활성 단백질의 N-말단에 융합되어야 한다. 일부 구현예에서, XTEN은 본 명세서에서 표 3a의 서열 번호 8001 내지 8020에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 적어도 92%, 적어도 95%, 적어도 98%, 적어도 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다.

[0120] [표 3a] 예시적인 바코드화된 XTEN

서열 번호	XTEN 유형	바코드 (들)의 수	아미노산 서열	AA의 총수
8001	C-말단 XTEN	2	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT ESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS <u>EPATSGPTE</u> SGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE <u>GSAPGTE</u> STEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGEPEA	864
8002	C-말단 XTEN	1	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT ESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPA <u>TSGPTE</u> SGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPGEPEA	864
8003	C-말단 XTEN	1	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS	864

[0121]

서열 번호	XTEN 유형	바코드 (들)의 수	아미노산 서열	AA의 총수
			APGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPS EGSAPGEPEA	
8004	N-말단 XTEN	2	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTETEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSTPAESGSETP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGSESPATSGSTPEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGGSAP	288
8005	N-말단 XTEN	1	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGSESPATSGSTPEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGGSAP	288
8006	N-말단 XTEN	1	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSTPAESGSETP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGGSAP	288
8007	N-말단 XTEN	1	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSTPAESGSETP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGGSAP	288
8008	C-말단 XTEN	1	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPS	864

[0122]

서열 번호	XTEN 유형	바코드 (들)의 수	아미노산 서열	AA의 총수
			EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESAT TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT ESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTE STPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPG	
8009	C-말단 XTEN	1	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT TEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST EGTSTEPSEGSAP GTE STPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPG	576
8010	N-말단 XTEN	2	SAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPE SGPGSTPAE SGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTST PSEGSAPGTSESATPESGPGSE PATSGSTE TPGTSTEPSEGS PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPAT GSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT ESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP	1152

[0123]

서열 번호	XTEN 유형	바코드 (들)의 수	아미노산 서열	AA의 총수
8011	C-말단 XTEN	3	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTESAS SAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPE SGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTE EGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTE PEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESAT PESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTE PEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTESAS	1152
8012	N-말단 XTEN	2	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPATSESATPESGPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESASPE SGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEG SAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS PGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAP	864
8013	N-말단 XTEN	1	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS	864

[0124]

서열 번호	XTEN 유형	바코드 (들)의 수	아미노산 서열	AA의 총수
			ESATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE SAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS PGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP TSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAP	
8014	N-말단 XTEN	1	SPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSTPAESGSETPGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGGSAP	292
8015	C-말단 XTEN	1	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGEPA	582
8016	C-말단 XTEN	1	TPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSESAT	576

[0125]

서열 번호	XTEN 유형	바코드 (들)의 수	아미노산 서열	AA의 중수
8017	C-말단 XTEN	1	SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESA GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT GSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT GSETPGTSESATPESGP	576
8018	C-말단 XTEN	1	GSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGSEPAT	576
8019	C-말단 XTEN	1	EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGTSESAT	576
8020	N-말단 XTEN	1	ASSPAGSPTSTESGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGT TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGGSAP	294

[0126]

[0127]

일부 구현예에서, 바코드화된 XTEN은 하기 기준 중 하나 이상에 따라 범용 XTEN, 예컨대 표 3b에 열거된 임의의 것에 하나 이상의 돌연변이를 형성함으로써 얻을 수 있다: XTEN 내의 서열 변화를 최소화할 것, XTEN 내의 아미노산 조성 변화를 최소화할 것, XTEN의 순전하(net charge)를 실질적으로 유지할 것, XTEN의 낮은 면역원성을 실질적으로 유지할(또는 개선할) 것, 및 XTEN의 약동학적 특성을 실질적으로 유지할(또는 개선할) 것. 일부 구현예에서, XTEN 서열은 표 3b에 열거된 서열 번호 601 내지 659 중 어느 하나와 적어도 90%, 적어도 92%, 적어도 95%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 일부 구현예에서, 표 3b에 열거된 서열 번호 601 내지 659 중 임의의 것과 적어도 90%(예를 들어, 적어도 92%, 적어도 95%, 적어도 98%, 또는 적어도 99%)이지만 100% 미만인 서열 동일성을 갖는 XTEN 서열은 표 3b의 상응하는 서열의 하나 이상의 돌연변이(예를 들어, 10개 미만, 8개 미만, 6개 미만, 5개 미만, 4개 미만, 3개 미만, 2개 미만의 돌연변이)에 의해 얻는다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 돌연변이는 글루탐산 잔기의 결실, 글루탐산 잔기의 삽입, 글루탐산 잔기의 치환, 또는 글루탐산 잔기로의 치환, 또는 이들의 임의의 조합을 포함한다. 일부 구현예에서, XTEN 서열이 표 3b에 열거된 서열 번호 601 내지 659 중 어느 하나와 상이하지만, 적어도 90%(예를 들어, 적어도 92%, 적어도 95%, 적어도 98%, 또는 적어도 99%) 서열 동일성을 갖는 경우에, XTEN 서열과 표 3b의 상응하는 서열 사이의 차이 중 적어도 80%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 97%, 또는 약 100%는 글루탐산 잔기의 결실, 글루탐산 잔기의 삽입, 글루탐산 잔기의 치환, 또는 글루탐산 잔기로의 치환, 또는 이들의 임의의 조합을 포함한다. 이러한 일부 구현예에서, XTEN 서열과 표 3b의 상응하는 서열 사이의 차이 중 적어도 80%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 97%, 또는 약 100%는 글루탐산 잔기의 치환, 또는 글루탐산 잔기로의 치환, 또는 둘 모두를 포함한다. 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 "제1 아미노산 치환"은 제1 아미노산 잔기를 제2 아미노산 잔기로 대체하여

그 결과 제2 아미노산 잔기가 얻어진 서열의 치환 위치에 존재하게 되는 것을 지칭한다. 예를 들어, “글루탐산의 치환”은 글루탐산(E) 잔기를 비-글루탐산 잔기(예를 들어, 세린(S))로 대체하는 것을 지칭한다. 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 “제1 아미노산으로의 치환”은 제2 아미노산 잔기를 제1 아미노산 잔기로 대체하여 그 결과 제1 아미노산 잔기가 얻어진 서열의 치환 위치에 존재하게 되는 것을 지칭한다. 예를 들어, “글루탐산으로의 치환”은 비-글루탐산 잔기(예를 들어, 세린(S))를 글루탐산 잔기로 대체하는 것을 지칭한다.

[표 3b] 바코드화된 XTEN(들)으로의 조작을 위한 예시적인 범용 XTEN

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
AE144	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP	601
AE144_1A	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG	602
AE144_2A	TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSESATPESGPG	603
AE144_2B	TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSESATPESGPG	604
AE144_3A	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG	605
AE144_3B	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG	606
AE144_4A	TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG	607
AE144_4B	TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG	608
AE144_5A	TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEG	609
AE144_6B	TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSET PGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG	610
AE288_1	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESAT PESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	611
AE288_2	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	612
AE576	GPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	613
AE624	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSPGSSTPSGATGSPGASPGTSTSGSPGAGSPTST TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT	614

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	
AE864	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	615
AE865	GGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE SAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG SPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	616
AE866	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG	617

[0130]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
AE1152	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	618
AE144A	STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGS	619
AE144B	SEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTST EEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG	620
AE180A	TSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSE ATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGS EPATS	621
AE216A	PESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT ESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	622
AE252A	ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGS EPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGTSTEPSE	623
AE288A	TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSE ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	624
AE324A	PESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPAT	625
AE360A	PESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE	626

[0131]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSG SETPGTSESAT	
AE396A	PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPS	627
AE432A	EGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSG	628
AE468A	EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSES AT	629
AE504A	EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPS	630
AE540A	TPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAPGTSTEP	631
AE576A	TPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	632

[0132]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSG GSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	
AE612A	GSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAG SPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTST EEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	633
AE648A	PESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSE ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSET GTSESAT	634
AE684A	EGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTST PSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT ESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESAT TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSE ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSG	635
AE720A	TSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESAT TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE	636

[0133]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	GSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTE	
AE756A	TSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSES	637
AE792A	EGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTST EEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE EGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE	638
AE828A	PESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGTSESAT	639
AE869	GSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPG SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP	640

[0134]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	ESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGT TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPG SPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGR	
AE144_R1	SAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPA TSGSETPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGTESASR	641
AE288_R1	SAGSPTGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPASR	642
AE432_R1	SAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPA TSGSETPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESASR	643
AE576_R1	SAGSPTTEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPES GPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTST GSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPASR	644
AE864_R1	SAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPA TSGSETPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSE SATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESAT TPESGPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTESASR	645
AE712	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA	646

[0135]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEAHHH	
AE864_R2	GSPGAGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESA TPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESASR	647
AE288_3	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG	648
AE284	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESA TPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE	649
AE292	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSA P	650
AE864_2	AGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGS	651

[0136]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	PTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT TEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGAEEPEA	
AE867	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGAEEPEA	652
AE867_2	SPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE SAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSP TSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG SPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG	653
AE868	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGAEEPEA	654
AE144_7A	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGAEEPEA	655

[0137]

[illegible]

[0138]

[0139]

일부 구현예에서, 바코드화된 XTEN의 서열을 삭제하기 위하여, 아미노산 돌연변이가 표 3b의 XTEN에 대해 중간 길이의 XTEN뿐만 아니라, 표 3b의 XTEN보다 더 긴 길이의 XTEN(예컨대, 표 1의 하나 이상의 12량체 모티프가 표 3b의 범용 XTEN의 N-말단 또는 C-말단에 부가된 것들) 상에서도 수행된다.

[0140]

본 발명에 따라 사용될 수 있는 범용 XTEN 서열에 대한 추가의 예가 미국 특허 공개 2010/0239554 A1, 2010/0323956 A1, 2011/0046060 A1, 2011/0046061 A1, 2011/0077199 A1, 또는 2011/0172146 A1, 또는 국제 특허 공개 WO 2010091122 A1, WO 2010144502 A2, WO 2010144508 A1, WO 2011028228 A1, WO 2011028229 A1, WO 2011028344 A2, WO 2014/011819 A2, 또는 WO 2015/023891에 개시되어 있다.

[0141]

일부 구현예에서, 폴리펩티드 사슬의 N-말단에 인접한, 폴리펩티드 사슬 내의 융합된 바코드화된 XTEN(“N-말단 XTEN”)은 융합 폴리펩티드의 정제를 촉진하기 위하여 N-말단에서 HHHHHH(서열 번호 48) 또는 HHHHHHHH(서열 번호 49)의 His 태그에 부착될 수 있다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드 사슬의 C-말단에 있는 폴리펩티드 사슬 내의 융합된 바코드화된 XTEN(“C-말단 XTEN”)은 융합 폴리펩티드의 정제를 촉진하기 위하여 C-말단에서 서열 EPEA를 포함하거나 이에 부착될 수 있다. 일부 구현예에서, 융합 폴리펩티드는 N-말단 바코드화된 XTEN 및 C-말단 바코드화된 XTEN 둘 모두를 포함하며, 여기서 N-말단 바코드화된 XTEN은 N-말단에서 HHHHHH(서열 번호 48) 또는 HHHHHHHH(서열 번호 49)의 His 태그에 부착되고; C-말단 바코드화된 XTEN은 C-말단에서 서열 EPEA에 부착되어, IMAC 크로마토그래피, C-tagXL 친화성 매트릭스, 및 하기 실시예 섹션에 기재된 것들을 제한 없이 포함하는 기타 다른 그러한 방법을 제한 없이 포함하는 당업계에 알려진 크로마토그래피 방법에 의해 융합 폴리펩티드의 정제를 예를 들어, 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 적어도 99% 순도에 이르도록 촉진시킨다.

[0142]

프로테아제 설계

[0143]

상기에 또는 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 바와 같이, 바코드 단편은 XTEN 내에 절단 가능하게 융합되
고, 프로테아제에 의한 폴리펩티드의 분해 시에 XTEN으로부터 방출 가능할 수 있다(방출되도록 구성될 수 있
음). 일부 구현예에서, 프로테아제는 Glu-C 프로테아제이다. 일부 구현예에서, 프로테아제는 프롤린이 뒤에 위
치하지 않는 글루탐산 잔기의 C-말단 측에서 절단한다. 당업자는 바코드화된 XTEN(내부에 바코드 단편(들)을 함
유하는 XTEN)은 프로테아제 분해의 고효율, 고정밀도 및 고정확도를 달성하도록 설계됨을 이해할 것이다. 예를
들어, 당업자는 XTEN 서열 내의 인접한 Glu-Glu(EЕ) 잔기가 Glu-C 분해 시에 다양한 절단 패턴을 가져올 수 있
음을 이해할 것이다. 따라서, Glu-C 프로테아제가 바코드 방출에 사용될 때, 바코드화된 XTEN 또는 바코드 단편
(들)은 어떠한 Glu-Glu(EЕ) 서열도 함유하지 않을 수 있다. 당업자는 또한, 융합 폴리펩티드 내에 존재하는 경
우 디-펩티드 Glu-Pro(EP) 서열이 바코드 방출 과정 동안 Glu-C 프로테아제에 의해 절단되지 않을 수 있음을 이
해할 것이다.

- [0144] **BPXTEN의 구조 배치(structural configuration)**
- [0145] 일부 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질은 단일 BP 및 단일 XTEN을 포함한다. 그러한 BPXTEN은 각각이 N-말단에서 C-말단으로의 방향으로 열거된 적어도 하기 배치의 순열을 가질 수 있다: BP-XTEN; XTEN-BP; BP-S-XTEN; 및 XTEN-S-BP.
- [0146] 일부 구현예에서, BPXTEN은 C-말단 XTEN 및, 선택적으로, XTEN과 BP 사이의 스페이서 서열(S)(예컨대, 본 명세서에, 예를 들어 표 C에 기재된 것)을 포함한다. 이러한 BPXTEN은 **식 I**로 나타낼 수 있다(N-말단에서 C-말단으로 나타냄):
- [0147] **[식 I]**
- [0148] $(BP)-(S)_x-(XTEN)$
- [0149] 상기 식에서, BP는 하기에 기재된 바와 같은 생물학적 활성 단백질이고; S는 (하기에 더 충분히 기재된 바와 같은) BP 방출 세그먼트를 선택적으로 포함할 수 있는 1 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열(예컨대, 본 명세서에, 예를 들어 표 C에 기재된 것)이고; x는 0 또는 1이고; XTEN은 상기에 또는 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 어느 하나일 수 있다.
- [0150] 일부 구현예에서, BPXTEN은 N-말단 XTEN 및, 선택적으로, XTEN과 BP 사이의 스페이서 서열(S)(예컨대, 본 명세서에, 예를 들어 표 C에 기재된 것)을 포함한다. 이러한 BPXTEN은 **식 II**로 나타낼 수 있다(N-말단에서 C-말단으로 나타냄):
- [0151] **[식 II]**
- [0152] $(XTEN)-(S)_x-(BP)$
- [0153] 상기 식에서, BP는 하기에 기재된 바와 같은 생물학적 활성 단백질이고; S는 (하기에 더 충분히 기재된 바와 같은) BP 방출 세그먼트를 선택적으로 포함할 수 있는 1 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열(예컨대, 본 명세서에, 예를 들어 표 C에 기재된 것)이고; x는 0 또는 1이고; XTEN은 상기에 또는 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 어느 하나일 수 있다.
- [0154] 일부 구현예에서, BPXTEN은 N-말단 XTEN 및 C-말단 XTEN 둘 모두를 포함한다. 이러한 BPXTEN(예를 들어, 도 1 및 도 2의 XPAT)은 **식 III**으로 나타낼 수 있다:
- [0155] **[식 III]**
- [0156] $(XTEN)-(S)_y-(BP)-(S)_z-(XTEN)$
- [0157] 상기 식에서, BP는 하기에 기재된 바와 같은 생물학적 활성 단백질이고; S는 (하기에 더 충분히 기재된 바와 같은) BP 방출 세그먼트를 선택적으로 포함할 수 있는 1 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열(예컨대, 본 명세서에, 예를 들어 표 C에 기재된 것)이고; y는 0 또는 1이고; z는 0 또는 1이고; XTEN은 상기에 또는 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 어느 하나일 수 있다.
- [0158] **생물학적 활성 폴리펩티드**
- [0159] (상기에 기재된 바와 같거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 바와 같은) XTEN에 융합된 생물학적 활성 단백질(BP), 특히 본 명세서에서 **표 6a 내지 표 6f**의 것들에 의해 확인된 서열(그들의 상응하는 핵산 및 아미노산 서열과 함께)을 포함하는 하기에 개시된 것들이 당업계에 잘 알려져 있다. 이들 BP의 설명 및 서열은 공개 데이터베이스, 예컨대 CAS(Chemical Abstracts Service) 데이터베이스(예를 들어, CAS Registry), GenBank, UniProt(The Universal Protein Resource) 및 유료 구독 데이터베이스, 예컨대 GenSeq(예를 들어, Derwent)에서 입수 가능하다. 폴리뉴클레오타이드 서열은 주어진 BP를 인코딩하는 야생형 폴리뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 전장 또는 성숙)일 수 있거나, 일부 경우에 서열은 야생형 폴리뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 야생형 생물학적 활성 단백질을 인코딩하는 폴리뉴클레오타이드)의 변이체(여기서, 폴리뉴클레오타이드의 DNA 서열은, 예를 들어 특정 종에서의 발현을 위해 최적화되었음); 또는, 야생형 단백질의 변이체, 예컨대 부위 지정 돌연변이체 또는 대립유전자 변이체를 인코딩하는 폴리뉴클레오타이드일 수 있다. 당업계에 알려진 방법을 사용하여 그리고/또는 본 명세서에 제공된 가이드스 및 방법과 함께 본 발명에 의해 고려되는 BPXTEN 작제물을 생성하기 위하여, BP의 야생형 또는 컨센서스 cDNA 서열 또는 코돈-최적화된 변이체를 사용하는 것은 충분히 당업자의 능력 내에 있다.

- [0160] BPXTEN(적어도 하나의 BP 및 적어도 하나의 XTEN을 포함하는 융합 폴리펩티드) 내에 포함시키기 위한 BP는 생물학적, 치료적, 예방적, 또는 진단적 이익 또는 기능을 갖거나, 대상체에게 투여될 때 생물학적 활성을 매개하거나 질병, 장애 또는 질환을 예방 또는 호전시키는 데 유용한 임의의 단백질을 포함할 수 있다. 약동학적 파라미터의 증가, 용해성 증가, 안정성 증가, 활성 마스킹, 또는 어떠한 다른 향상된 약제학적 특성이 추구되는 BP, 또는 최종 반감기를 증가시키면 효능 또는 안정성을 개선하거나, 투여 빈도의 감소를 가져오고/오거나 환자 순응도를 개선하는 BP가 특히 흥미롭다. 따라서, BPXTEN 융합 단백질 조성물은, 예를 들어, XTEN에 연결되지 않은 BP에 비하여, 대상체에게 투여될 때 BPXTEN이 치료역 이내에 남아 있는 길이 또는 생체내 노출을 증가시킴으로써, 생물학적 화합물의 치료적 효능을 개선하는 것을 포함한 다양한 목적을 염두에 두고 제조된다.
- [0161] BP는 천연 전장 단백질일 수 있거나, 천연 단백질의 생물학적 활성의 적어도 일부분을 보유하는 생물학적 활성 단백질의 단편 또는 서열 변이체일 수 있다.
- [0162] 일 구현예에서, 대상(subject) 조성물 내로 도입되는 BP는 자연에서 발견되는 단백질에 상응하는 서열을 갖는 재조합 폴리펩티드일 수 있다. 일부 구현예에서, BP는 천연 BP의 생물학적 활성의 적어도 일부분을 보유하는 천연 서열의 서열 변이체, 단편, 상동체, 및 모방체일 수 있다. 비제한적인 예에서, BP는 본 명세서에서 확인된 단백질 서열과 적어도 약 80% 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 100% 서열 동일성을 나타내는 서열일 수 있다. 추가의 비제한적인 예에서, BP는 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하는 이중특이성 서열일 수 있으며, 여기서 중앙-특이적 마커 또는 표적 세포의 항원에 대해 특이적 결합 친화도를 갖는 제1 결합 도메인은 본 명세서에서 **표 6f**에 의해 확인된 항-CD3 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 80% 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 100% 서열 동일성을 나타내고; 이펙터 세포에 대해 특이적 결합 친화도를 갖는 제2 결합 도메인은 본 명세서에서 **표 6a**에 의해 확인된 항-표적 세포 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 80% 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 100% 서열 동일성을 나타낸다. 일 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질은 XTEN에 연결된 단일 BP 분자를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, BPXTEN은 제1 BP 및 동일한 BP의 제2 분자를 포함할 수 있으며, 그 결과 하나 이상의 XTEN에 연결된 2개의 BP(예를 들어, 2개의 글루칸 분자 또는 2개의 hGH 분자)를 포함하는 융합 단백질이 생성될 수 있다.
- [0163] 일반적으로, BP는 생체내에서 사용될 때 또는 시험관내 검정에서 이용될 때 주어진 표적(또는 주어진 수의 표적)에 대한 결합 특이성 또는 또 다른 원하는 생물학적 특성을 나타낼 것이다. 예를 들어, BP는 효능제(agonist), 수용체, 리간드, 길항제, 효소, 항체(예를 들어, 단일특이성 또는 이중특이성), 또는 호르몬일 수 있다. 천연 BP가 비교적 짧은 최종 반감기를 갖는 질병 또는 장애에 사용되거나 유용한 것으로 알려져 있고, (선택적으로 스페이서 서열의 절단에 의해 융합 단백질로부터 방출될 수 있는) 약동학적 파라미터의 향상이 덜 빈번한 투여 또는 향상된 약리학적 효과를 허용할 BP가 특히 흥미롭다. 최소 유효 용량 또는 혈액 농도(Cmin)와 최대 내약 용량 또는 혈액 농도(Cmax) 사이에 좁은 치료역을 갖는 BP가 또한 흥미롭다. 이러한 경우, 선택된 XTEN 서열(들)을 포함하는 융합 단백질에 대한 BP의 연결은 XTEN에 연결되지 않은 BP에 비해 그들을 치료제 또는 예방제로서 더 유용하게 하는 이들 특성의 개선을 가져올 수 있다.
- [0164] 본 발명의 조성물에 의해 포함되는 BP는 글루코스 및 인슐린 장애, 대사 장애, 심혈관 질병, 응고 및 출혈 장애, 성장 장애 또는 질환, 내분비 장애, 눈 질병, 신장 질병, 간 질병, 중앙원성 질환, 염증성 질환, 자가면역 질환 등을 포함하지만 이로 한정되지 않는 다양한 치료적 또는 질병 카테고리에서의 치료에서 유용성을 가질 수 있다.
- [0165] “항-CD3”은 T 세포 표면 단백질 CD3, 이의 중 및 서열 변이체, 및 단편에 대한 단일클론 항체를 의미하며, 이에 는 OKT3(무로모나프로도 불림) 및 인간화 항-CD3 단일클론 항체(hOKT31(A1a-A1a))가 포함된다(KC Herold et al., New England Journal of Medicine 346:1692-1698, 2002). 항-CD3은 모든 분화된 T 세포 상에 존재하는 T-세포 수용체 복합체에 결합함으로써 T-세포 활성화 및 증폭을 방지한다. 본 발명의 항-CD3-함유 융합 단백질은 새로 발병하는(new-onset) 제1형 당뇨병을 늦추기 위한 특별한 사용을 발견할 수 있는데, 이에 는 치료적 이펙터로서의 항-CD3뿐만 아니라 BPXTEN 조성물 내의 제2 치료적 BP에 대한 표적화 모이어티의 사용이 포함된다. 가변 영역에 대한 서열 및 항-CD3의 생성이 미국 특허 5,885,573 및 6,491,916에 기재되어 있다.
- [0166] 대상 조성물의 BP는 천연 전장 폴리펩티드로 제한되지 않으며, 또한 재조합 버전뿐만 아니라 이의 생물학적으로 그리고/또는 약리학적으로 활성인 변이체 또는 단편을 포함한다. 예를 들어, 다양한 아미노산 치환이 GP에서 이

루어져, BP의 생물학적 활성 또는 약리학적 특성에 대해 본 발명의 사상으로부터 벗어나지 않고서 변이체를 생성할 수 있음이 이해될 것이다. 폴리펩티드 서열 내의 아미노산에 대한 보존적 치환의 예가 표 5에 제시되어 있다. 그러나, BP의 서열 동일성이 본 명세서에 개시된 특정 서열 대비 100% 미만인 BPXTEN의 구현예에서, 본 발명은 인접한 아미노산 잔기를 포함한 BP의 서열 내의 임의의 위치에 있을 수 있는 주어진 BP의 주어진 아미노산 잔기에 대해 나머지 다른 19개의 천연 L-아미노산 중 임의의 것의 치환을 고려한다. 어느 하나의 치환이 생물학적 활성에 있어서 바람직하지 않은 변화를 가져온다면, 대체 아미노산들 중 하나가 사용될 수 있고, 작제물은 본 명세서에 기재된 방법에 의해 또는, 예를 들어 미국 특허 5,364,934(이의 내용은 전체적으로 참고로 포함됨)에 기재된 보존적 및 비보존적 돌연변이에 대한 기법 및 가이드라인 중 임의의 것을 사용하여, 또는 당업자에게 일반적으로 알려진 방법을 사용하여 평가될 수 있다. 추가로, 변이체는 또한, 예를 들어 천연 펩티드의 생물학적 활성의 적어도 일부분을 보유하는 BP의 전장 천연 아미노산 서열의 N-말단 또는 C-말단에서 하나 이상의 아미노산 잔기가 부가 또는 결실된 폴리펩티드를 포함할 수 있다.

[표 5] 예시적인 보존적 아미노산 치환

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

일부 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질 내로 도입된 BP는 소정 서열과 적어도 약 80% 서열 동일성, 대안적으로 적어도 약 81%, 또는 약 82%, 또는 약 83%, 또는 약 84%, 또는 약 85%, 또는 약 86%, 또는 약 87%, 또는 약 88%, 또는 약 89%, 또는 약 90%, 또는 약 91%, 또는 약 92%, 또는 약 93%, 또는 약 94%, 또는 약 95%, 또는 약 96%, 또는 약 97%, 또는 약 98%, 또는 약 99%, 또는 100% 서열 동일성을 나타내는 서열을 가질 수 있다. 일부 구현예에서, BPXTEN 내로 도입된 BP는 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하는 이중특이성 서열일 수 있으며, 여기서 중앙-특이적 마커 또는 표적 세포의 항원에 대해 특이적 결합 친화도를 갖는 제1 결합 도메인은 본 명세서에서 표 6f에 의해 확인된 항-CD3 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 80% 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 100% 서열 동일성을 나타내고; 이펙터 세포에 대해 특이적 결합 친화도를 갖는 제2 결합 도메인은 본 명세서에서 표 6a에 의해 확인된 항-표적 세포 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 80% 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 100% 서열 동일성을 나타낸다. 전술한 구현예의 BP는 본 명세서에 기재된 바와 같이 측정되거나 결정된 파라미터, 또는 검정을 사용하여 활성에 대해 평가될 수 있으며, 상응하는 천연 BP 서열 대비 적어도 약 40%, 또는 약 50%, 또는 약 55%, 또는 약 60%, 또는 약 70%, 또는 약 80%, 또는 약 90%, 또는 약 95% 또는 그 이상의 활성을 보유하는 서열은 대상 BPXTEN 내에 포함하기에 적합한 것으로 간주될 것이다. 적합한 활성 수준을 보유하는 것으로 확인된 BP는 상기에 또는 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 하나 이상의 XTEN 폴리펩티드에 연결될 수 있다. 일 구현예에서, 적합한 활성 수준을 보유하는 것으로 확인된 BP가 표 3a 및 표 3b의 서열과 적어도 약 80% 서열 동일성(예를 들어, 적어도 약 81%, 적어도 약 82%, 적어도 약 83%, 적어도 약 84%, 적어도 약 85%, 적어도 약 86%, 적어도 약 87%, 적어도 약 88%, 적어도 약 89%, 적어도 약 90%, 적어도

약 91%, 적어도 약 92%, 적어도 약 93%, 적어도 약 94%, 적어도 약 95%, 적어도 약 96%, 적어도 약 97%, 적어도 약 98%, 적어도 약 99%, 또는 100% 서열 동일성)을 갖는 하나 이상의 XTEN 폴리펩티드에 연결되어 키메라 융합 단백질을 생성할 수 있다.

[0170] **T 세포 인게이지**

[0171] BPXTEN의 추가의 구조 배치식은 XTEN화된 프로테아제-활성화 T 세포 인게이지(“XPAT” 또는 “XPAT들”)에 관한 것으로, 여기서는 BP가 이중특이성 항체(예를 들어, 이중특이성 T-세포 인게이지)이다. 일부 구현예에서, XPAT 조성물은 (1) 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하는 제1 부분, 및 (2) 방출 세그먼트를 포함하는 제2 부분, 및 (3) 벌킹 모이어티(bulking moiety)를 포함하는 제3 부분을 포함한다. 일부 구현예에서, XPAT 조성물은 식 Ia의 배치를 갖는다(N-말단에서 C-말단으로 나타냄):

[0172] **[식 Ia]**

[0173] (제1 부분)-(제2 부분)-(제3 부분)

[0174] 상기 식에서, 제1 부분은 2개의 scFv를 포함하는 이중특이체(여기서 제1 결합 도메인은 종양-특이적 마커 또는 표적 세포의 항원에 대해 특이적 결합 친화도를 가지며, 제2 결합 도메인은 이펙터 세포에 대해 특이적 결합 친화도를 가짐)이고; 제2 부분은 포유류 프로테아제에 의해 절단될 수 있는 방출 세그먼트(RS)를 포함하고(하기에 더 충분히 기재된 바와 같으며, 프로테아제는 종양- 또는 항원-특이적일 수 있으며, 이에 의해 활성화); 제3 부분은 벌킹 모이어티이다. 전술한 구현예에서, 제1 부분의 결합 도메인들은 (VL-VH)1-(VL-VH)2(여기서, “1” 및 “2”는 각각 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 나타냄), 또는 (VL-VH)1-(VH-VL)2, 또는 (VH-VL)1-(VL-VH)2, 또는 (VH-VL)1-(VH-VL)2의 순서로 위치할 수 있으며, 여기서 쌍을 이룬 결합 도메인들은 (하기에 더 충분히 기재된 바와 같은) 폴리펩티드 링커에 의해 연결된다. 일 구현예에서, 제1 부분의 VL 및 VH는 **표 6a 내지 표 6f**에 제시되어 있으며; RS는 본 명세서에서 **표 8a 및 표 8b**에 제시된 서열들의 군에 의해 확인되고(하기에 더 충분히 기재된 바와 같음); 벌킹 모이어티는 XTEN; 알부민 결합 도메인; 알부민; IgG 결합 도메인; 프롤린, 세린, 및 알라닌으로 구성되는 폴리펩티드; 지방산; Fc 도메인; 폴리에틸렌 글리콜(PEG), PLGA; 또는 하이드록실 에틸 전분이다. 필요한 경우, 벌킹 모이어티는 **표 3a 및 표 3b**에 제시된 서열들의 군을 포함하는 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 100% 서열 동일성을 갖는 XTEN이다. 전술한 구현예에서, 조성물은 재조합 융합 단백질이다. 일부 구현예에서, 이들 부분은 화학적 접합에 의해 연결된다.

[0175] 일부 구현예에서, XPAT 조성물은 식 IIa의 배치를 갖는다(N-말단에서 C-말단으로 나타냄):

[0176] **[식 IIa]**

[0177] (제3 부분)-(제2 부분)-(제1 부분)

[0178] 상기 식에서, 제1 부분은, 2개의 scFv를 포함하는 이중특이체(여기서 제1 결합 도메인은 종양-특이적 마커 또는 표적 세포의 항원에 대해 특이적 결합 친화도를 가지며, 제2 결합 도메인은 이펙터 세포에 대해 특이적 결합 친화도를 가짐)이고; 제2 부분은 포유류 프로테아제에 의해 절단될 수 있는 방출 세그먼트(RS)를 포함하고; 제3 부분은 벌킹 모이어티이다. 전술한 구현예에서, 제1 부분의 결합 도메인들은 (VL-VH)1-(VL-VH)2(여기서, “1” 및 “2”는 각각 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 나타냄), 또는 (VL-VH)1-(VH-VL)2, 또는 (VH-VL)1-(VL-VH)2, 또는 (VH-VL)1-(VH-VL)2의 순서로 위치할 수 있으며, 여기서 쌍을 이룬 결합 도메인들은 하기에 더 충분히 기재된 바와 같은 폴리펩티드 링커에 의해 연결된다. 일 구현예에서, 제1 부분의 VL 및 VH는 **표 6a 내지 표 6f**에 확인되어 있으며; RS는 본 명세서에서 **표 8a 및 표 8b**에 제시된 서열들의 군으로서 확인되고; 벌킹 모이어티는 XTEN; 알부민 결합 도메인; 알부민; IgG 결합 도메인; 프롤린, 세린, 및 알라닌으로 구성되는 폴리펩티드; 지방산; 또는 Fc 도메인이다. 필요한 경우, 벌킹 모이어티는 **표 3a 및 표 3b**에 제시된 서열들의 군을 포함하는 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 100% 서열 동일성을 갖는 XTEN이다. 전술한 구현예에서, 조성물은 재조합 융합 단백질이다. 일부 구현예에서, 이들 부분은 화학적 접합에 의해 연결된다.

[0179] 일부 구현예에서, XPAT 조성물은 식 IIIa의 배치를 갖는다(N-말단에서 C-말단으로 나타냄):

[0180] **[식 IIIa]**

[0181] (제5 부분)-(제4 부분)-(제1 부분)-(제2 부분)-(제3 부분)

[0182] 상기 식에서, 제1 부분은, 2개의 scFv를 포함하는 이중특이체(여기서 제1 결합 도메인은 종양-특이적 마커 또는

표적 세포의 항원에 대해 특이적 결합 친화도를 가지며, 제2 결합 도메인은 이펙터 세포에 대해 특이적 결합 친화도를 가짐)이고; 제2 부분은 포유류 프로테아제에 의해 절단될 수 있는 방출 세그먼트(RS)를 포함하고; 제3 부분은 별킹 모이어티이고; 제4 부분은 제2 부분과 동일하거나 상이할 수 있는 포유류 프로테아제에 의해 절단될 수 있는 방출 세그먼트(RS)를 포함하고; 제5 부분은 제3 부분과 동일할 수 있거나 상이할 수 있는 별킹 모이어티이다. 전술한 구현예에서, 제1 부분의 결합 도메인들은 (VL-VH)1-(VL-VH)2(여기서, “1” 및 “2”는 각각 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 나타냄), 또는 (VL-VH)1-(VH-VL)2, 또는 (VH-VL)1-(VL-VH)2, 또는 (VH-VL)1-(VH-VL)2의 순서로 위치할 수 있으며, 여기서 쌍을 이룬 결합 도메인들은 하기에 더 충분히 기재된 바와 같은 폴리펩티드 링커에 의해 연결된다. 전술한 구현예에서, RS는 **표 8a 및 표 8b**에 제시된 서열로서 확인된다. 전술한 구현예에서, 별킹 모이어티는 XTEN; 알부민 결합 도메인; 알부민; IgG 결합 도메인; 프롤린, 세린, 및 알라닌으로 구성되는 폴리펩티드; 지방산; 또는 Fc 도메인이다. 필요한 경우, 별킹 모이어티는 본 명세서의 **표 3a 및 표 3b**에 제시된 서열들에 의해 확인된 서열과 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 또는 100% 서열 동일성을 갖는 XTEN이다. 전술한 구현예에서, 조성물은 재조합 융합 단백질이다. 일부 구현예에서, 이들 부분은 화학적 접합에 의해 연결된다.

[0183] 대상 조성물은, 설계 및 특정 성분에 기초하여 유리하게는, 일단 표적 조직 또는 질병에 의해 건강하지 않게 된 조직과 관련하여 발견되는 프로테아제에 의해 절단되면, 더 많은 선택성, 더 큰 반감기를 가지며, 그 결과 더 적은 독성 및 더 적은 수의 부작용을 가져오는 이중특이성 치료제를 제공하며, 이로써 대상 조성물은 당업계에 알려진 이중특이성 항체 조성물에 비해 개선된 치료 지수를 갖게 된다. 그러한 조성물은 암을 포함하지만 이로 한정되지 않는 특정 질병의 치료에 유용하다. 본 발명의 조성물은, 결합 도메인들을 별키한 XTEN 분자에 위치시키는 것에 의한 입체 장애; 긴 가요성 XTEN 폴리펩티드의 가요성, 비구조화된 특성이, 조성물에 테더링됨으로써 결합 도메인 주위를 진동하고 이동할 수 있어, 조성물과 조직 또는 세포 사이의 차단물 제공할 뿐만 아니라, 온전한 조성물이 개별 결합 도메인들의 크기에 비해 큰 분자량(XTEN의 실제 분자량 및 비구조화된 XTEN의 큰 유체역학적 반경 둘 모두에 기인함)으로 인해 세포 또는 조직을 침투하는 능력의 감소를 제공하는 입체 장애를 포함하는 기전의 조합에 의해 비특이적 상호작용의 이러한 감소를 달성한다는 것을 당업자는 이해할 것이다. 그러나, 조성물은 RS를 절단할 수 있는 프로테아제를 보유하거나 분비하는 표적 조직 또는 세포에 근접할 때, 또는 결합 도메인이 리간드에 결합되었을 때 표적 세포 또는 조직 내로 내재화될 때, 이중특이성 결합 도메인은 프로테아제(들)의 작용에 의해 XTEN의 벌크로부터 유리되어 입체 장애 장벽을 제거하고, 더 자유롭게 그의 약리학적 효과를 발휘하도록 설계된다. 대상 조성물은 세포, 조직 또는 기관에 대한 치료적 이중특이성 항체 조성물의 선택적 전달이 요구되는 다양한 질환의 치료에 사용된다. 일 구현예에서, 표적 조직은 암이며, 이는 백혈병, 림프종, 또는 기관 또는 시스템의 종양일 수 있다.

[0184] **결합 도메인**

[0185] 본 발명은 단일쇄 결합 도메인의 사용을 고려하는데, 이에는, 예를 들어 비제한적으로, Fv, Fab, Fab', Fab'-SH, F(ab')₂, 선형 항체, 단일 도메인 항체, 단일 도메인 낙타과 항체, 단일쇄 항체 분자(scFv), 및 이펙터 세포와 관련된 리간드 또는 수용체와, 암, 종양, 또는 기타 다른 악성 조직인 질병에 걸린 조직 또는 세포의 항원에 결합할 수 있는 디아바디가 있다. 일부 구현예에서, 항원 결합 단편(AF)(예를 들어, 제1 항원 결합 단편(AF1), 또는 제2 항원 결합 단편(AF2))은 (각각 독립적으로) 키메라 또는 인간화 항원 결합 단편일 수 있다. 항원 결합 단편(AF)(예를 들어, 제1 항원 결합 단편(AF1), 또는 제2 항원 결합 단편(AF2))은 (각각 독립적으로) Fv, Fab, Fab', Fab'-SH, 선형 항체, 또는 단일쇄 가변 단편(scFv)일 수 있다. 2개의 항원 결합 단편(예를 들어, 제1 및 제2 항원 결합 단편)은 (Fab')₂ 또는 단일쇄 디아바디로서 구성될 수 있다. 일부 구현예에서, 이중특이체는 표적 세포 마커에 대한 결합 특이성을 갖는 제1 결합 도메인 및 이펙터 세포 항원에 대한 결합 특이성을 갖는 제2 결합 도메인을 포함한다. 일부 구현예에서, 제1 및 제2 결합 도메인은 비항체 스캐폴드, 예컨대 안티칼린, 애드넥틴, 피노머, 아필린, 아피바디, 센티린, 또는 DARP인일 수 있다. 다른 구현예에서, 종양 세포 표적에 대한 결합 도메인은 종양 세포에 의해 과발현된 단백질의 펩티드 단편이 로딩된 MHC에 결합하도록 조작된 T 세포 수용체의 가변 도메인이다. 일부 구현예에서, XPAT 조성물은 폭넓은 치료역을 제공하기 위하여, 표적 조직 프로테아제의 위치뿐만 아니라 표적화되는 것을 의도하지 않은 건강한 조직 내의 동일한 프로테아제의 존재, 또한 건강한 조직 내의 표적 리간드의 존재, 그러나 건강하지 않은 표적 조직 내의 리간드의 더 큰 존재를 고려하여 설계된다. "치료역"은 주어진 치료용 조성물에 대한 최소 유효 용량과 최대 내약 용량 사이의 가장 큰 차이를 지칭한다. 폭넓은 치료역의 달성을 돕기 위하여, 조성물의 제1 부분의 결합 도메인은 별킹 모이어티(예를 들어, XTEN)의 근접에 의해 차폐되며, 이로써 리간드들 중 하나 또는 둘 모두에 대한 온전한 조성물의 결합 친화도가 포유류 프로테아제에 의해 절단된 조성물에 비해 감소되어, 별킹 모이어티의 차폐 효과로부터 제1 부분

을 방출한다.

[0186] 단일쇄 결합 도메인에 대해서도 마찬가지로 잘 확립되어 있는데, Fv는 완전한 항원 인식 및 결합 부위를 함유하는 최소 항체 단편으로서, 비공유 회합된 하나의 중쇄 가변 도메인(VH) 및 하나의 경쇄 가변 도메인(VL)의 이량체로 구성된다. 각각의 VH 및 VL 사슬 내에는, 상호작용하여 VH-VL 이량체 표면 상의 항원 결합 부위를 규정하는 3개의 상보성 결정 영역(CDR)이 있으며; 결합 도메인의 6개의 CDR은 항체 또는 단일쇄 결합 도메인에 항원 결합 특이성을 부여한다. 일부 경우에, 각각이 각각의 결합 도메인 내에 3개, 4개, 또는 5개의 CHR을 갖는 scFv가 생성된다. CDR을 플랭킹하는 프레임워크 서열은 중에 걸쳐 천연 면역글로불린에서 본질적으로 보존되는 3차 구조를 가지며, 프레임워크 잔기(FR)는 적절한 배향으로 CDR을 유지하는 역할을 한다. 불변 도메인은 결합 기능을 필요로 하지 않지만, VH-VL 상호작용을 안정화하는 데 도움이 될 수 있다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드의 결합 부위의 도메인은 동일하거나 상이한 면역글로불린을 갖는 한 쌍의 VH-VL, VH-VH 또는 VL-VL 도메인일 수 있지만, 모 항체(parental antibody)로부터의 각각의 VH 및 VL 사슬들을 사용하여 단일쇄 결합 도메인을 제조하는 것이 일반적으로 바람직하다. 폴리펩티드 사슬 내의 VH 및 VL 도메인의 순서는 본 발명에 대해 제한적이지 않으며; 주어진 도메인들의 순서는 일반적으로 어떠한 기능 손실 없이 역전될 수 있지만, VH 및 VL 도메인은 항원 결합 부위가 적절하게 접힐 수 있도록 배열된다는 것이 이해된다. 따라서, 대상 조성물의 이중특이성 scFv 구현예의 단일쇄 결합 도메인들은 (VL-VH)1-(VL-VH)2(여기서, "1" 및 "2"는 각각 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 나타냄), 또는 (VL-VH)1-(VH-VL)2, 또는 (VH-VL)1-(VL-VH)2, 또는 (VH-VL)1-(VH-VL)2의 순서로 위치할 수 있으며, 여기서 쌍을 이룬 결합 도메인들은 본 명세서에서 하기에 더 충분히 기재된 바와 같은 폴리펩티드 링커에 의해 연결된다.

[0187] 따라서, 본 명세서에 개시된 예시적인 이중특이성 단일쇄 항체에서의 결합 도메인들의 배열은 제1 결합 도메인이 제2 결합 도메인에 대해 C-말단에 위치한 것일 수 있다. V 사슬들의 배열은 VH(표적 세포 표면 항원)-VL(표적 세포 표면 항원)-VL(이펙터 세포 항원)-VH(이펙터 세포 항원), VH(표적 세포 표면 항원)-VL(표적 세포 표면 항원)-VH(이펙터 세포 항원)-VL(이펙터 세포 항원), VL(표적 세포 표면 항원)-VH(표적 세포 표면 항원)-VL(이펙터 세포 항원)-VH(이펙터 세포 항원) 또는 VL(표적 세포 표면 항원)-VH(표적 세포 표면 항원)-VH(이펙터 세포 항원)-VL(이펙터 세포 항원)일 수 있다. 제2 결합 도메인이 제1 결합 도메인에 대해 N-말단에 위치한 배열의 경우, 하기 순서가 가능하다: VH(이펙터 세포 항원)-VL(이펙터 세포 항원)-VL(표적 세포 표면 항원)-VH(표적 세포 표면 항원), VH(이펙터 세포 항원)-VL(이펙터 세포 항원)-VH(표적 세포 표면 항원)-VL(표적 세포 표면 항원), VL(이펙터 세포 항원)-VH(이펙터 세포 항원)-VL(표적 세포 표면 항원)-VH(표적 세포 표면 항원) 또는 VL(이펙터 세포 항원)-VH(이펙터 세포 항원)-VH(표적 세포 표면 항원)-VL(표적 세포 표면 항원). 본 명세서에 사용되는 바와 같이, "~에 대해 N-말단에" 또는 "~에 대해 C-말단에" 및 이의 문법적 변형 형태는 이중특이성 단일쇄 항체의 절대적인 N- 또는 C-말단에서의 배치라기보다는 1차 아미노산 서열 내의 상대적 위치를 나타낸다. 따라서, 비제한적인 예로서, "제2 결합 도메인에 대해 C-말단에 위치한" 제1 결합 도메인은 첫 번째 결합이 이중특이성 단일쇄 항체 내의 제2 결합 도메인의 카르복실 측에 위치하고, 추가의 서열, 예를 들어 His-태그, 또는 또 다른 화합물, 예컨대 방사성 동위원소가 이중특이성 단일쇄 항체의 C-말단에 위치할 가능성을 배제하지 않음을 나타낸다.

[0188] 일 구현예에서, 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물은 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하는 제1 부분을 포함하며, 여기서 각각의 결합 도메인은 scFv이고, 각각의 scFv는 1개의 VL 및 1개의 VH를 포함한다. 일부 구현예에서, 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물은 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하는 제1 부분을 포함하며, 여기서 결합 도메인들은 디아바디 배치이고, 각각의 도메인은 1개의 VL 도메인 및 1개의 VH를 포함한다.

[0189] 본 발명의 XPAT 조성물의 scFv 구현예는 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기서 VL 및 VH 도메인은 각각 종양-특이적 마커 또는 표적 세포의 항원 및 이펙터 세포 항원에 대한 결합 특이성을 갖는 단일클론 항체들로부터 유래되는 것으로 구상된다. 다른 경우에, 제1 및 제2 결합 도메인 각각은, 각각 표적 세포 마커, 예컨대 종양-특이적 마커 및 이펙터 세포 항원에 대한 결합 특이성을 갖는 단일클론 항체들로부터 유래되는 6개의 CDR을 포함한다. 다른 구현예에서, 대상 조성물의 제1 부분의 제1 및 제2 결합 도메인은 각각의 결합 도메인 내에 3개, 4개, 또는 5개의 CHR을 가질 수 있다. 다른 구현예에서, 본 발명의 구현예는 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기서 각각은 CDR-H1 영역, CDR-H2 영역, CDR-H3 영역, CDR-L1 영역, CDR-L2 영역, 및 CDR-H3 영역을 포함하며, 여기서 각각의 영역은 각각 종양-특이적 마커 또는 표적 세포의 항원 및 이펙터 세포 항원에 대해 결합할 수 있는 단일클론 항체로부터 유래된다. 일 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 제2 결합 도메인은, 인간 CD3에 결합할 수 있는 단일클론 항체로부터

유래되는 VH 및 VL 영역을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 scFv의 제2 결합 도메인은 VH 및 VL 영역을 포함하며, 여기서 각각의 VH 및 VL 영역은 **표 6a**에서 확인된 항-CD3 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 90%, 또는 91%, 또는 92%, 또는 93%, 또는 94%, 또는 95%, 또는 96%, 또는 97%, 또는 98%, 또는 99% 동일성을 나타내거나 그와 동일하다. 일부 구현예에서, 본 발명의 제2 도메인 구현예는 CDR-H1 영역, CDR-H2 영역, CDR-H3 영역, CDR-L1 영역, CDR-L2 영역, 및 CDR-H3 영역을 포함하며, 여기서 각각의 영역은 본 명세서에서 **표 6a**에 제시된 항체로서 확인된 단일클론 항체로부터 유래된다. 전술한 구현예에서, VH 및/또는 VL 도메인은 scFv, 디아바디, 단일 도메인 항체, 또는 단일 도메인 낙타과 항체로서 구성될 수 있다.

[0190] 다른 구현예에서, 대상 조성물의 제2 도메인은 본 명세서에서 **표 6a**에 제시된 항체로서 확인된 항-CD3 항체로부터 유래된다. 전술한 일 구현예에서, 대상 조성물의 제2 도메인은 본 명세서에서 **표 6a**에 제시된 항체들의 군으로서 확인된 항-CD3 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 제2 결합 도메인은 VH 및 VL 영역을 포함하며, 여기서 각각의 VH 및 VL 영역은 **표 6a**의 huUCHT1 항-CD3 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 90%, 또는 91%, 또는 92%, 또는 93%, 또는 94%, 또는 95%, 또는 96%, 또는 97%, 또는 98%, 또는 99% 동일성을 나타내거나 그와 동일하다. 전술한 구현예에서, VH 및/또는 VL 도메인은 scFv, 디아바디의 일부분, 단일 도메인 항체, 또는 단일 도메인 낙타과 항체로서 구성될 수 있다.

[0191] 다른 구현예에서, 조성물의 제1 도메인의 scFv는 **표 6f**에 제시된 항체로서 확인된 항-종양 세포 항체로부터 유래된다. 일부 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 제1 결합 도메인은 VH 및 VL 영역을 포함하며, 여기서 각각의 VH 및 VL 영역은 **표 6f**에서 확인된 항-종양 세포 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 90%, 또는 91%, 또는 92%, 또는 93%, 또는 94%, 또는 95%, 또는 96%, 또는 97%, 또는 98%, 또는 99% 동일성을 나타내거나 그와 동일하다. 전술한 일 구현예에서, 언급된 조성물의 제1 도메인은 본 명세서에 개시된 항-종양 세포 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열을 포함한다. 전술한 구현예에서, VH 및/또는 VL 도메인은 scFv, 디아바디의 일부분, 단일 도메인 항체, 또는 단일 도메인 낙타과 항체로서 구성될 수 있다.

[0192] 일부 구현예에서, 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물은 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하는 제1 부분을 포함하며, 여기서 결합 도메인들은 디아바디 배치이고, 각각의 결합 도메인은 1개의 VL 도메인 및 1개의 VH 도메인을 포함한다. 일 구현예에서, 본 발명의 디아바디 구현예는 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기서 VL 및 VH 도메인은 각각 종양-특이적 마커 또는 표적 세포의 항원, 및 이펙터 세포 항원에 대한 결합 특이성을 갖는 단일클론 항체들로부터 유래된다. 일부 구현예에서, 본 발명의 디아바디 구현예는 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기서 각각의 CDR-H1 영역, CDR-H2 영역, CDR-H3 영역, CDR-L1 영역, CDR-L2 영역, 및 CDR-H3 영역을 포함하며, 여기서 각각의 영역은 각각 종양-특이적 마커 또는 표적 세포 항원, 및 이펙터 세포 항원에 대해 결합할 수 있는 단일클론 항체들로부터 유래된다. 본 발명의 디아바디 구현예는 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기서 VL 및 VH 도메인은 각각 종양-특이적 마커 또는 표적 세포 항원, 및 이펙터 세포 항원에 대한 결합 특이성을 갖는 단일클론 항체들로부터 유래되는 것으로 구상된다. 일부 구현예에서, 본 발명의 디아바디 구현예는 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기서 각각의 CDR-H1 영역, CDR-H2 영역, CDR-H3 영역, CDR-L1 영역, CDR-L2 영역, 및 CDR-H3 영역을 포함하며, 여기서 각각의 영역은 각각 종양-특이적 마커 또는 표적 세포 항원, 및 이펙터 세포 항원에 대해 결합할 수 있는 단일클론 항체들로부터 유래된다. 일 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 디아바디의 제2 결합 도메인은, 인간 CD3에 결합할 수 있는 단일클론 항체들로부터 유래되는 쌍을 이룬 VH 및 VL 영역을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 디아바디의 제2 결합 도메인은 VH 및 VL 영역을 포함하며, 여기서 각각의 VH 및 VL 영역은 **표 6a**에서 확인된 항-CD3 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 90%, 또는 91%, 또는 92%, 또는 93%, 또는 94%, 또는 95%, 또는 96%, 또는 97%, 또는 98%, 또는 99% 동일성을 나타내거나 그와 동일하다. 일부 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 디아바디의 제2 결합 도메인은 VH 및 VL 영역을 포함하며, 여기서 디아바디의 제2 결합 도메인은 VH 및 VL 영역을 포함하며, 여기서 각각의 VH 및 VL 영역은 **표 6a**의 huUCHT1 항체의 VL 및 VH 서열과 적어도 약 90%, 또는 91%, 또는 92%, 또는 93%, 또는 94%, 또는 95%, 또는 96%, 또는 97%, 또는 98%, 또는 99% 동일성을 나타내거나 그와 동일하다. 다른 구현예에서, 조성물의 디아바디의 제2 도메인은 본 명세서에 기재된 항-CD3 항체들로부터 유래된다. 일부 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 디아바디의 제1 결합 도메인은 VH 및 VL 영역을 포함하며, 여기서 각각의 VH 및 VL 영역은 **표 6f**에서 확인된 항-종양 세포 항체의 VL 및 VH 서열과 적어도 약 90%, 또는 91%, 또는 92%, 또는 93%, 또는 94%, 또는 95%, 또는 96%, 또는 97%, 또는 98%, 또는 99% 동

일성을 나타내거나 그와 동일하다. 다른 구현예에서, 조성물의 디아바디의 제1 도메인은 본 명세서에 기재된 항-종양 세포 항체로부터 유래된다.

[0193] 본 발명의 대상 조성물의 결합 친화도 및/또는 기타 다른 생물학적 활성을 측정하는 방법은 본 명세서에 개시된 것들 또는 당업계에 일반적으로 알려진 방법일 수 있다. 예를 들어, K_d 로 표기된 결합쌍(예를 들어, 항체와 항원)의 결합 친화도는 방사성 결합 검정, 비방사성 결합 검정, 예컨대 형광 공명 에너지 전달 및 표면 플라즈몬 공명(SPR, Biacore), 및 효소-결합 면역흡착 검정(ELISA), 동력학적 배제 검정(KinExA®) 또는 실시예에 기재된 바와 같은 것들을 포함하지만 이로 한정되지 않는 다양한 적합한 검정을 사용하여 결정될 수 있다. 예를 들어 벌킹 모이어티가 부착된 키메라 폴리펩티드 조립체 대비, 절단되어 벌킹 모이어티를 제거한 키메라 폴리펩티드 조립체의 결합 친화도의 증가 또는 감소는 벌킹 모이어티를 갖는 상태 및 갖지 않는 상태에서 표적 결합 파트너에 대한 키메라 폴리펩티드 조립체의 결합 친화도를 측정함으로써 결정될 수 있다.

[0194] 대상 키메라 조립체의 반감기의 측정은 다양한 적합한 방법에 의해 수행될 수 있다. 예를 들어, 물질의 반감기는 그 물질을 대상체에게 투여하고 생물학적 샘플(예를 들어, 생물학적 유체, 예컨대 혈액 또는 혈장 또는 복수(ascites))을 주기적으로 샘플링하여 시간 경과에 따른 샘플 내의 해당 물질의 농도 및/또는 양을 결정함으로써 결정될 수 있다. 생물학적 샘플 중의 물질의 농도는 효소-결합 면역흡착 검정(ELISA), 면역블롯(immunoblot), 및 고압 액체 크로마토그래피 및 고속 단백질 액체 크로마토그래피를 포함한 크로마토그래피 기법을 포함하는 다양한 적합한 방법을 사용하여 결정될 수 있다. 일부 경우에, 물질은 샘플(예를 들어, 혈액 샘플 또는 혈장 샘플) 내 물질의 농도를 결정하는 데 사용될 수 있는 검출 가능한 태그, 예컨대 방사성 태그 또는 형광 태그로 표지될 수 있다. 이어서, 다양한 약동학적 파라미터가 결과로부터 결정되며, 이는 소프트웨어 패키지, 예컨대 SoftMax Pro 소프트웨어를 사용하거나, 당업계에 알려진 수동 계산에 의해 수행될 수 있다.

[0195] 또한, 용해성의 정도, 구조 및 안정성 유지를 확인하기 위하여 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물의 물리화학적 특성이 측정될 수 있다. 결합 해리 상수(K_d , K_{on} 및 K_{off}), 리간드-수용체 복합체 해리의 반감기뿐만 아니라, 유리(free) 리간드에 비해 봉쇄된 리간드의 생물학적 활성을 억제하기 위한 결합 도메인의 활성(IC_{50} 값)을 포함한, 리간드에 대한 결합 도메인의 결합 특성의 결정을 가능하게 하는 대상 조성물의 검정이 수행된다. 용어 “ IC_{50} ”은 리간드 효능제의 최대 생물학적 반응의 절반을 억제하는 데 필요한 농도를 지칭하며, 일반적으로 경쟁 결합 검정에 의해 결정된다. 용어 “ EC_{50} ”은 활성 물질의 최대 생물학적 반응의 절반을 달성하는 데 필요한 농도를 지칭하며, 일반적으로 본 명세서에 기재된 실시예의 방법을 비롯하여 ELISA 또는 세포-기반 검정에 의해 결정된다.

[0196] **항-CD3 결합 도메인**

[0197] 일부 구현예에서, 본 발명은 T 세포에 대한 결합 친화도를 갖는 제1 부분의 결합 도메인을 포함하는 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공한다. 일 구현예에서, 제2 부분의 결합 도메인은 CD3에 결합하는 단일클론 항체로부터 유래되는 VL 및 VH를 포함한다. 일부 구현예에서, 결합 도메인은 CD3 엡실론 및/또는 CD3 델타에 대한 단일클론 항체로부터 유래되는 VL 및 VH를 포함한다. CD3에 대한 단일클론 항체의 VL 및 VH 서열의 예시적인 비제한적인 예가 **표 6a**에 제시되어 있다. 일 구현예에서, 본 발명은 **표 6a**에 제시된 항-CD3 VL 및 VH 서열을 포함하는, CD3에 대한 결합 친화도를 갖는 결합 도메인을 포함하는 키메라 폴리펩티드 조립체를 제공한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 **표 6a**에 제시된 항-CD3엡실론 VL 및 VH 서열을 포함하는, CD3엡실론에 대한 결합 친화도를 갖는 제1 부분의 결합 도메인을 포함하는 키메라 폴리펩티드 조립체를 제공한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 제1 부분의 scFv의 제2 결합 도메인은 VH 및 VL 영역을 포함하며, 여기서 각각의 VH 및 VL 영역은 **표 6a**의 huUCHT1 항-CD3 항체의 쌍을 이룬 VL 및 VH 서열과 적어도 약 90%, 또는 91%, 또는 92%, 또는 93%, 또는 94%, 또는 95%, 또는 96%, 또는 97%, 또는 98%, 또는 99% 동일성을 나타내거나 그와 동일하다. 일부 구현예에서, 본 발명은 CDR-L1 영역, CDR-L2 영역, CDR-L3 영역, CDR-H1 영역, CDR-H2 영역, 및 CDR-H3 영역을 포함하는 CD3에 대한 결합 친화도를 갖는 결합 도메인을 포함하는 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 각각의 CDR 영역은 **표 6a**에 제시된 각각의 항-CD3 VL 및 VH 서열로부터 유래된다. 일부 구현예에서, 본 발명은 CDR-L1 영역, CDR-L2 영역, CDR-L3 영역, CDR-H1 영역, CDR-H2 영역, 및 CDR-H3 영역을 포함하는 CD3에 대한 결합 친화도를 갖는 결합 도메인을 포함하는 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 CDR 서열은 RASQDIRNYLN(서열 번호 50), YTSRLESQQGNTLPWT(서열 번호 78), GYSFTGYTMN(서열 번호 79), LINPYKGVST(서열 번호 80), 및 SGYYGDSWDYFDV(서열 번호 81)이다.

[0198] CD3 복합체는, T-세포 항원 수용체(TCR)와 회합하고 TCR의 세포 표면 발현에서 그리고 펩티드:MHC 리간드가 TCR

에 결합할 때 기원하는 신호전달 변환 캐스케이드(signaling transduction cascade)에서 기능하는 세포 표면 분자들의 군이다. 통상적으로, 항원이 T-세포 수용체에 결합할 때, CD3은 세포막을 통해 T 세포 내부의 세포질에 신호를 보낸다. 이는 T 세포의 활성화를 야기하는데, 여기서는 T 세포가 신속하게 분할되어, TCR이 노출된 특정 항원을 공격하도록 감작된 새로운 T 세포를 생성한다. CD3 복합체는 4개의 다른 막-결합된 폴리펩티드(CD3-감마, -델타, 및/또는 -제타)와 함께 CD3엡실론 분자로 구성된다. 인간에서, CD3-엡실론은 염색체 11 상의 CD3E 유전자에 의해 인코딩된다. 각각의 CD3 사슬의 세포내 도메인은 T 세포 수용체 인게이지먼트 시에 세포내 신호 변환 기구를 위한 핵화점(nucleating point)으로서의 역할을 하는 면역수용체 티로신계 활성화 모티프(ITAM)를 함유한다.

[0199] 다수의 치료 전략이 TCR 신호전달을 표적화함으로써 T 세포 면역을 조절하며, 구체적으로는 항-인간 CD3 단일클론 항체(mAb)가 면역억제 계획에서 임상적으로 널리 사용된다. CD3-특이적 마우스 mAb OKT3은 인간에서의 사용이 허가된 최초의 mAb였으며(Sgro, C. Side-effects of a monoclonal antibody, muromonab CD3/orthoclone OKT3: bibliographic review. Toxicology 105:23-29, 1995), 이식(Chatenoud, Clin. Transplant 7:422-430, (1993); Chatenoud, Nat. Rev. Immunol. 3:123-132 (2003); Kumar, Transplant. Proc. 30:1351-1352 (1998)), 제1형 당뇨병, 및 건선에서 면역억제제로서 임상적으로 널리 사용된다. 중요한 점은, 항-CD3 mAb는 부분 T 세포 신호전달 및 클론 무반응(clonal anergy)을 유도할 수 있다는 것이다(Smith, JA, Nonmitogenic Anti-CD3 Monoclonal Antibodies Deliver a Partial T Cell Receptor Signal and Induce Clonal Anergy J. Exp. Med. 185:1413-1422 (1997)). OKT3은 T 세포 미토겐뿐만 아니라 강력한 T 세포 살해자로서 문헌에 기재되어 있다(Wong, JT. The mechanism of anti-CD3 monoclonal antibodies. Mediation of cytolysis by inter-T cell bridging. Transplantation 50:683-689 (1990)). 구체적으로, Wong의 연구는 CD3 T 세포 및 표적 세포를 가교함으로써, 표적의 살해를 달성할 수 있다는 것과, FcR-매개된 ADCC 또는 보체 결합 어느 것도 2가 항-CD3 MAB가 표적 세포를 용해시키는 데 필요하지 않았다는 것을 입증하였다.

[0200] OKT3은 시간-의존적 방식으로 유사분열촉진 활성 및 T-세포 살해 활성 둘 모두를 나타내는데; 사이토카인 방출로 이어지는 T 세포의 초기 활성화 후, 추가 투여 시 OKT3은 후기에 모든 알려진 T-세포 기능을 차단한다. OKT3이 동종이식편 조직 거부의 감소 또는 심지어 폐지를 위한 요법 계획에서 면역억제제와 같은 폭넓은 응용을 찾아낸 것은 이러한 T 세포 기능의 후기 차단 때문이다. CD3 분자에 특이적인 기타 다른 항체는 문헌[Tunnacliffe, Int. Immunol. 1 (1989), 546-50]에 개시되어 있으며, W02005/118635 및 W02007/033230은 항-인간 단일클론 CD3 엡실론 항체를 기재하고, 미국 특허 5,821,337은 무린 항-CD3 단일클론 Ab UCHT1(muxCD3, Shalaby et al., J. Exp. Med. 175, 217-225 (1992)) 및 이 항체의 인간화 변이체(hu UCHT1)의 VL 및 VH 서열을 기재하며, 미국 특허 출원 20120034228은 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 사슬의 에피토프에 결합할 수 있는 결합 도메인을 개시한다.

[표 6a] 항-CD3 단일클론 항체 및 서열

클론 명칭	항체 명칭	표적	VH 서열	서열 번호	VL 서열	서열 번호
huOKT3		CD3	QVQLVQSGGGVVP GRSLRLSCKASGYT <u>FTRYTMH</u> WVRQAP GKGLEWIGYINPSR <u>GYTNYNOKVKDRF</u> TISRDN SKNTAFLO	301	DIQMTQSPSSLSASV GDRVITTC <u>SASSSVS</u> <u>YMNWY</u> QQTGPKAP KRWIY <u>DTSKLASG</u> V PSRFSGSGSGTDYTF TISSLOPEDATYYC	351
huUCHT1		CD3	EVQLVESGGGLVQP GGSLRLSCAASGYT <u>FTGYTMN</u> WVRQAP GKGLEWVALINPYK <u>GVSTYNQKFKDRFT</u> ISVDKSKNTAYLQM NSLRAEDTAVYYCA <u>RSGLYGDSDWYFD</u> VWGQGLTVTVSS	302	DIQMTQSPSSLSASV GDRVITTC <u>CRASODIR</u> <u>NYLNWY</u> QQKPGKA PKLLIY <u>YTSRLES</u> GV PSRFSGSGSGTDYTL TISSLOPEDFATYYC <u>QOGNTLPWTF</u> GQG TKVEIK	352
hu12F6		CD3	QVQLVQSGGGVVP GRSLRLSCKASGYT <u>FISYTMH</u> WVRQAP GKGLEWIGYINPSS <u>GYTKYNOKFKDRF</u> TISADKSKSTAFLOM DSLRPEDTGYYFCA <u>RWQDYDVYFDY</u> W GQGIPVTVSS	303	DIQMTQSPSSLSASV GDRVITTC <u>CRASSV</u> <u>SYMHWY</u> QQTGPKA PKPWY <u>ATSNLASG</u> VPSRFSGSGSGTDYT LTISSLOPEDATYYC <u>QOWSSNPFT</u> GQGT KLQITR	353
mOKT3		CD3	QVQLQSGAELARP GASVKMSCKASGY <u>TFTRYTMH</u> WVKQR PGGLEWIGYINPSR <u>GYTNYNOKFKDKA</u> TLTTDKSSSTAYMQ LSSLTSEDSAVYYCA <u>RYDDHYCLDY</u> WG QGTTTLTVSS	304	QIVLTQSPAISASP GEKVTMTCS <u>SASSV</u> <u>SYMHWY</u> QQKSGTS PKRWIY <u>DTSKLASG</u> VPAHFRGSGSGTSYS LTISGMEADAATY YC <u>QOWSSNPFT</u> FGS GTKLEINR	354
MT103	블리나투모맵	CD3	DIKLQSGAELARP GASVKMSCKTSGYT <u>FTRYTMH</u> WVKQRP GQGLEWIGYINPSR <u>GYTNYNOKFKDKA</u> TLTTDKSSSTAYMQ LSSLTSEDSAVYYCA <u>RYDDHYCLDY</u> WG QGTTTLTVSS	305	DIQLTQSPAISASP GEKVTMTCS <u>CRASSV</u> <u>SYMHWY</u> QQKSGTS PKRWIY <u>DTSKVASG</u> VPYRFSGSGSGTSYS LTISSMEAADAATY YC <u>QOWSSNPLIFG</u> AGTKLELK	355
MT110	솔리토맵	CD3	DVQLVQSGAEVKKP GASVKVSCASGYT <u>FTRYTMH</u> WVRQAP GQGLEWIGYINPSR <u>GYTNYADSVKGRF</u> TITTDKSTSTAYMEL SSLRSEDATATYYCA <u>RYDDHYCLDY</u> WG QGTTVTVSS	306	DIVLTQSPATLSLSP GERATLS <u>CRASQSV</u> <u>SYMHWY</u> QQKPGKA PKRWIY <u>DTSKVASG</u> VPAFSGSGSGTDYS LTINSLEADAATYY <u>CQOWSSNPLT</u> FGG GTKVEIK	356
CD3.7		CD3	EVQLVESGGGLVQP GGSLKLSAASGFTF NKYAMNWVRQAPG KGLEWVARIRSKYN	307	QTVVTQEPSTVSPG GTVTLTCGSSTGAV TSGYYPNWVQKPK GQAPRGLIGGTKFL	357

클론 번호	항체 명칭	표적	VH 서열	서열 번호	VL 서열	서열 번호
			NYATYYADSVKDRF TISRDDSKNTAYLQ MNNLKTEDTAVYY CVRHGNFGNSYISY WAYWGQGLTVTS S		APGTPARFSGSLLGG KAALTLSGVQPEDE AEYYCALWYSNRW VFGGGTKLTVL	
CD3.8		CD3	EVQLVESGGGLVQP GGSLRLSCAASGFTF NTYAMNWVRQAPG KGLEWVGRIRSKYN NYATYYADSVKGRF TISRDDSKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYC VRHGNFGNSYVSWF AYWGQGLTVTVSS	308	QAVVTQEPSLTVSP GGTVTLTCGSSTGA VTTSNYANWVQOK PGQAPRGLIGGTNK RAPGVPARFSGSLLG GKAALTLGSAQPED EAEYYCALWYSNL WVFGGGTKLTVL	358
CD3.9		CD3	EVQLLESGGGLVQP GGSLKLSAASGFTF NTYAMNWVRQAPG KGLEWVARIRSKYN NYATYYADSVKDRF TISRDDSKNTAYLQ MNNLKTEDTAVYY CVRHGNFGNSYVS WFAYWGQGLTVT SS	309	ELVVTQEPSLTVSPG GTVTLTCRSSTGAV TTSNYANWVQOKP GQAPRGLIGGTNR APGTPARFSGSLLGG KAALTLSGVQPEDE AEYYCALWYSNLW VFGGGTKLTVL	359
CD3.10		CD3	EVKLLESGGGLVQP KGSLLKLSAASGFTF NTYAMNWVRQAPG KGLEWVARIRSKYN NYATYYADSVKDRF TISRDDSQSLYLQM NNLKTEDTAMYYC VRHGNFGNSYVSWF AYWGQGLTVTVSS	310	QAVVTQESALTTSP GETVTLTCRSSTGA VTTSNYANWVQEK DHLFTGLIGGTNR APGVPARFSGSLIGD KAALTITGAQTEDE AIYFCALWYSNLWV FGGGTKLTVL	360

[0203]

[0204]

* 존재한다면, 밑줄친 서열은 VL 및 VH 내의 CDR임

[0205]

CD3 세포 항원 결합 단편

[0206]

일부 구현예에서, 본 발명은 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예 내로 도입될 수 있는, 이펙터 세포 항원에 대해 특이적 결합 친화도를 갖는 항원 결합 단편(AF1)에 관한 것이다. 일부 경우에, 이펙터 세포 항원은 혈장 세포, T 세포, B 세포, 사이토카인 유도 살해 세포(CIK 세포), 비만 세포, 수지상 세포, 조절성 T 세포(RegT 세포), 헬퍼 T 세포, 골수계 세포, 또는 NK 세포인 이펙터 세포의 표면 상에서 발현된다.

[0207]

이펙터 세포 항원에 결합하는 다양한 AF1은, 질병에 걸린 세포 또는 조직의 세포 살해를 달성하기 위하여, 조성물 포맷 내의 질병에 걸린 세포 또는 조직과 관련된 HER2 항원에 대해 결합 친화도를 갖는 항원 결합 단편과 쌍을 형성하기 위한 특정 이용성을 갖는다. 결합 특이성은 상보성 결정 영역 또는 CDR, 예컨대 경쇄 CDR 또는 중쇄 CDR에 의해 결정될 수 있다. 많은 경우에, 결합 특이성은 경쇄 CDR 및 중쇄 CDR에 의해 결정된다. 중쇄 CDR 및 경쇄 CDR의 주어진 조합은 기타 다른 참조 항원에 비해 이펙터 세포 항원에 대해 더 큰 친화성 및/또는 특이성을 부여하는 주어진 결합 포켓(binding pocket)을 제공한다. HER2에 대한 제1 항원 결합 단편(AF1)이 짧은 가요성 펩티드 링커에 의해, 이펙터 세포 항원에 대한 결합 특이성을 갖는 제2 항원 결합 단편(AF2)에 연결되어 생성된 이중특이성 조성물은 이중특이성이며, 이때 각 항원 결합 단편은 그들 각각의 리간드에 대해 특이적 결합 친화도를 갖는다. 이러한 조성물에서는, 질병에 걸린 조직의 세포의 세포용해를 달성하기 위하여 이펙터 세포를 질병 조직의 세포에 매우 근접해 있게 하기 위하여, 질병 조직의 HER2에 대해 유도된 AF2가 이펙터 세포 마커에 대해 유도된 AF1과 조합하여 사용된다는 것이 이해될 것이다. 또한, AF1 및 AF2를 절단 가능한 방출 세그먼트 및 XTEN을 포함하는 특이적으로 설계된 폴리펩티드 내로 도입하여 조성물에 대해 전구약물 특성을 부여하는데, 이는 방출 세그먼트 서열 내의 하나 이상의 위치에서 방출 세그먼트를 절단할 수 있는 프로테아제를 갖는 질병 조직에 근접할 때 방출 세그먼트의 절단 시 용해된 AF1 및 AF2의 방출에 의해 활성화된다.

[0208]

일 구현예에서, 대상 조성물의 AF1은 T 세포의 표면 상에 발현되는 이펙터 세포 항원에 대해 결합 친화도를 갖는다. 일부 구현예에서, 대상 조성물의 AF1은 CD3에 대한 결합 친화도를 갖는다. 일부 구현예에서, 대상 조성물의 AF1은, 개별적인 형태로 또는 독립적으로 조합된 형태로 CD3 복합체의 모든 알려진 CD3 하위단위, 예를 들어 CD3 엡실론, CD3 델타, CD3 감마, 및 CD3 제타를 포함한 CD3 복합체의 구성원에 대한 결합 친화도를 갖는다. 일부 구현예에서, AF1은 CD3 엡실론, CD3 델타, CD3 감마, 또는 CD3 제타에 대한 결합 친화도를 갖는다.

[0209]

본 발명에 의해 고려되는 항원 결합 단편의 기원은 자연 발생 항체 또는 이의 단편, 비-자연 발생 항체 또는 이

의 단편, 인간화 항체 또는 이의 단편, 합성 항체 또는 이의 단편, 하이브리드 항체 또는 이의 단편, 또는 조작된 항체 또는 이의 단편으로부터 유래될 수 있다. 주어진 표적 마커에 대한 항체를 생성하기 위한 방법은 당업계에 잘 알려져 있다. 예를 들어, 단일클론 항체는 문헌[Kohler et al., *Nature*, 256:495 (1975)]에 최초로 기재된 하이브리도마 방법을 사용하여 제조될 수 있거나, 재조합 DNA 방법(미국 특허 4,816,567)에 의해 제조될 수 있다. 항체 및 이의 단편, 항체의 중쇄 및 경쇄의 가변 영역(VH 및 VL), 단일쇄 가변 영역(scFv), 상보성 결정 영역(CDR), 및 도메인 항체(dAb)의 구조는 충분히 해명되어 있다. 주어진 항원에 대한 결합 친화도를 갖는 원하는 항원 결합 단편을 갖는 폴리펩티드를 생성하는 방법이 당업계에 알려져 있다.

[0210] 본 명세서에 개시된 조성물 구현예에 대하여 용어 “항원 결합 단편”의 사용은 상응하는 온전한 항체의 리간드인 항원에 결합하는 능력을 보유하는 항체의 일부분 또는 단편을 포함하고자 함이 이해될 것이다. 이러한 구현예에서, 항원 결합 단편은 CDR 및 개재 프레임워크 영역, 항체의 경쇄 및/또는 중쇄의 가변 또는 초가변 영역(VL, VH), 가변 단편(Fv), Fab' 단편, F(ab')₂ 단편, Fab 단편, 단일쇄 항체(scAb), VHH 낙타과 항체, 단일쇄 가변 단편(scFv), 선형 항체, 단일 도메인 항체, 상보성 결정 영역(CDR), 도메인 항체(dAb), BHH 또는 BNAR 유형의 단일 도메인 중쇄 면역글로불린, 단일 도메인 경쇄 면역글로불린, 또는 항원에 결합할 수 있는 항체의 단편을 함유하는 당업계에 알려진 기타 다른 폴리펩티드일 수 있지만 이로 한정되지 않는다. CDR-H 및 CDR-L을 갖는 항원 결합 단편은, N-말단에서 C-말단으로, (CDR-H)-(CDR-L) 또는 (CDR-H)-(CDR-L) 배향으로 구성될 수 있다. 2개의 항원 결합 단편의 VL 및 VH는 또한 단일쇄 디아바디 배치로 구성될 수 있는데; 즉, AF1 및 AF2의 VL 및 VH가, 디아바디로서의 배열을 허용하기에 적절한 길이의 링커를 사용하여 구성된다.

[0211] 본 발명의 다양한 CD3 결합 AF1은 본 명세서에 기재된 폴리펩티드 구현예에서 이들의 안정성을 향상시키도록 특이적으로 변형되었다. 항체의 단백질 응집은 이들의 개발가능성에서 계속해서 중요한 문제가 되어 왔으며, 항체 생성에서의 주요 초점 영역으로 남아 있다. 항체 응집은 그의 도메인의 부분적 폴림에 의해 촉발될 수 있으며, 이는 단량체-단량체 회합에 이어 핵화 및 응집체 성장으로 이어질 수 있다. 항체 및 항체-기반 단백질의 응집 경향이 외부 실험 조건에 의해 영향을 받을 수 있기는 하지만, 이들은 서열 및 구조에 의해 결정되는 바와 같은 고유 항체 특성에 강하게 의존한다. 단백질이 접힌 상태에서는 약간만 안정하다는 것은 잘 알려져 있지만, 대부분의 단백질이 풀리거나 부분적으로 풀린 상태에서 본질적으로 응집 경향이 있으며, 생성되는 응집체는 극도로 안정하고 수명이 길 수 있다는 것은 종종 잘 알려져 있지 않다. 응집 경향의 감소는 발현 역가(expression titer)의 증가를 동반하는 것으로 또한 밝혀졌는데, 이는 단백질 응집의 감소가 개발 과정 전체에 걸쳐 유익하고, 임상 연구에 대한 더 효율적인 경로로 이어질 수 있음을 나타낸다. 치료용 단백질의 경우, 응집체는 환자에서 해로운 면역 반응에 대한 상당한 위험 인자이고, 다양한 기전을 통해 형성될 수 있다. 응집을 제어하면 단백질 안정성, 제조가능성, 마쇄 속도, 안전성, 제형화, 역가, 면역원성, 및 용해성을 개선할 수 있다. 단백질의 고유 특성, 예컨대 크기, 소수성, 정전기 및 전하 분포는 단백질 용해성에서 중요한 역할을 한다. 표면 소수성으로 인한 치료용 단백질의 낮은 용해성은 제형 개발을 더 어렵게 하는 것으로 밝혀졌으며, 불량한 생체분포(bio-distribution), 바람직하지 않은 약동학적 거동 및 생체내 면역원성으로 이어질 수 있다. 후보 단일클론 항체의 전체 표면 소수성의 감소는 또한 정제 및 투여 계획과 관련된 이익 및 비용 절감을 제공할 수 있다. 개별 아미노산은 구조 분석에 의해 항체에서의 응집 잠재성에 기여하는 것으로 확인될 수 있으며, CDR뿐만 아니라 프레임워크 영역에 위치할 수 있다. 구체적으로, 잔기는 주어진 항체에서 소수성 문제를 야기할 위험이 높을 것으로 예측할 수 있다. 일 구현예에서, 본 발명은 CD3에 특이적으로 결합하는 능력을 갖는 AF1을 제공하며, 여기서 AF1은 모 항체 또는 항체 단편과 대비하여 프레임워크 영역 내에 소수성 아미노산의 적어도 하나의 아미노산 치환을 가지며, 여기서 소수성 아미노산은 이소류신, 류신 또는 메티오닌이다. 일부 구현예에서, CD3 AF1은 하나 이상의 프레임워크 영역 내의 소수성 아미노산의 적어도 2개의 아미노산 치환을 가지며, 여기서 소수성 아미노산은 이소류신, 류신 또는 메티오닌이다.

[0212] 등전점(pI)은 항체 또는 항체 단편이 순전하(net electrical charge)를 갖지 않는 pH이다. pH가 항체 또는 항체 단편의 pI보다 낮다면, 순양전하를 가질 것이다. 더 큰 양전하는, 일반적으로 더 짧은 반감기와 함께, 증가된 혈액 클리어런스 및 조직 보유(tissue retention)와 상관되는 경향이 있다. pH가 항체 또는 항체 단편의 pI보다 높다면, 음전하를 가질 것이다. 음전하는 일반적으로 감소된 조직 흡수 및 더 긴 반감기를 가져온다. 프레임워크 잔기에 대한 돌연변이를 통해 이러한 전하를 조작하는 것이 가능하다. 이들 고려사항은 본 명세서에 기재된 구현예의 AF1의 서열의 설계에 정보를 제공하였는데, 여기서는 출발 지점으로서 이용된 모 항체에 대해 개별 아미노산 치환이 이루어졌다. 폴리펩티드의 등전점은 수학적으로(예를 들어, 계산에 의해) 또는 시험관내 검정에서 실험적으로 결정될 수 있다. 등전점(pI)은, 단백질의 순전하가 0이고 단백질 서열 내의 특정 아미노산에 대한 전하를 사용하여 계산될 수 있는 pH이다. 전하에 대한 추정값은 산 해리 상수 또는 pKa 값으로 불리며, pI를

계산하는 데 사용된다. pI는 모세관 등전 집속(문헌[Datta-Mannan, A., et al. The interplay of non-specific binding, target-mediated clearance and FcRn interactions on the pharmacokinetics of humanized antibodies. mAbs 7:1084 (2015)]; 문헌[Li, B., et al. Framework selection can influence pharmacokinetics of a humanized therapeutic antibody through differences in molecule charge. mAbs 6, 1255-1264 (2014)] 참조)과 같은 방법 또는 당업계에 알려진 기타 다른 방법에 의해 시험관내에서 결정될 수 있다. 일부 구현예에서, AF1과 AF2의 등전점은 서로 특정 범위 내에 있도록 설계되어, 안정성을 촉진시킨다.

[0213]

일 구현예에서, 본 발명은 CDR-L 및 CDR-H(표 6b 참조)를 포함하는 본 명세서에 기재된 임의의 폴리펩티드 구현예에 사용하기 위한 항원 결합 단편(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 제공하며, 여기서 항원 결합 단편(예를 들어, AF1 또는 AF2)은 (a) 분화 클러스터 3 T 세포 수용체(CD3)에 특이적으로 결합하고; (b) 각각 서열 번호 8, 9, 및 10의 아미노산 서열을 갖는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 구현예에서, 항원 결합 단편(AF)의 CDR-H1 및 CDR-H2는 각각 서열 번호 8 및 9의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 본 발명은 CDR-L 및 CDR-H를 포함하는 본 명세서에 기재된 임의의 폴리펩티드 구현예에 사용하기 위한 항원 결합 단편(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 제공하며, 여기서 항원 결합 단편(예를 들어, AF1 또는 AF2)은 (a) 분화 클러스터 3 T 세포 수용체(CD3)에 특이적으로 결합하고; (b) 각각 서열 번호 8, 9, 및 10의 아미노산 서열을 갖는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 항원 결합 단편(예를 들어, AF1 또는 AF2)은 CDR-L을 포함할 수 있으며, 여기서 CDR-L은 서열 번호 1 또는 2의 아미노산 서열을 갖는 CDR-L1, 서열 번호 4 또는 5의 아미노산 서열을 갖는 CDR-L2, 및 서열 번호 6의 아미노산 서열을 갖는 CDR-L3을 포함한다. 일부 구현예에서, 펩티드가 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 항원 결합 단편(AF)(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 포함하는 경우에, AF의 CDR-L1은 서열 번호 1 또는 2의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 CDR-L2는 서열 번호 4 또는 5의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 펩티드가 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 항원 결합 단편(AF)(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 포함하는 경우에, AF의 CDR-L1은 서열 번호 1의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 CDR-L2는 서열 번호 4 또는 5의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 펩티드가 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 항원 결합 단편(AF)(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 포함하는 경우에, AF의 CDR-L1은 서열 번호 2의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 CDR-L2는 서열 번호 4 또는 5의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 펩티드가 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 항원 결합 단편(AF)(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 포함하는 경우에, AF의 CDR-L1은 서열 번호 1의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 CDR-L2는 서열 번호 4의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 펩티드가 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 항원 결합 단편(AF)(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 포함하는 경우에, AF의 CDR-L1은 서열 번호 2의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 CDR-L2는 서열 번호 5의 아미노산 서열을 포함할 수 있고; AF의 상기 CDR-L3은 서열 번호 6의 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

[0214]

일부 구현예에서, 바로 앞 단락의 전술한 항원 결합 단편(AF)(예를 들어, AF1 또는 AF2) 구현예는 경쇄 프레임워크 영역(FR-L) 및 중쇄 프레임워크 영역(FR-H)(표 6c 참조)을 추가로 포함하며, 여기서 항원 결합 단편(AF)은 서열 번호 51의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L1, 서열 번호 52의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L2, 서열 번호 53 내지 56 중 어느 하나의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L3, 서열 번호 59의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L4를 포함할 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은 서열 번호 51의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L1, 서열 번호 52의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L2, 서열 번호 53의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L3, 서열 번호 59의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L4를 포함할 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은 서열 번호 51의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L1, 서열 번호 52의 아미노산 서열과 적어도 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내거나 그와 동일한 FR-L2, 서열 번호 54의 아미노산 서열과

[illegible]

[illegible]

[0215] 일부 구현예에서, 본 발명은 본 명세서에 기재된 임의의 폴리펩티드 구현예에 사용하기 위한 항원 결합 단편 (AF)(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 제공하며, 여기서 AF는 표 6d의 서열 번호 102 또는 서열 번호 105의 아미노 산 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖거나 그와 동일한 가변

중쇄(VH) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 본 명세서에 기재된 임의의 폴리펩티드 구현예에 사용하기 위한 AF를 제공하며, 여기서 AF는 **표 6d의 서열 번호 101, 103, 104, 106, 또는 107** 중 어느 하나의 아미노산 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖거나 그와 동일한 가변 경쇄(VL) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 본 명세서에 기재된 임의의 폴리펩티드 구현예에 사용하기 위한 항원 결합 단편(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 제공하며, 여기서 AF는 **표 6e의 서열 번호 201 내지 205** 중 어느 하나의 아미노산 서열과 적어도 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖거나 그와 동일한 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

[0216] 일부 구현예에서, 본 발명은 당업계에서 알려진 CD3 결합 항체 또는 항원 결합 단편에 비해 향상된 안정성을 갖는 CD3 단백질 복합체에 결합하는 항원 결합 단편(예를 들어, AF1 또는 AF2)을 제공한다. 추가로, 본 발명의 CD3 항원 결합 단편은, 통합되는 키메라 이중특이성 항원 결합 단편 조성물에 대해 더 높은 정도의 안정성을 부여하도록 설계되며, 이는 용합 단백질의 개선된 발현 및 회수, 증가된 반감기, 및 대상체에게 투여될 때의 향상된 안정성으로 이어진다. 한 가지 접근법에서, 본 발명의 CD3 AF는 당업계에서 알려진 특정 CD3-결합 항체 및 항원 결합 단편에 비해 더 높은 정도의 열안정성을 갖도록 설계된다. 결과적으로, 통합되는 키메라 이중특이성 항원 결합 단편 조성물의 성분으로서 이용되는 CD3 AF는 높은 열안정성 및 낮은 응집 경향을 포함한 유리한 약제학적 특성을 나타내며, 이는 제조 및 저장 동안 개선된 발현 및 회수를 가져오고, 또한 긴 혈청 반감기를 촉진시킨다. 열안정성과 같은 생물물리학적 특성은 종종 고유 특성이 크게 상이한 항체 가변 도메인들에 의해 제한된다. 높은 열안정성은 종종 높은 발현 수준 및 기타 다른 원하는 특성(응집에 대해 덜 취약한 것을 포함함)과 관련되어 있다(Buchanan A, et al. Engineering a therapeutic IgG molecule to address cysteinylolation, aggregation and enhance thermal stability and expression. MAbs 2013; 5:255). 열안정성은 분자들의 절반이 변성되는 온도로서 정의되는 "용융 온도"(T_m)를 측정함으로써 결정된다. 각각의 이중이량체의 용융 온도는 열안정성의 지표가 된다. T_m 을 결정하기 위한 시험관내 검정이 당업계에 알려져 있으며, 이에는 하기 실시예에 기재된 방법이 포함된다. 이중이량체의 용점은 시차 주사 열량측정법과 같은 기법을 사용하여 측정될 수 있다(Chen et al (2003) Pharm Res 20:1952-60; Ghirlando et al (1999) Immunol Lett 68:47-52). 대안적으로, 이중이량체의 열안정성은 원평광 이색성을 사용하여(Murray et al. (2002) J. Chromatogr Sci 40:343-9), 또는 하기 실시예에 기재된 바와 같이 측정될 수 있다.

[0217] 본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, 항원 결합 단편(예를 들어, AF1 또는 AF2)은 시험관내 검정에서 하기에 의해 입증된 바와 같이, **서열 번호 206(표 6e 참조)**의 서열로 구성되는 항-CD3 결합 단편보다 더 높은 열안정성을 나타낼 수 있다: 항-CD3 결합 단편에 비해 제1 항원 결합 단편의 더 높은 용융 온도(T_m); 또는 시험 이중특이성 항원 결합 단백질 내로의 제1 항원 결합 단편의 도입 시에, 대조 이중특이성 항원 결합 단백질에 비해 시험 이중특이성 항원 결합 단백질의 더 높은 T_m (여기서, 시험 이중특이성 항원 결합 단백질은 제1 항원 결합 단편 및 CD3 이외의 항원에 결합하는 참조 항원 결합 단편을 포함하고; 대조 이중특이성 항원 결합 단백질은 **서열 번호 206(표 6e 참조)**의 서열로 구성되는 항-CD3 결합 단편 및 참조 항원 결합 단편으로 구성됨). 제1 항원 결합 단편의 용융 온도(T_m)는 **서열 번호 206(표 6e 참조)**의 서열로 구성되는 항-CD3 결합 단편의 T_m 보다 적어도 2 °C 더 크거나, 적어도 3 °C 더 크거나, 적어도 4 °C 더 크거나, 또는 적어도 5 °C 더 클 수 있다.

[0218] 본 발명의 CD3 결합 단편, 및 항-CD3 결합 단편 및 참조 결합을 포함하는 항-CD3 이중특이성 항체의 열 변성 곡선은 본 발명의 단백질이 열 변성에 대해, **서열 번호 781(표 6f 참조)**에 제시된 서열로 구성되는 항원 결합 단편, 또는 대조 이중특이성 항원 결합 단편이 **서열 번호 781(표 6f 참조)**, 및 본 명세서에 기재된 HER2 구현예에 결합하는 참조 항원 결합 단편을 포함하는 대조 이중특이성 항체보다 더 저항성을 보여준다. 일 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예의 폴리펩티드는 본 명세서에 기재된 구현예의 항-CD3 AF를 포함하며, 여기서 AF의 T_m 은, 시험관내 검정에서 용융 온도의 증가에 의해 결정될 때, **서열 번호 781(표 6f 참조)**의 서열로 이루어진 항원 결합 단편의 T_m 보다 적어도 2 °C 더 크거나, 적어도 3 °C 더 크거나, 적어도 4 °C 더 크거나, 적어도 5 °C 더 크거나, 적어도 6 °C 더 크거나, 적어도 7 °C 더 크거나, 적어도 8 °C 더 크거나, 적어도 9 °C 더 크거나, 적어도 10 °C 더 크다.

[0219] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예의 폴리펩티드는 인간 또는 사이노몰거스 원숭이(사이노) CD3에 특이적으로 결합하는 항원 결합 단편(AF)을 포함한다. 항원 결합 단편(AF)은 인간 CD3에 특이적으로 결합할 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은 본 명세서에서 CD3의 CD3 엡실론, CD3 델타, CD3 감마, 또는 CD3 제타 단위로서 확인된 CD3 복합체 하위단위에 결합할 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은 CD3의 CD3 엡실론 단편에

결합할 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은, 인간 또는 사이노 CD3 항원을 포함하는 시험관내 항원-결합 검정에서 결정될 때, 약 10 nM 내지 약 400 nM, 또는 약 50 nM 내지 약 350 nM, 또는 약 100 nM 내지 300 nM의 해리 상수(K_d)로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예의 폴리펩티드는, 시험관내 항원-결합 검정에서 결정될 때, 약 10 nM, 또는 약 50 nM, 또는 약 100 nM, 또는 약 150 nM, 또는 약 200 nM, 또는 약 250 nM, 또는 약 300 nM, 또는 약 350 nM보다 더 약하거나, 약 400 nM보다 더 약한 해리 상수(K_d)로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으로 결합하는 항원 결합 단편(AF)을 포함한다. 명확함을 위하여, K_d 가 400인 항원 결합 단편(AF)이 K_d 가 10 nM인 것보다 그의 리간드에 더 약하게 결합한다. 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예의 폴리펩티드는, 시험관내 항원-결합 검정에서 각각의 해리 상수(K_d)에 의해 결정될 때, **서열 번호 781(표 6f 참조)**의 아미노산 서열로 구성되는 항원 결합 단편보다 적어도 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 또는 적어도 10배 더 약한 결합 친화도로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으로 결합하는 항원 결합 단편(AF)을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 발명은, 시험관내 항원-결합 검정에서 각각의 해리 상수(K_d)에 의해 결정될 때, 대상 폴리펩티드 내로 도입되는 본 명세서에 기재된 항-HER2 AF 구현예에 비해 적어도 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 50배, 100배, 또는 적어도 1000배 더 약한 CD3에 대한 결합 친화도를 나타내는 항원 결합 단편(AF)(항-CD3 AF)을 포함하는 이중특이성 폴리펩티드를 제공한다. 표적 리간드에 대한 대상 조성물의 결합 친화도는 결합 검정 또는 경쟁적 결합 검정, 예컨대 미국 특허 5,534,617에 기재된 바와 같은 칩-결합된 수용체 또는 결합 단백질을 사용하는 Biacore 검정 또는 ELISA 검정, 본 명세서의 실시예에 기재된 검정, 방사성-수용체(radio-receptor) 검정, 또는 당업계에 알려진 기타 다른 검정을 사용하여 검정될 수 있다. 이어서, 결합 친화도 상수는 표준 방법, 예컨대 문헌[Scatchard analysis, as described by van Zoelen, et al., Trends Pharmacol Sciences (1998) 19(12):487], 또는 당업계에 알려진 기타 다른 방법을 사용하여 결정될 수 있다.

[0220]

관련 양태에서, 본 발명은, 당업계에 알려진 CD3 결합 항체 또는 항원 결합 단편을 포함하는 반응하는 조성물에 비해 본 발명의 조성물에 대해 향상된 안정성을 부여하는 등전점(pI)을 갖도록 설계된 키메라 이중특이성 폴리펩티드 조성물 내로 도입되는, CD3에 결합하는 항원 결합 단편(AF)(항-CD3 AF)을 제공한다. 일 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예의 폴리펩티드는 CD3에 결합하는 AF(항-CD3 AF)를 포함하며, 여기서 항-CD3 AF는 6.0 내지 6.6(중점 포함)의 pI를 나타낸다. 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예의 폴리펩티드는 CD3에 결합하는 AF(항-CD3 AF)를 포함하며, 여기서 항-CD3 AF는 (예를 들어, **서열 번호 206(표 6e 참조)**에 제시된 서열로 구성되는) 참조 항원 결합 단편의 pI보다 적어도 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 또는 1.0 pH 단위가 더 낮은 pI를 나타낸다. 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예의 폴리펩티드는 HER2 항원에 결합하는 또 다른 AF(항-HER2 AF)에 융합된 CD3에 결합하는 AF(항-CD3 AF)를 포함하며, 여기서 항-CD3 AF는 HER2 항원 또는 이의 에피토프에 결합하는 AF의 pI의 적어도 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0, 1.1, 1.2, 1.3, 1.4, 또는 1.5 pH 단위 이내인 pH를 나타낸다. 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 대상 조성물 구현예의 폴리펩티드는 HER2 항원에 결합하는 AF(항-HER2 AF)에 융합된 CD3에 결합하는 AF(항-CD3 AF)를 포함하며, 여기서 AF는 항-CD3 AF의 pI의 적어도 약 0.1 내지 약 1.5, 또는 적어도 약 0.3 내지 약 1.2, 또는 적어도 약 0.5 내지 약 1.0, 또는 적어도 약 0.7 내지 약 0.9 pH 단위 이내인 pI를 나타낸다. 2개의 항원 결합 단편의 pI가 이와 같은 범위 이내인 이러한 설계에 의해, 생성되는 융합된 항원 결합 단편은 통합되는 키메라 이중특이성 항원 결합 단편 조성물에 대한 더 높은 정도의 안정성을 부여할 것으로 특별히 의도되며, 이는 가용성인 비응집된 형태의 융합 단백질의 개선된 발현 및 향상된 회수, 제형화된 키메라 이중특이성 폴리펩티드 조성물의 증가된 반감기, 및 조성물이 대상체에 투여될 때의 향상된 안정성으로 이어진다. 달리 말하면, 2개의 AF(항-CD3 AF 및 항-HER2 AF)를 비교적 좁은 pI 범위 이내에 있게 함으로써, 두 AF 모두(항-CD3 AF 및 항-HER2 AF)가 안정한 완충액 또는 기타 다른 용액의 선택을 가능하게 할 수 있고, 그럼으로써 조성물의 전체 안정성을 촉진시킬 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은 6.6 이하의 등전점(pI)을 나타낼 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은 6.0 내지 6.6(중점 포함)의 등전점(pI)을 나타낼 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은 **서열 번호 206(표 6e 참조)**에 제시된 서열로 구성되는 참조 항원 결합 단편의 등전점(pI)보다 적어도 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 또는 1.0 pH 단위가 더 낮은 pI를 나타낼 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은, (예를 들어, 인간 또는 사이노 CD3 항원을 포함하는 시험관내 항원-결합 검정에서 결정될 때) 약 10 nM 내지 약 400 nM의 해리 상수(K_d)로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으로 결합할 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은, (예를 들어, 시험관내 항원-결합 검정에서 결정될 때) 약 10 nM 미만, 또는 약 50 nM 미만, 또는 약 100 nM 미만, 또는 약 150 nM 미만, 또는 약 200 nM 미만, 또는 약 250 nM 미만, 또는 약 300 nM 미만, 또는 약 350 nM 미만의 해리 상수(K_d)로 인간 또는 사이노 CD3에 특이적으

로 결합할 수 있다. 항원 결합 단편(AF)은, (예를 들어, 시험관내 항원-결합 검정에서 각각의 해리 상수들(K_d)에 의해 결정될 때) 서열 번호 206(표 6e 참조)의 아미노산 서열로 구성되는 항원 결합 단편에 비해 적어도 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 또는 적어도 10배 더 약한 CD3에 대한 결합 친화도를 나타낼 수 있다.

[0221]

특정 구현예에서, 항원 결합 단편의 VL과 VH는, 함께 결합될 때, 가요성 특성을 갖는 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 또는 35개의 친수성 아미노산으로 이루어진 상대적으로 긴 링커에 의해 융합된다. 일 구현예에서, 본 명세서에 기재된 임의의 scFv 구현예의 VL과 VH는 서열 GSGEGSEGGEGGEGSGEGSGEGGEGSG(서열 번호 82), TGSGESEGGEGGEGSGEGSGEGGEGSGT(서열 번호 83), GATPPETGAETESPGETTGGSAEPPGEG(서열 번호 84), 또는 GSAAPTAGTTSPASPAPPTGGSSAAGSPST(서열 번호 85)를 갖는 친수성 아미노산의 상대적으로 긴 링커에 의해 연결된다. 일부 구현예에서, AF1과 AF2는 3, 4, 5, 6, 또는 7개의 아미노산을 갖는 친수성 아미노산의 짧은 링커에 의해 함께 연결된다. 일 구현예에서, 짧은 링커 서열은 본 명세서에서 서열 SGGGS(서열 번호 86), GGGGS(서열 번호 87), GSGGS(서열 번호 88), GGS, 또는 GSP로서 확인된다. 일부 구현예에서, 본 발명은 단일쇄 디아바디를 포함하는 조성물을 제공하는데, 여기서는 접힘 후에, 제1 도메인(VL 또는 VH)이 마지막 도메인(VH 또는 VL)과 쌍을 이루어서 하나의 scFv를 형성하고, 중간에 있는 2개의 도메인은 쌍을 이루어서 나머지 다른 하나의 scFv를 형성하고, 여기서 제1 도메인과 제2 도메인뿐만 아니라, 제3 도메인과 마지막 도메인은 전술한 짧은 링커들 중 하나에 의해 함께 융합되고, 제2 가변 도메인과 제3 가변 도메인은 전술한 상대적으로 긴 링커들 중 하나에 의해 융합된다. 당업자에 의해 이해되는 바와 같이, 짧은 링커 및 상대적으로 긴 링커의 선택은 인접한 가변 도메인들의 올바르게 얹은 쌍형성을 방지하여, 제1 항원 결합 단편 및 제2 항원 결합 단편의 VL 및 VH를 포함하는 단일쇄 디아바디 배치의 형성을 촉진하기 위한 것이다.

[0222]

[표 6b] 예시적인 CD3 CDR 서열

작제물	CDR 영역	아미노산 서열	서열 번호
3.23, 3.30, 3.31, 3.32	CDR-L1	RSSNGAVTSSNYAN	1
3.24	CDR-L1	RSSNGEVTTSNYAN	2
3.33, 3.9	CDR-L1	RSSTGAVTTSNYAN	3
3.23, 3.30, 3.31, 3.32, 3.9, 3.33	CDR-L2	GTNKRAP	4
3.24	CDR-L2	GTIKRAP	5
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32	CDR-L3	ALWYPNLWVF	6
3.33, 3.9	CDR-L3	ALWYSNLWVF	7
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32, 3.9, 3.33	CDR-H1	GFTFNTYAMN	8
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32, 3.9, 3.33	CDR-H2	RIRSKYNNYATYYADSVKD	9
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32	CDR-H3	HENFGNSYVSWFAH	10
3.9, 3.33	CDR-H3	HGNFGNSYVSWFAY	11

[0223]

[0224]

[표 6c] 예시적인 CD3 FR 서열

작제물	FR 영역	아미노산 서열	서열 번호
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32, 3.9, 3.33	FR-L1	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC	51
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32, 3.9, 3.33	FR-L2	WVQKPGQAPRGLIG	52
3.23, 3.24	FR-L3	GTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYC	53
3.30	FR-L3	GTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYC	54
3.31	FR-L3	GTPARFSGSLLGGSAALTLSGVQPEDEAVYYC	55
3.32	FR-L3	GTPARFSGSLLGGSAALTLSGVQPEDEAVYYC	56
3.9	FR-L3	GTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYC	57
3.33	FR-L3	GTPARFSGSLLGGSAALTLSGVQPEDEAEYYC	58
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32, 3.9, 3.33	FR-L4	GGGTKLTVL	59
3.23, 3.24	FR-H1	EVQLLESGGGIVQPGGSLKLSCAAS	60
3.30, 3.31, 3.32	FR-H1	EVQLQESGGGIVQPGGSLKLSCAAS	61
3.33	FR-H1	EVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAAS	62
3.9	FR-H1	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAAS	63
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32, 3.9, 3.33	FR-H2	WVRQAPGKGLEWVA	64
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32	FR-H3	RFTISRDDSKNTVYLMNMLKTEDTAVYYCVR	65
3.9, 3.33	FR-H3	RFTISRDDSKNTAYLMNMLKTEDTAVYYCVR	66
3.23, 3.24, 3.30, 3.31, 3.32, 3.9, 3.33	FR-H4	WGQGTLVTVSS	67

[0225]

[0226] [표 6d] 예시적인 CD3 VL 및 VH 서열

작제물	영역	아미노산 서열	서열 번호
3.23	VL	ELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAP RGLIGGTNKRAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCAL WYPNLWVFGGGTKLTVL	101
3.23, 3.24	VH	EVQLLESGGGIVQPGGSLKLSAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGL EWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNNLKT EDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGTLVTVSS	102
3.24	VL	ELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSNGEVTSSNYANWVQKPGQAP RGLIGGTNKRAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCAL WYPNLWVFGGGTKLTVL	103
3.30	VL	ELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAP RGLIGGTNKRAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCAL WYPNLWVFGGGTKLTVL	104
3.30, 3.31, 3.32	VH	EVQLQESGGGIVQPGGSLKLSAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGL EWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNNLKT EDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGTLVTVSS	105
3.31	VL	ELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAP RGLIGGTNKRAPGTPARFSGSLLGGSAAALTLSGVQPEDEAVYYCAL WYPNLWVFGGGTKLTVL	106
3.32	VL	ELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAP RGLIGGTNKRAPGTPARFSGSLLGGSAAALTLSGVQPEDEAVYYCAL WYPNLWVFGGGTKLTVL	107
3.9	VL	ELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSSNYANWVQKPGQAP RGLIGGTNKRAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCAL WYSNLWVFGGGTKLTVL	108
3.9	VH	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGL EWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKT EDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGQGTLVTVSS	109
3.33	VL	ELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSSNYANWVQKPGQAP RGLIGGTNKRAPGTPARFSGSLLGGSAAALTLSGVQPEDEAEYYCAL WYSNLWVFGGGTKLTVL	110
3.33	VH	EVQLQESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGL EWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKT EDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGQGTLVTVSS	111

[0227]

[0228] [표 6e] 예시적인 CD3 scFv 서열

작제물	아미노산 서열	서열 번호
3.23	ELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNK RAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVL GATTPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLLESGGGIVQPGGSLKLSAASGF TFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTV YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSS	201
3.24	ELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGEVTTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTIKR APGTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVLG ATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLLESGGGIVQPGGSLKLSAASGF FNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTV YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSS	202
3.30	ELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNK RAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVL GATTPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLQESGGGIVQPGGSLKLSAASGF TFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTV YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSS	203
3.31	ELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNK RAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVL GATTPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLQESGGGIVQPGGSLKLSAASGF TFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTV YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSS	204
3.32	ELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNK RAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVL GATTPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLQESGGGIVQPGGSLKLSAASGF TFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTV YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSS	205
3.9	ELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNK RAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYNSLWVFGGGTKLTVL GATTPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSAASGF TFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGQGLTVTVSS	206
3.33	ELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNK RAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYNSLWVFGGGTKLTVLG ATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLQESGGGLVQPGGSLKLSAASGF FNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGQGLTVTVSS	207
4.11	QSVLTQPPASGTPGQRTVITSCSGSSNIGSNYVYVYQQLPGTAPKLLIYRNNQRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAISGLRSEDEADYYCAAWDDSLSGWVFGGGTKLTVLG ATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLQVQWGGGLVKPGGSLRLSCAASGF TFSSYMNWVRQAPGKGLEWVSRINSDGSSNTYADSVKGRFTISRDNAKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYCARELRWGNWGQGLTVTVSS	208
4.12	QAGLTQPPASGTPGQRTVITSCSGSYNIGTYVYVYQQLPGTAPKLLIYSNDQRL SGVDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEAAYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG ATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLQVQWGGGLVKPGGSLRLSCAASGF TFSSYMNWVRQAPGKGLEWVSRINSDGSSNTYADSVKGRFTISRDNAKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYCARELRWGNWGQGLTVTVSS	209
4.13	QPGLTQPPASGTPGQRTVITSCSGRSSNIGSYVYVYQHLPGMAPKLLIYRNSRRP SGVDRFSGSKSGTSASLVISGLQSDDEADYYCAAWDDSLKSWVFGGGTKLTVLG ATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLQVQWGGGLVKPGGSLRLSCAASGF TFSSYMNWVRQAPGKGLEWVSRINSDGSSNTYADSVKGRFTISRDNAKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYCARELRWGNWGQGLTVTVSS	210
4.14	QSVLTQPPASGTPGQRTVITSCSGSSNIGTYVYVYQQLPGTAPKLLIYSNNQRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYSAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGA TPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLVQWGGGLVKPGGSLRLSCAASGF FSSYMNWVRQAPGKGLEWVSRINSDGSSNTYADSVKGRFTISRDNAKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYCARELRWGNWGQGLTVTVSS	211

[0229]

작제물	아미노산 서열	서열 번호
4.15	QPGLTQPPASGTPGQRTVITSCSGSSNIGSNYVYVYQQLPGTAPKLLIYRNNQRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAISGLRSEDEADYYCAAWDDSLSGWVFGGGTKLTVLGA TPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLVQWGGGLVKPGGSLRLSCAASGF FSSYMNWVRQAPGKGLEWVSRINSDGSSNTYADSVKGRFTISRDNAKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYCARELRWGNWGQGLTVTVSS	212
4.16	QAVLTQPPASGTPGQRTVITSCSGSSNIGSYVYVYQVPGAAPKLLMRLNNQR PSGVPDRFSGSKSGTSASLVISGLRSEDEADYYCAAWDDSLSGWVFGGGTKLTV LGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLQVQWGGGLVKPGGSLRLSCAAS GFTFSSYMNWVRQAPGKGLEWVSRINSDGSSNTYADSVKGRFTISRDNAKNTLY LQMNLSLRAEDTAVYYCARELRWGNWGQGLTVTVSS	213
4.17	QAGLTQPPASGTPGQRTVITSCSGSSNIGSNYVYVYQQLPGTAPKLLIYRNNQRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAISGLRSEDEADYYCATWDASLSGWVFGGGTKLTVLGA TPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLVQWGGGLVKPGGSLRLSCAASGF FSSYMNWVRQAPGKGLEWVSRINSDGSSNTYADSVKGRFTISRDNAKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYCARELRWGNWGQGLTVTVSS	214

[0230]

[0231] 항-HER-2 결합 도메인

[0232] 일부 구현예에서, 본 발명은 중앙-특이적 마커 HER-2에 대한 결합 친화도를 갖는 제1 부분의 결합 도메인 및 이

펙터 세포 항원, 예컨대 CD3 항원에 결합하는 제2 결합 도메인을 포함하는 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공한다. 일 구현예에서, 결합 도메인은 HER-2에 대한 단일클론 항체로부터 유래되는 VL 및 VH를 포함한다. HER-2에 대한 단일클론 항체는 당업계에 알려져 있다. VL 및 VH 서열의 예시적인 비제한적인 예가 표 6f에 제시되어 있다. 일 구현예에서, 본 발명은 표 6f에 제시된 항-HER-2 VL 및 VH 서열을 포함하는, 종양-특이적 마커 HER-2에 대한 결합 친화도를 갖는 제1 부분의 결합 도메인을 포함하는 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 CDR-L1 영역, CDR-L2 영역, CDR-L3 영역, CDR-H1 영역, CDR-H2 영역, 및 CDR-H3 영역을 포함하는 종양-특이적 마커에 대한 결합 친화도를 갖는 제1 부분의 결합 도메인을 포함하는 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물을 제공하며, 여기서 각각의 CDR 영역은 표 6f에 제시된 각각의 VL 및 VH 서열로부터 유래된다. 바람직하게는, 구현예에서, 결합은, 시험관내 결합 검정에서 결정될 때, 10^{-10} 내지 10^{-7} M보다 더 큰 K_d 값을 갖는다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드가 HER2에 특이적으로 결합하는 항원 결합 단편(항-HER2 AF)을 포함하는 경우에, 항-HER2 AF(예를 들어, AF1 또는 AF2)는 (1) 서열 번호 778 내지 783으로서 제시된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역(VH_{II}), 및 (2) 표 6f의 서열 번호 878 내지 883으로서 제시된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역(VL_{II})을 포함한다. 키메라 폴리펩티드 조립체 조성물이 전술한 결합 도메인 또는 이의 서열 변이체(단, 변이체는 기재된 항원에 대해 결합 특이성을 나타내는 한에 있어서) 중 어느 하나를 포함할 수 있는 것으로 구체적으로 고려된다. 일 구현예에서, 서열 변이체는 VL 또는 VH 서열 내의 아미노산을 상이한 아미노산으로 치환함으로써 생성될 것이다. 결실 변이체에서는, 본 명세서에 기재된 바와 같은 VL 또는 VH 서열 내의 하나 이상의 아미노산 잔기가 제거된다. 따라서, 결실 변이체는 결합 도메인 폴리펩티드 서열의 모든 단편을 포함한다. 치환 변이체에서는, VL 또는 VH(또는 CDR) 폴리펩티드의 하나 이상의 아미노산 잔기가 제거되고 대체 잔기로 대체된다. 일 양태에서, 치환은 본질적으로 보존적이며, 이러한 유형의 보존적 치환은 당업계에 잘 알려져 있다. 또한, 본 명세서에 개시된 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하는 조성물은 본 명세서에 개시된 임의의 방법에서 이용될 수 있는 것으로 구체적으로 고려된다.

[0233]

[표 6f] 항-HER2 단일클론 항체 및 서열

상표명	항체명칭	표적	VH 서열	서열번호	VL 서열	서열번호
	C1	HER2	QVQLVESGGGLVQP GGSLRLSCAASGFTF <u>SSYAMGWVRQAPG</u> KGLEWVSSISGSSR <u>YIYYADSVKGRFTIS</u> RDNSKNTLYLQMNS LRAEDTAVYYCAK <u>MDASGSYFNEWGQ</u> GTLVTVSS	778	QSPSFLSAFVGDRITI <u>TCRASPGIRNYLAW</u> YQQKPGKAPKLLIY <u>AASLTQSGVPSRFS</u> GSGSGTDFLTISL QPEDFATYYCQOYN <u>SYPLSFGGGKVEIK</u>	878
에르비신		HER2	QVQLQSAAEVKKP GESLKISCKGSGYSF <u>TSYWIGWVRQMPG</u> KGLEWMGIHYPGDS <u>DTRYSPSFOGQVTIS</u> ADKSISTAYLQWSSL KASDTAVYYCARW <u>RDSPLWGQGLVTV</u> SS	779	QAVVTQEPSFSVSPG GTVTLTCGLSSGSY <u>SISYYPWSYQQTPG</u> QAPRTLIIYSTINRSS GVPDRFSGSILGNKA ALITGAQADDES YYCVLYMGSGQYV FGGGTKLTVL	879
헤르셉틴	트라스투주맙	HER2	EVQLVESGGGLVQP GGSLRLSCAASGFNI <u>KDTYIHWVRQAPG</u> KGLEWVARIYPTNG <u>YTRYADSVKGRFTIS</u> ADTSKNTAYLQMNS LRAEDTAVYYCSR <u>WGGDGFYAMDYWG</u> GQGLVTVSS	780	DIQMTQSPSSLSASV GDRVITTCRASQDY <u>NTAVAWYQQKPGK</u> APKLLIYSASFYSG VPSRFSGSRSGTDF LTISLQPEDFATYY CQOHYTTPPIFGG TKVEIK	880
MAGH22	마르게톡시맙	HER2	QVQLQSGPELVKP GASLKLSTASGFNI <u>KDTYIHWVKORPEQ</u> GLEWIGRIYPTNGY <u>TRYDPKFQDKATIT</u> ADTSSNTAYLQVSR LTSEDVAVYYCSRW <u>GGDGFYAMDYWG</u> QGASVTVSS	781	DIVMTQSHKFMSTS VGDRVSITCKASQD <u>VNTAVAWYQQKPG</u> HSPKLLIYSASFRT GVPDRFTGSRSGTDF TFTISSVQAEDLAVY YCQOHYTTPPIFGG GTKVEIK	881

[0234]

상표명	항체명칭	표적	VH 서열	서열번호	VL 서열	서열번호
MM-302	F5	HER2	QVQLVESGGGLVQP GGSLRLSCAASGFTF R SY AMSWVRQAPG KGLEWVSA ISGRGD NTYYADSVKGRFTI SRDNSKNTLYLQMN SLRAEDTAVYY CAK MTSNAFAFDYWGQ GILVTVSS	782	QSVLTQPPSVSGAPG QRTVISC TGSSSNIG AGYGVH WYQQLPG TAPKLLIY GNINRPS GVPDFRSGFKSGTSA SLAITGLQAEDEAD YYC QFYDSSLGW YFGGGTKLTVL	882
페르제타	페르투주맵	HER2	EVQLVESGGGLVQP GGSLRLSCAAS GFI FTD YTMDWVRQAP GKGLEWVAD VNPN SGGS IYNQRFKGRFT LSVDRSKNTLYLQMN NSLRAEDTAVYY CA RNLGPFYFDYWG QGLTVTVSS	783	DIQMTQSPSSLSASV GDRVITITCKASQ DY SIG VAWYQQKPGK APKLLIY SASYRYTG VPSRFGSGSGTDFIT LTISSLQPEDFATYY C QQYYI PPYTFGGG TKVEIK	883

* 존재한다면, 밑줄친 볼드체 서열은 VL 및 VH 내의 CDR임

[표 A] 분자내 긴 링커

링커 #	명칭	서열 번호	아미노산 서열
L1	(G4S)3	112	GGGGSGGGSGGGGS
L2	MT110_18	113	GEGTSTGSGGSGGSGGAD
L3	MT103_18	114	VEGGSGGSGGSGGSGGVD
L4	UCHT1_29	115	RTSGPGDGGKGGPGKPGGEGTRKGTGPGG
L5	Y30	116	GSSEGESEGGGEGSEGESEGESEGESEGG
L6	Y32	117	TGSGEGSEGGGEGSEGESEGESEGESEGGT
L7	G1_30_3	118	GATPPETGAETESFGETTGGSAESEPFGEG
L8	G9_30_1	119	GSAAPTAGITTPSASFPPTGGSSAAGSPST
L9	Y30_변형됨	120	GEGGESGGSEGESEGESEGGSGGESEGG
L10	G1_30_1	121	STETSPSTPTESPEAGSGSGSPESPSGTEA
L11	G1_30_2	122	PTGTTEGPSEGESEPEGSARTSSTSEATPS
L12	G1_30_4	123	SESESEGEAPTGPASITPEPSESPTPETS
L13	UCHT1_변형됨	124	PEGGESGEGTGPGTGGEPEGEGGPGGEGGT

[표 B] 분자간 짧은 링커

명칭	아미노산 서열
S-1	SGGGGS (서열 번호 86)
S-2	GGGGS (서열 번호 87)
S-3	GGG
S-4	GSP

본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, 항원 결합 단편의 한 쌍의 경쇄 가변 영역(VL) 및 중쇄 가변 영역(VH)은 링커, 또는 긴 링커(예를 들어, 친수성 아미노산의 것)에 의해 연결될 수 있다. 항원 결합 단편(예를 들어, 제1 항원 결합 단편(AF1), 제2 항원 결합 단편(AF2))의 경쇄 가변 영역(VL)과 중쇄 가변 영역(VH)을 연결하는 그러한 링커는 (서로 독립적으로) 표 A에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 항원 결합 단편(예를 들어, 제1 항원 결합 단편(AF1), 제2 항원 결합 단편(AF2))의 경쇄 가변 영역(VL)과 중쇄 가변 영역(VH)을 연결하는 그러한 링커는 (각각 독립적으로) 표 A에 제시된 서열과 동일한 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, 2개의 항원 결합 단편(예를 들어, 제1 및 제2 항원 결합 단편)은 펩티드 링커, 또는 짧은 링커에 의해 함께 융합될 수 있다. 2개의 항원 결합 단편(예를 들어, 제1 및 제2 항원 결합 단편)을 연결하는 그러한 펩티드 링커는 표 B에 제시된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 2개의 항원 결합 단편(예를 들어, 제1 및 제2 항원 결합 단편)을 연결하는 그러한 펩티드 링커는 표 B에 제시된 서열과 동일한 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 경우에, 제1 항원 결합 단편은 단일쇄 가변 단편(scFv)이다. 일부 경우에, 제2 항원 결합 단편은 단일쇄 가변 단편(scFv)이다. 제1 및 제2 항원 결합 단편의 2개의 단일쇄 가변 단편은 펩티드 링커에 의해 함께 연결될 수 있다. 본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, 제1 항원 결합 단편의 VL과 VH를 연결하는 데 사용되는 링

커 및/또는 제2 항원 결합 단편의 VL과 VH를 연결하는 데 사용되는 링커는 **표 A**의 L7일 수 있다. 그러한 구현예에서, 2개의 항원 결합 단편을 연결하는 데 사용되는 펩티드 링커는 **표 B**의 S-1 또는 S-2일 수 있다. 일부 구현예에서, 본 발명은 단일쇄 디아바드를 포함하는 폴리펩티드를 제공하는데, 여기서는 접힘 후에, 제1 도메인(VL 또는 VH)이 마지막 도메인(VH 또는 VL)과 쌍을 이루어서 하나의 scFv를 형성하고, 중간에 있는 2개의 도메인은 쌍을 이루어서 나머지 다른 하나의 scFv를 형성하고, 여기서 제1 도메인과 제2 도메인뿐만 아니라, 제3 도메인과 마지막 도메인은 본 명세서에서 **표 B**에 제시된 서열에 의해 확인된 친수성 아미노산의 짧은 링커에 의해 함께 융합되고, 제2 가변 도메인과 제3 가변 도메인은 **표 A**에서 확인된 긴 링커에 의해 융합된다. 당업자에 의해 이해되는 바와 같이, 짧은 링커 및 긴 링커의 선택은 인접한 가변 도메인들의 올바르게 짝형성을 방지하여, 제1 결합 모이어티 및 제2 결합 모이어티의 VL 및 VH를 포함하는 단일쇄 디아바드 배치의 형성을 촉진하기 위한 것이다.

[0242] **[표 C] 방출 세그먼트와 이중특이성 항체 작제물 사이의 예시적인 스페이서**

아미노산 서열	서열 번호
STEPS	89
SATPESGPPT	90
ATSGSETPTGT	91
GTAEAAASAG	92
STEPSEGSAPGTS	93
SGPGTS	94
GTSTEPS	95

[0243]

[0244]

본 발명의 폴리펩티드의 일부 구현예에서, 방출 세그먼트(RS)(예를 들어, 제1 방출 세그먼트(RS1), 제2 방출 세그먼트(RS2) 등)는 스페이서에 의해 이중특이성 항체 작제물(BsAb)에 융합될 수 있다. 그러한 스페이서는 (각각 독립적으로) 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)인 적어도 4가지 유형의 아미노산을 포함한다. 본 발명의 펩티드는 제1 스페이서를 통해 이중특이성 항체 작제물에 융합된 제1 방출 세그먼트 및 제2 스페이서를 통해 이중특이성 항체 작제물에 융합된 제2 방출 세그먼트를 포함할 수 있다. 스페이서(예를 들어, 제1 스페이서, 제2 스페이서 등)는 (각각 독립적으로) **표 C**에 제시된 서열과 적어도 (약) 80%, 적어도 (약) 90%, 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 스페이서(예를 들어, 제1 스페이서, 제2 스페이서 등)는 (각각 독립적으로) **표 C**에 제시된 서열과 동일한 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

[0245]

비구조화된 입체구조(unstructured conformation)

[0246]

통상적으로, 융합 단백질의 XTEN 성분은 중합체의 연장된 길이에도 불구하고 생리학적 조건 하에서 변성된 펩티드 서열과 유사하게 거동하도록 설계된다. '변성된'이란 펩티드 골격의 큰 입체구조 자유도를 특징으로 하는 용액 중의 펩티드의 상태를 설명한다. 대부분의 펩티드 및 단백질은 고농도의 변성제의 존재 하에서 또는 승온에서 변성된 입체구조를 채택한다. 변성된 입체구조의 펩티드는, 예를 들어 특징적인 원편광 이색성(CD) 스펙트럼을 가지며, NMR에 의해 결정된 바와 같은 장거리 상호작용의 결여를 특징으로 한다. "변성된 입체구조"와 "비구조화된 입체구조"는 본 명세서에서 동의어로 사용된다. 일부 경우에, 본 발명은, 생리학적 조건 하에서 대체로 2차 구조가 없는 변성된 서열과 유사할 수 있는 XTEN 서열을 제공한다. 다른 경우에, XTEN 서열에는 생리학적 조건 하에서 2차 구조가 실질적으로 없을 수 있다. 이와 관련하여 사용되는 바와 같이, "대체로 없는"은, 본 명세서에 기재된 수단에 의해 측정되거나 결정될 때, XTEN 서열의 XTEN 아미노산 잔기의 50% 미만이 2차 구조에 기여함을 의미한다. 이와 관련하여 사용되는 바와 같이, "실질적으로 없는"은, 본 명세서에 기재된 수단에 의해 측정되거나 결정될 때, XTEN 서열의 XTEN 아미노산 잔기의 적어도 약 60%, 또는 약 70%, 또는 약 80%, 또는 약 90%, 또는 약 95%, 또는 적어도 약 99%가 2차 구조에 기여하지 않음을 의미한다.

[0247]

주어진 폴리펩티드에서의 2차 및 3차 구조의 존재 또는 부재를 식별하기 위한 다양한 방법이 당업계에 확립되어 있다. 구체적으로는, XTEN 2차 구조가 분광광도법에 의해, 예를 들어 "원자외선(far-UV)" 스펙트럼 영역(190 내지 250 nm)에서 원편광 이색성 분광법에 의해 측정될 수 있다. 2차 구조 요소, 예컨대 알파-나선 및 베타-시트는 각각 CD 스펙트럼의 특징적인 형상 및 크기를 가져온다. 특정 컴퓨터 프로그램 또는 알고리즘, 예컨대 잘 알려진 초우-파스만(Chou-Fasman) 알고리즘(Chou, P. Y., *et al.* (1974) *Biochemistry*, 13: 222-45) 및 가르니에르-오스구르프-롭슨(Garnier-Osguthorpe-Robson, "GOR") 알고리즘(Garnier J, Gibrat JF, Robson B. (1996), GOR method for predicting protein secondary structure from amino acid sequence. *Methods Enzymol* 266:540-553)(미국 특허 출원 공개 20030228309A1에 기재된 바와 같음)을 통해 폴리펩티드 서열에 대

한 2차 구조가 또한 예측될 수 있다. 주어진 서열에 대해, 이들 알고리즘은, 예를 들어 알파-나선 또는 베타-시트를 형성하는 서열의 잔기의 총계 및/또는 백분율, 또는 (2차 구조가 결여되어 있는) 랜덤 코일 형성을 가져올 것으로 예측되는 서열의 잔기의 백분율로서 표현되는 2차 구조가 어느 정도 존재하는지 아니면 전혀 존재하지 않는지를 예측할 수 있다.

[0248] 일부 경우에, 본 발명의 융합 단백질 조성물에 사용되는 XTEN 서열은, 초우-파스만 알고리즘에 의해 결정될 때, 0% 내지 약 5% 미만 범위의 알파-나선 백분율을 가질 수 있다. 다른 경우에, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은, 초우-파스만 알고리즘에 의해 결정될 때, 0% 내지 약 5% 미만 범위의 베타-시트 백분율을 가질 수 있다. 일부 경우에, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은, 초우-파스만 알고리즘에 의해 결정될 때, 0% 내지 약 5% 미만 범위의 알파-나선 백분율 및 0% 내지 약 5% 미만 범위의 베타-시트 백분율을 가질 수 있다. 바람직한 구현예에서, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은 약 2% 미만의 알파-나선 백분율 및 약 2% 미만의 베타-시트 백분율을 가질 것이다. 다른 경우에, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은, GOR 알고리즘에 의해 결정될 때, 높은 정도의 랜덤 코일 백분율을 가질 수 있다. 일부 구현예에서, XTEN 서열은, GOR 알고리즘에 의해 결정될 때, 적어도 약 80%, 더 바람직하게는 적어도 약 90%, 더 바람직하게는 적어도 약 91%, 더 바람직하게는 적어도 약 92%, 더 바람직하게는 적어도 약 93%, 더 바람직하게는 적어도 약 94%, 더 바람직하게는 적어도 약 95%, 더 바람직하게는 적어도 약 96%, 더 바람직하게는 적어도 약 97%, 더 바람직하게는 적어도 약 98%, 가장 바람직하게는 적어도 약 99%의 랜덤 코일을 가질 수 있다.

[0249] 순전하

[0250] 다른 경우에, XTEN 폴리펩티드는 순전하를 갖는 아미노산 잔기의 도입에 의해 그리고/또는 XTEN 서열 내의 소수성 아미노산의 비율을 감소시킴으로써 부여되는 비구조화된 특성을 가질 수 있다. 전체 순전하 및 순전하 밀도는 XTEN 서열 내의 하전된 아미노산의 함량을 변경시킴으로써 제어될 수 있다. 일부 경우에, 조성물의 XTEN의 순전하 밀도는 +0.1 초과 또는 -0.1 미만의 전하/잔기일 수 있다. 다른 경우에, XTEN의 순전하는 약 0%, 약 1%, 약 2%, 약 3%, 약 4%, 약 5%, 약 6%, 약 7%, 약 8%, 약 9%, 약 10%, 약 11%, 약 12%, 약 13%, 약 14%, 약 15%, 약 16%, 약 17%, 약 18%, 약 19%, 또는 약 20% 또는 그 이상일 수 있다.

[0251] 인간 또는 동물에서의 대부분의 조직 및 표면은 음의 순전하를 갖기 때문에, XTEN 서열은 XTEN 함유 조성물과 혈관, 건강한 조직, 또는 다양한 수용체와 같은 다양한 표면 사이의 비특이적 상호작용을 최소화하기 위해 음의 순전하를 갖도록 설계될 수 있다. 특정 이론에 의해 구애되지 않고서, XTEN은 높은 음의 순전하를 개별적으로 가지며 XTEN 폴리펩티드의 서열을 가로질러 분포된 XTEN 폴리펩티드의 개별 아미노산들 사이의 정전기 반발로 인해 개방 입체구조를 채택할 수 있다. XTEN의 연장된 서열 길이에서의 음의 순전하의 그러한 분포는 비구조화된 입체구조로 이어질 수 있으며, 이는 결국, 유체역학적 환경의 효과적인 증가를 가져올 수 있다. 따라서, 일 구현예에서, 본 발명은 XTEN 서열이 약 8, 10, 15, 20, 25, 또는 심지어 약 30% 글루탐산을 함유하는 XTEN을 제공한다. 본 발명의 조성물의 XTEN에는 일반적으로 양으로 하전된 아미노산의 함량이 없거나 낮다. 일부 경우에, XTEN은 양전하를 갖는 아미노산 잔기가 약 10% 미만, 또는 양전하를 갖는 아미노산 잔기가 약 7% 미만, 또는 약 5% 미만, 또는 약 2% 미만일 수 있다. 그러나, 본 발명은 양전하를 갖는 제한된 수의 아미노산, 예컨대 라이신이 XTEN 내로 도입되어 라이신의 엡실론 아민과 펩티드 상의 반응성 기, 링커 가교, 또는 XTEN 골격에 접합될 약물 또는 소분자 상의 반응성 기 사이의 접합을 가능하게 할 수 있는 작제물을 고려한다. 전술한 내용에서, XTEN, 생물학적 활성 단백질, 및 대사 질병 또는 장애의 치료에 유용한 화학요법제를 포함하는 융합 단백질이 작제될 수 있으며, 여기서 XTEN 성분 내로 도입되는 작제물의 분자의 최대수는 XTEN 내로 도입된 라이신 또는 반응성 측쇄(예를 들어, 시스테인)를 갖는 기타 다른 아미노산의 수에 의해 결정된다.

[0252] 일부 경우에, XTEN 서열은 세린 또는 글리신과 같은 다른 잔기들에 의해 분리된 하전된 잔기를 포함할 수 있으며, 이들은 더 우수한 발현 또는 정제 거동으로 이어질 수 있다. 순전하에 기초하여, 대상 조성물의 XTEN은 1.0, 1.5, 2.0, 2.5, 3.0, 3.5, 4.0, 4.5, 5.0, 5.5, 6.0, 또는 심지어 6.5의 등전점(pI)을 가질 수 있다. 바람직한 구현예에서, XTEN은 1.5 내지 4.5의 등전점을 가질 것이다. 이들 구현예에서, 본 발명의 BPXTEN 융합 단백질 조성물 내로 도입된 XTEN은 생리학적 조건 하에서 음의 순전하를 가질 것이며, 이는 비구조화된 입체구조 및 포유류 단백질 및 조직에 대한 XTEN 성분의 감소된 결합에 기여할 수 있다.

[0253] 소수성 아미노산은 폴리펩티드에 구조를 부여할 수 있기 때문에, 본 발명은 XTEN 내의 소수성 아미노산의 함량이 통상적으로 5% 미만, 또는 2% 미만, 또는 1% 미만의 소수성 아미노산 함량이 되도록 제공한다. 일 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질의 XTEN 성분 내의 메티오닌 및 트립토판의 아미노산 함량은 통상적으로 5% 미만, 또는 2% 미만, 가장 바람직하게는 1% 미만이다. 일부 구현예에서, XTEN은 양전하를 갖는 아미노산 잔기가 10% 미만,

또는 양전하를 갖는 아미노산 잔기가 약 7% 미만, 또는 약 5% 미만, 또는 약 2% 미만인 서열을 가질 것이며, 메티오닌 및 트립토판 잔기의 합계는 2% 미만일 것이며, 아스파라긴 및 글루타민 잔기의 합계는 총 XTEN 서열의 10% 미만일 것이다.

[0254] **증가된 유체역학적 반경**

[0255] 일부 구현예에서, XTEN은 높은 유체역학적 반경을 가질 수 있으며, 이는 XTEN을 도입시킨 BPXTEN 융합 단백질에 대해 상응하는 증가된 겔보기 분자량을 부여한다. BP 서열에 대한 XTEN의 연결은 XTEN에 연결되지 않은 BP에 비해 증가된 유체역학적 반경, 증가된 겔보기 분자량, 및 증가된 겔보기 분자량 계수를 가질 수 있는 BPXTEN 조성물을 가져올 수 있다. 예를 들어, 연장된 반감기가 요구되는 치료적 응용에서는, 높은 유체역학적 반경을 갖는 XTEN이 하나 이상의 BP를 포함하는 융합 단백질 내로 도입된 조성물은 조성물의 유체역학적 반경을 대략 3 내지 5 nm(약 70 kDa의 겔보기 분자량에 상응함)의 사구체 구멍 크기를 넘어서 효과적으로 확대시킬 수 있으며 (Caliceti. 2003. Pharmacokinetic and biodistribution properties of poly(ethylene glycol)-protein conjugates. Adv. Drug Deliv. Rev. 55:1261-1277), 이는 순환 단백질의 감소된 신장 클리어런스를 가져온다. 단백질의 유체역학적 반경은 분자량뿐만 아니라, 형상 및 조밀화(compactness)를 포함한 구조에 의해 결정된다. 특정 이론에 의해 구애되지 않고서, XTEN은 펩티드의 개별 전하들 사이의 정전기 반발 또는 2차 구조를 부여할 잠재성이 결여된 서열 내의 특정 아미노산에 의해 부여되는 고유의 가요성으로 인해 개방 입체구조를 채택할 수 있다. XTEN 폴리펩티드의 개방되고, 연장되고, 비구조화된 입체구조는 2차 및/또는 3차 구조를 갖는 비슷한 서열 길이 및/또는 분자량의 폴리펩티드, 예컨대 통상적인 구상 단백질에 비해 상대적으로 더 큰 유체역학적 반경을 가질 수 있다. 유체역학적 반경을 결정하기 위한 방법은 당업계에 잘 알려져 있으며, 예를 들어 미국 특허 6,406,632 및 7,294,513에 기재된 바와 같은 크기 배제 크로마토그래피(SEC)의 사용에 의한 것이다. XTEN의 증가하는 길이의 추가는 유체역학적 반경, 겔보기 분자량, 및 겔보기 분자량 계수의 파라미터의 비례적인 증가를 가져오며, 이는 BPXTEN을 원하는 특징적인 컷오프 겔보기 분자량 또는 유체역학적 반경으로 조정할 수 있게 한다. 따라서, 특정 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질은 융합 단백질이 적어도 약 5 nm, 또는 적어도 약 8 nm, 또는 적어도 약 10 nm, 또는 12 nm, 또는 적어도 약 15 nm의 유체역학적 반경을 가질 수 있도록 하는 XTEN으로 구성될 수 있다. 전술한 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질 내의 XTEN에 의해 부여되는 큰 유체역학적 반경은 생성되는 융합 단백질의 감소된 신장 클리어런스로 이어질 수 있으며, 이는 최종 반감기의 상응하는 증가, 평균 체류 시간의 증가, 및/또는 신장 클리어런스의 감소로 이어질 수 있다.

[0256] 일부 구현예에서, 선택된 길이 및 서열의 XTEN이 BPXTEN 내로 선택적으로 도입되어, 생리학적 조건 하에서 적어도 약 150 kDa, 또는 적어도 약 300 kDa, 또는 적어도 약 400 kDa, 또는 적어도 약 500 kDa, 또는 적어도 약 600 kDa, 또는 적어도 약 700 kDa, 또는 적어도 약 800 kDa, 또는 적어도 약 900 kDa, 또는 적어도 약 1000 kDa, 또는 적어도 약 1200 kDa, 또는 적어도 약 1500 kDa, 또는 적어도 약 1800 kDa, 또는 적어도 약 2000 kDa, 또는 적어도 약 2300 kDa 또는 그 이상의 겔보기 분자량을 가질 융합 단백질을 생성할 수 있다. 일부 구현예에서, 선택된 길이 및 서열의 XTEN이 BP에 선택적으로 연결되어, 생리학적 조건 하에서 적어도 3, 대안적으로 적어도 4, 대안적으로 적어도 5, 대안적으로 적어도 6, 대안적으로 적어도 7, 대안적으로 적어도 8, 대안적으로 적어도 9, 대안적으로 적어도 10, 대안적으로 적어도 15의 겔보기 분자량 계수, 또는 적어도 20 또는 그 이상의 겔보기 분자량 계수를 갖는 BPXTEN 융합 단백질을 생성할 수 있다. 일부 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질은, 생리학적 조건 하에서, 융합 단백질의 실제 분자량에 대해 약 4 내지 약 20, 또는 약 6 내지 약 15, 또는 약 8 내지 약 12, 또는 약 9 내지 약 10인 겔보기 분자량 계수를 갖는다. 일부 구현예에서, (융합) 폴리펩티드는 생리학적 조건 하에서의 겔보기 분자량 계수가 약 6 초과를 나타낸다.

[0257] **증가된 최종 반감기**

[0258] 일부 구현예에서, (융합) 폴리펩티드는 어떠한 XTEN에도 연결되지 않은 생물학적 활성 폴리펩티드에 비하여 적어도 2배 더 길거나, 적어도 3배 더 길거나, 적어도 4배 더 길거나, 적어도 5배 더 긴 최종 반감기를 갖는다. 일부 구현예에서, (융합) 폴리펩티드는 어떠한 XTEN에도 연결되지 않은 생물학적 활성 폴리펩티드에 비하여 적어도 2배 더 긴 최종 반감기를 갖는다.

[0259] 본 명세서에 기재된 BPXTEN 융합 단백질의 임의의 구현예의 치료적 유효 용량을 이를 필요로 하는 대상체에게 투여함으로써, 대상체에게 비슷한 용량으로 투여되는, XTEN에 연결되지 않은 상응하는 BP에 비하여 융합 단백질에 대한 치료적 이내에서의 소요 시간 이득(gain in time spent)이 적어도 2배, 또는 적어도 3배, 또는 적어도 4배, 또는 적어도 5배 또는 그 이상이 될 수 있다.

[0260] **낮은 면역원성**

- [0261] 일부 구현예에서, 본 발명은, XTEN 서열이 낮은 정도의 면역원성을 갖거나 실질적으로 비면역원성인 조성물을 제공한다. 몇몇 인자가 XTEN의 낮은 면역원성에 기여할 수 있는데, 이에는, 예를 들어 실질적으로 비반복적인 서열, 비구조화된 입체구조, 높은 정도의 용해성, 낮은 정도의 또는 결여된 자가-응집, 서열 내의 낮은 정도의 또는 결여된 단백질 분해 부위, 및 XTEN 서열 내의 낮은 정도의 또는 결여된 에피토프가 있다.
- [0262] 당업자는, 일반적으로, 고도로 반복적인 짧은 아미노산 서열(예를 들어, 여기서는 200-아미노산-긴 서열이 평균 20개의 반복부 또는 그 이상의 제한된 세트의 3량체 또는 4량체를 함유함)을 갖고/갖거나 연속 반복적 아미노산 잔기(예를 들어, 여기서는 5량체 또는 6량체 서열이 동일한 아미노산 잔기를 가짐)를 갖는 폴리펩티드는 응집되거나 더 고차의 구조를 형성하거나 접촉부를 형성하여, 그 결과 결정질 또는 유사결정질 구조를 가져오는 경향이 있다는 것을 이해할 것이다.
- [0263] 일부 구현예에서, XTEN 서열은 실질적으로 비반복적인데, 여기서는 (1) XTEN 서열이, 아미노산이 세린이 아닌, 동일한 아미노산 유형인 3개의 연속 아미노산을 갖지 않으며(이때, 아미노산이 세린인 경우에는, 3개 이하의 연속 아미노산이 세린 잔기일 수 있음); (2) XTEN이 XTEN의 200-아미노산-길이 서열 이내에서 16회 초과, 14회 초과, 12회 초과, 또는 10회 초과로 발생하는 3-아미노산 서열(3량체)을 함유하지 않는다. 당업자는 그러한 실질적으로 비반복적인 서열이 응집에 대한 경향이 더 적고, 이에 따라, 서열 또는 아미노산 잔기가 달리 더 반복적이었던 응집될 가능성이 높았을 하전된 아미노산의 빈도가 비교적 낮은 긴-서열 XTEN의 설계를 가능하게 할 수 있다는 것을 이해할 것이다.
- [0264] 입체구조 에피토프가 단백질 항원의 다수의 불연속 아미노산 서열로 구성되는 단백질 표면의 영역에 의해 형성된다. 단백질의 정확한 접힘은 이들 서열이 명확하고 안정한 공간적 배치, 또는 에피토프가 되게 하는데, 이는 숙주 체액성 면역계에 의해 "외래물질"로 인식될 수 있고, 그 결과 그 단백질에 대한 항체의 생성으로 이어지거나 세포-매개 면역 반응을 촉발시키게 된다. 후자의 경우, 개체에서의 단백질에 대한 면역 반응은 그러한 개체의 HLA-DR 동종이인자형(allo type)의 펩티드 결합 특이성의 기능인 T-세포 에피토프 인식에 의해 큰 영향을 받는다. 특정한 다른 공동수용체, 예컨대 CD4 분자의 가교결합과 함께, T-세포의 표면 상의 동종 T-세포 수용체에 의한 MHC 클래스 II 펩티드 복합체의 인게이지먼트는 T-세포 내에서 활성화된 상태를 유도할 수 있다. 활성화는 사이토카인의 방출로 이어지고, 이는 기타 다른 림프구, 예컨대 B 세포를 추가로 활성화하여 항체를 생성하거나, 완전 세포 면역 반응으로서 T 살해 세포를 활성화한다.
- [0265] APC(항원 제시 세포)의 표면 상의 제시를 위한 주어진 MHC 클래스 II 분자에 결합할 수 있는 펩티드의 능력은 다수의 인자, 가장 특히 그의 1차 서열에 의존한다. 일 구현예에서, 더 낮은 정도의 면역원성은 항원 제시 세포에서 항원 프로세싱에 저항하는 XTEN 서열을 설계하고/하거나 MHC 수용체에 잘 결합하지 않는 서열을 선택함으로써 달성될 수 있다. 본 발명은, MHC II 수용체와의 결합을 감소시킬 뿐만 아니라, T-세포 수용체 또는 항체 결합을 위한 에피토프의 형성을 피하여 낮은 정도의 면역원성을 가져오도록 설계된 실질적으로 비반복적인 XTEN 폴리펩티드를 갖는 BPXTEN 융합 단백질을 제공한다. 면역원성의 회피는, 부분적으로는, XTEN 서열의 입체구조 가요성, 즉, 아미노산 잔기의 선택 및 순서로 인한 2차 구조의 결여의 직접적인 결과이다. 예를 들어, 수용액 중에서 또는 생리학 조건 하에서 조밀하게 접힌 입체구조(이는 결과적으로 입체구조 에피토프를 생성할 수 있음)로 변경될 경향이 낮은 서열이 특히 흥미롭다. 통상적인 치료 실무 및 투여를 사용한, XTEN을 포함하는 융합 단백질의 투여는 일반적으로 XTEN 서열에 대한 중화 항체의 형성을 가져오지 않을 것이며, 또한 BPXTEN 조성물 내의 BP 융합 파트너의 면역원성을 감소시킬 수 있다.
- [0266] 일 구현예에서, 대상 융합 단백질에 이용되는 XTEN 서열에는 인간 T 세포에 의해 인식되는 에피토프가 실질적으로 없을 수 있다. 덜 면역원성인 단백질을 생성하려는 목적으로 수행되는 그러한 에피토프의 제거는 이미 개시되어 있으며; 예를 들어, WO 98/52976, WO 02/079232, 및 WO 00/3317를 참조하며, 이들은 본 명세서에 참고로 포함된다. 인간 T 세포 에피토프에 대한 검정이 기재되어 있다(Stickler, M., *et al.* (2003) *J Immunol Methods*, 281: 95-108). T 세포 에피토프 또는 비인간 서열을 생성하지 않고서 올리고머화될 수 있는 펩티드 서열이 특히 흥미롭다. 이는, T-세포 에피토프의 존재에 대해 그리고 인간이 아닌 6량체 내지 15량체, 특히 9량체 서열의 발생에 대해 이들 서열의 직접 반복부를 시험하고, 이어서 XTEN 서열의 설계를 변경시켜 에피토프 서열을 제거하거나 파괴함으로써 달성될 수 있다. 일부 경우에, XTEN 서열은 MHC 수용체에 결합할 것으로 예측되는 XTEN의 에피토프의 수의 제한에 의해 실질적으로 비면역원성이다. MHC 수용체에 결합할 수 있는 에피토프의 수의 감소로, T 세포 활성화뿐만 아니라 T 세포 헬퍼 기능에 대한 잠재성의 감소, 감소된 B 세포 활성화 또는 상향조절 및 감소된 항체 생성이 수반된다. 낮은 정도의 예측된 T-세포 에피토프는, 전체적으로 참고로 포함되는 국제 특허 출원 공개 WO 2010/144502 A2의 실시예 74에 나타난 바와 같이, 에피토프 예측 알고리즘, 예컨대 TEPITOPE(Sturniolo, T., *et al.* (1999) *Nat Biotechnol*, 17: 555-61)에 의해 결정될 수 있다. 단백질 내의 주

어진 펩티드 프레임의 TEPITOPE 점수는, 문헌[Sturniolo, T. *et al.* (1999) *Nature Biotechnology* 17:555]에 개시된 바와 같이, 다양한 가장 일반적인 인간 MHC 대립유전자에 대한 그러한 펩티드 프레임의 결합의 K_d (해리 상수, 친화도, 해리-속도(off-rate))의 로그이다. 이 점수는 약 10부터 약 -10까지($10e^{10} K_d$ 내지 $10e^{-10} K_d$ 의 결합 구속에 상응함)까지 적어도 20 로그에 걸쳐 있고, MHC 상의 펩티드 디스플레이 동안 앵커 잔기로서의 역할을 할 수 있는 소수성 아미노산, 예컨대 M, I, L, V, 또는 F를 포함으로써 감소될 수 있다. 일부 구현예에서, BPXTEN 내로 도입된 XTEN 성분은 약 -5 이상, 또는 -6 이상, 또는 -7 이상, 또는 -8 이상의 TEPITOPE 점수에서 또는 -9 이상의 TEPITOPE 점수에서 예측된 T-세포 에피토프를 갖지 않는다. 본 명세서에 사용되는 바와 같이, "-9 이상"의 점수는 10 내지 -9(종점 포함)의 TEPITOPE 점수를 포함할 것이지만, -10의 점수는, -10은 -9보다 작기 때문에 포함하지 않을 것이다.

[0267] 일부 구현예에서, 본 발명의 XTEN 서열(대상 BPXTEN 융합 단백질 내로 도입된 XTEN 서열을 포함함)은 XTEN의 서열로부터의 알려진 단백질 분해 부위를 제한하여 MHC II 수용체에 결합할 수 있는 작은 펩티드로의 XTEN의 프로세스를 감소시킴으로써 실질적으로 비면역원성을 갖게 될 수 있다. 일부 구현예에서, XTEN 서열은 2차 구조의 높은 엔트로피로 인해 많은 프로테아제들에 대해 저항성을 부여하는 2차 구조를 실질적으로 갖지 않는 서열의 사용에 의해 실질적으로 비면역원성을 갖게 될 수 있다. 따라서, 감소된 TEPITOPE 점수 및 XTEN으로부터의 알려진 단백질 분해 부위의 제거는 BPXTEN 융합 단백질 조성물의 XTEN을 포함하는 XTEN 조성물이 면역계의 수용체를 포함한 포유류 수용체에 의해 실질적으로 결합될 수 없게 할 수 있다. 일 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질의 XTEN은 포유류 수용체에 대한 결합이 100 nM K_d 초과이거나, 또는 포유류 세포 표면 또는 순환 폴리펩티드 수용체에 대한 결합이 500 nM K_d 초과 또는 1 μ M K_d 초과일 수 있다.

[0268] 추가적으로, XTEN의 그러한 구현예의 실질적으로 비반복적인 서열 및 상응하는 에피토프의 결합은 XTEN에 결합하거나 XTEN에 의해 활성화될 수 있는 B 세포의 능력을 제한할 수 있다. XTEN이 그의 연장된 서열에 걸쳐 많은 상이한 B 세포와의 접촉부를 형성할 수 있지만, 각 개별 B 세포는 단지 개별 XTEN과의 1개 또는 소수의 접촉부를 형성할 수 있을 뿐이다. 결과적으로, XTEN은 통상적으로, B 세포의 증식을 자극하여 면역 반응을 자극하는 경향이 훨씬 더 낮을 수 있다. 일 구현예에서, BPXTEN은 융합되지 않은 상응하는 BP에 비해 감소된 면역원성을 가질 수 있다. 일 구현예에서, 포유동물에 대한 최대 3회의 비경구 용량의 BPXTEN의 투여는 1:100의 혈청 희석률에서는 검출 가능한 항-BPXTEN IgG를 생성시킬 수 있지만, 1:1000의 희석률에서는 그렇지 않을 수 있다. 일부 구현예에서, 포유동물에 대한 최대 3회의 비경구 용량의 BPXTEN의 투여는 1:100의 혈청 희석률에서는 검출 가능한 항-BP IgG를 생성시킬 수 있지만, 1:1000의 희석률에서는 그렇지 않을 수 있다. 일부 구현예에서, 포유동물에 대한 최대 3회의 비경구 용량의 BPXTEN의 투여는 1:100의 혈청 희석률에서는 검출 가능한 항-XTEN IgG를 생성시킬 수 있지만, 1:1000의 희석률에서는 그렇지 않을 수 있다. 전술한 구현예에서, 포유동물은 마우스, 래트, 토끼, 또는 사이노몰거스 원숭이일 수 있다.

[0269] 덜 비반복적인 서열(예컨대, 동일한 3개의 연속 아미노산을 갖는 것)에 비해 실질적으로 비반복적인 서열을 갖는 XTEN의 특정 구현예의 추가의 특징은 비반복적 XTEN이 항체와의 더 약한 접촉부를 형성할 수 있으며(예를 들어, 1가 상호작용), 이로써 면역 클리어런스의 가능성이 더 적어지게 되어 BPXTEN 조성물이 증가된 기간 동안 순환 중에 남아 있을 수 있게 된다는 것이다.

[0270] 일부 구현예에서, (융합) 폴리펩티드는 어떠한 XTEN에도 연결되지 않은 생물학적 활성 폴리펩티드에 비해 덜 면역원성인데, 여기서 면역원성은 대상체에 대한 비슷한 용량의 투여 후에 생물학적 활성 폴리펩티드에 선택적으로 결합하는 IgG 항체의 생성을 측정함으로써 확인된다.

[0271] **스페이스 및 BP 방출 세그먼트**

[0272] 일부 구현예에서, 각각의 BP의 생물학적 활성의 적어도 일부분이 온전한 BPXTEN에 의해 보유된다. 일부 구현예에서, BP 성분은, 하기에 더 충분히 기재된 바와 같이, BPXTEN 내로 스페이스 서열 내에 도입된 선택적인 절단 서열의 절단에 의한 XTEN으로부터의 그의 방출 시에 생물학적으로 활성이 되거나 생물학적 활성의 증가를 갖는다.

[0273] 본 발명에 의해 포함되는 융합 단백질에서는 임의의 스페이스 서열군이 선택적이다. 스페이스는, BP 성분이 그의 원하는 3차 구조를 취할 수 있고/있거나 그의 표적 분자와 적절하게 상호작용할 수 있도록 입체 장애를 감소시키기 위해 또는 숙주 세포로부터의 융합 단백질의 발현을 향상시키기 위해 제공될 수 있다. 스페이스, 및 바람직한 스페이스를 확인하는 방법에 대해서는, 예를 들어, 본 명세서에 참고로 구체적으로 도입되는 문헌

[George, *et al.* (2003) *Protein Engineering* 15:871-879]을 참조한다. 일 구현예에서, 스페이서는 1 내지 50 개의 아미노산 잔기 길이, 또는 약 1 내지 25개의 잔기 길이, 또는 약 1 내지 10개의 잔기 길이의 하나 이상의 펩티드 서열을 포함한다. 절단 부위를 제외한 스페이서 서열은 20종의 천연 L-아미노산들 중 임의의 것을 포함할 수 있으며, 바람직하게는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)을 포함할 수 있지만 이로 한정되지 않는, 입체적으로 장애가 되지 않는 친수성 아미노산을 포함할 것이다. 일부 구현예에서, 스페이서는 폴리글리신 또는 폴리알라닌일 수 있거나, 주로 글리신 잔기와 알라닌 잔기의 조합의 혼합일 수 있다. 절단 서열을 제외하면 스페이서 폴리펩티드에는 대체로 2차 구조가 실질적으로 없다. 일 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질 조성물 내의 하나 또는 둘 모두의 스페이서 서열은 각각 동일하거나 상이할 수 있는 절단 서열을 추가로 함유할 수 있으며, 여기서는 절단 서열에 프로테아제가 작용하여 융합 단백질로부터 BP를 방출할 수 있다.

[0274]

일부 경우에, BPXTEN 내로의 절단 서열의 도입은 BP의 방출을 가능하게 하도록 설계되는데, 이러한 BP는 XTEN으로부터의 그의 방출 시에 활성이게 되거나 또는 더 활성이게 된다. 절단 서열은 BP 서열에 충분히 가깝게, 일반적으로 BP 서열 말단의 18개의 아미노산 이내, 또는 12개의 아미노산 이내, 또는 6개의 아미노산 이내, 또는 2개의 아미노산 이내에 위치하여, 절단 후에 BP에 부착된 임의의 남아 있는 잔기가 BP의 활성(예를 들어, 수용체에 대한 결합)을 크게 방해하지 않도록 하여, 여전히 절단 서열의 절단을 달성할 수 있도록 프로테아제에 대한 충분한 접근을 제공하도록 한다. 일부 구현예에서, 절단 부위는 포유류 대상체에 대해 내인성인 프로테아제에 의해 절단될 수 있는 서열로서, BPXTEN이 대상체에게 투여된 후에 절단될 수 있도록 한다. 그러한 경우에, BPXTEN은 BP에 대한 전구약물 또는 순환 데포(depot)로서의 역할을 할 수 있다. 본 발명에 의해 고려되는 절단 부위의 예에는 FXIa, FXIIa, 칼리크레인(Kallikrein), FVIIa, FIXa, FXa, FIIa(트롬빈), 엘라스타제(Elastase)-2, 그랜자임 B, MMP-12, MMP-13, MMP-17 또는 MMP-20인 포유류 내인성 프로테아제에 의해 절단 가능한 폴리펩티드 서열, 또는 비포유류 프로테아제, 예컨대 TEV, 엔테로키나제, PreScission™ 프로테아제(리노바이러스 3C 프로테아제), 또는 소르타제 A에 의해 절단 가능한 폴리펩티드 서열이 포함되지만 이로 한정되지 않는다. 전술한 프로테아제에 의해 절단될 수 있는 것으로 알려진 서열은 당업계에 알려져 있다. 예시적인 절단 서열 및 그러한 서열 내의 절단 부위가 **표 7a**에 제시되어 있으며, 이뿐만 아니라 서열 변이체도 제시되어 있다. 예를 들어, 트롬빈(활성화된 응고 인자 II)이 서열 LTPRSLLV(서열 번호 222)에 작용하며(Rawlings N.D., *et al.* (2008) *Nucleic Acids Res.*, **36**: D320), 이는 서열 내의 위치 4의 아르기닌 다음에서 절단될 것이다. 활성 FIIa는 인지질 및 칼슘의 존재 하에서 FXa에 의한 FII의 절단에 의해 생성되고, 응고 경로에서 인자 IX로부터 하류에 있다. 일단 활성화되면, 응고에서의 그의 본래의 역할은 피브리노겐을 절단하는 것이며, 이는 이어서 결국, 혈병 형성을 시작한다. FIIa 활성화는 엄격히 제어되고, 응고가 적절한 항상성을 위해 필요할 때에만 발생한다. 그러나, 응고가 포유동물에서는 진행중인 과정(on-going process)이기 때문에, BPXTEN 내로 BP와 XTEN 사이에 LTPRSLLV(서열 번호 222) 서열을 도입함으로써, XTEN 도메인은 생리학적으로 응고가 요구될 때 외인성 응고 경로 또는 내인성 응고 경로 중 어느 하나의 활성화와 동시에, 인접한 BP로부터 제거되고, 그럼으로써 시간 경과에 따라 BP를 방출할 것이다. 유사하게, 내인성 프로테아제가 작용하는 BPXTEN 내로의 기타 다른 서열의 도입은 BP의 지속된 방출을 제공할 것이며, 이는 특정 경우에 BPXTEN의 “전구약물” 형태로부터의 BP에 대해 더 높은 정도의 활성을 제공할 수 있다.

[0275]

일부 경우에, 절단 부위의 양쪽을 플랭킹하는 단지 2개 또는 3개의 아미노산(총 4 내지 6개의 아미노산)이 절단 서열 내로 도입될 것이다. 다른 경우에, 기지의 절단 서열은 기지의 서열에서 임의의 1개 또는 2개 또는 3개의 아미노산에 대해 하나 이상의 결실 또는 삽입 또는 1개 또는 2개 또는 3개의 아미노산 치환을 가질 수 있으며, 여기서 결실, 삽입 또는 치환은 감소된 또는 향상된 민감성을 가져오지만, 프로테아제에 대한 민감성의 부재는 발생되지 않으며, 그 결과 XTEN으로부터의 BP의 방출 속도를 조정하는 능력이 얻어질 수 있다. 예시적인 치환이 **표 7a**에 제시되어 있다.

[0276] [표 7a] BP 방출을 위한 프로테아제 절단 서열

서열에 작용하는 프로테아제	서열 번호	예시적인 절단 서열	서열 번호	최소한의 절단 부위*
FXIa	224	KLTR↓VVG	244	KD/FL/TR↓VA/VE/GT/GV
FXIIa	225	TMTR↓IVGG	NA	NA
칼리그레인	226	SPFR↓STGG	245	-/-/FL/RY↓SR/RT/-/-
FVIIa	227	LQVR↓IVGG	NA	NA
FIXa	228	PLGR↓IVGG	247	-/-/G/R↓-/-/-/-
FXa	229	IEGR↓TVGG	248	IA/E/GFP/R↓STI/VFS/-/G
FIIa (트롬빈)	230	LTPR↓SLLV	249	-/-/PLA/R↓SAG/-/-/-
엘라스타제2	231	LGPR↓SGVP	250	-/-/VIAT↓-/-/-/-
그랜자임-B	232	VAGD↓SLEE	251	V/-/-/D↓-/-/-/-
MMP-12	233	GPAG↓LGA	241	G/PA/-/G↓L/-/G/- (SEQ ID NO: 241)
MMP-13	234	GPAG↓LRGA	242	G/P/-/G↓L/-/GA/- (SEQ ID NO: 242)
MMP-17	235	APLG↓LRLR	252	-/PS/-/-↓LQ/-/LT/-
MMP-20	236	PALP↓LVAQ	NA	NA
TEV	237	ENLYFQ↓G	243	ENLYFQ↓GS
엔테로키나제	238	DDDK↓IVGG	238	DDDK↓IVGG
프로테아제3C (PreScission™)	239	LEVLFQ↓GP	239	LEVLFQ↓GP
소르타제	240	LPKT↓GSES	246	L/P/KEAD/T↓G/-/EKS/S

[0277]

[0278] ↓는 절단 부위를 나타내고;

[0279] NA: 적용 불가;

[0280] * 슬래시 앞, 사이, 또는 뒤에 오는 다수의 아미노산의 목록은 그 위치에서 치환될 수 있는 대체 아미노산을 나타내고;

[0281] "-"는 임의의 아미노산이 중간열에 나타난 상응하는 아미노산 대신 치환될 수 있음을 나타낸다.

[0282] 일부 구현예에서, BPXTEN 융합 단백질은 프로테아제가 작용될 때 융합 단백질로부터 BP를 방출하도록 구성된 하나 이상의 절단 서열을 추가로 포함할 수 있는 스페이서 서열을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 절단 서열은 표 7a로부터의 서열과 적어도 약 80%(예를 들어, 적어도 약 85%, 적어도 약 90%, 적어도 약 95%, 적어도 약 96%, 적어도 약 97%, 적어도 약 98%, 적어도 약 99%, 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 서열일 수 있다.

[0283] 일부 구현예에서, 본 발명은 질병 조직, 또는 질병 조직 부근에서 발견된 세포와 회합되거나 그에 의해 생성된 하나 이상의 포유류 프로테아제에 대한 기질인 BP 방출 세그먼트 펩티드(또는 방출 세그먼트(RS))를 제공한다. 그러한 프로테아제는 금속단백질분해효소, 시스테인 프로테아제, 아스파르트레이트 프로테아제, 및 세린 프로테아제와 같은 프로테아제의 부류를 포함할 수 있지만 이로 한정되지 않으며, 이는 표 7b의 프로테아제가 포함되지만 이로 한정되지 않는다. RS는 대상 재조합 폴리펩티드 내로의 도입에 있어서 다른 무엇보다도 특히 유용한데, 이러한 도입은 전구약물 포맷을 부여하며, 이러한 전구약물 포맷은 포유류 프로테아제에 의한 RS의 절단에 의해 활성화될 수 있다. 본 명세서에 기재되는 바와 같이, RS는 대상 재조합 폴리펩티드 조성물 내로 도입되어, 도입된 결합 모이어티를 XTEN(이의 배치는 하기에 더 충분히 기재됨)에 연결시키며, 그럼으로써 RS가 기질이 되는 하나 이상의 프로테아제의 작용에 의한 RS의 절단 시에, 결합 모이어티 및 XTEN이 조성물로부터 방출되고, 더 이상 XTEN에 의해 차폐되지 않는 결합 모이어티는 그들의 리간드에 결합하는 그들의 완전한 잠재성을 회복하게 된다. 제1 및 제2 항체 단편을 포함하는 재조합 폴리펩티드 조성물에서, 이러한 조성물은 본 명세서에서 활성화 가능한 항체 조성물(AAC)로도 지칭된다.

[0284] [표 7b] 표적 조직의 프로테아제

프로테아제 부류	프로테아제
금속단백질분해효소	메프린(Meprin)
	네프릴리신(Neprilysin)(CD10)
	PSMA
	BMP-1
	디스인테그린 및 금속단백질분해효소(ADAM)
	ADAM8
	ADAM9
	ADAM10
	ADAM12
	ADAM15
	ADAM17(TACE)
	ADAM19
	ADAM28(MDC-L)
	트롬보스폰딘 모티프를 갖는 ADAM(ADAMTS)
	ADAMTS1
	ADAMTS4
	ADAMTS5
	기질 금속단백질분해효소(MMP)
	MMP-1(콜라게나제 1)
	MMP-2(젤라티나제 A)
	MMP-3(m1)
	MMP-7(마트릴리신 1)
	MMP-8(콜라게나제 2)
	MMP-9(젤라티나제 B)
	MMP-10(스트로멜리신 2)
	MMP-11(스트로멜리신 3)
	MMP-12(대식세포 엘라스타제)
	MMP-13(콜라게나제 3)
	MMP-14(MT1-MMP)
	MMP-15(MT2-MMP)
	MMP-19
	MMP-23(CA-MMP)
	MMP-24(MT5-MMP)
	MMP-26(마트릴리신 2)
	MMP-27(CMMP)
시스테인	레구마인
프로테아제	시스테인 카텝신

[0285]

프로테아제 부류	프로테아제
	카텝신 B
	카텝신 C
	카텝신 K
	카텝신 L
	카텝신 S
	카텝신 X
아스파르테이트 프로테아제	카텝신 D
	카텝신 E
	세크레타제
세린 프로테아제	우로키나제(uPA)
	조직-유형 플라스미노겐 활성화 인자(tPA)
	플라스민
	트롬빈
	전립선-특이적 항원(PSA, KLK3)
	인간 호중구 엘라스타제(HNE)
	엘라스타제
	트립타제
	II 형 막관통 세린 프로테아제(TTSPs)
	DESC1
	헵신(HPN)
	마트립타제
	마트립타제-2
	TMPRSS2
	TMPRSS3
	TMPRSS4(CAP2)
	섬유아세포 활성화 단백질(FAP)
	칼리크레인-관련 펩티다제(KLK 패밀리)
	KLK4
	KLK5
	KLK6
	KLK7
	KLK8
	KLK10
	KLK11
	KLK13
	KLK14

[0286]

[0287]

일 구현예에서, 본 발명은, 최적으로 정렬될 때, 본 명세서에서 **표 8a**에 제시된 서열에 의해 확인된 서열과 적어도 88%, 또는 적어도 94%, 또는 100% 서열 동일성을 갖는 제1 방출 세그먼트(RS1) 서열을 포함하는 활성화 가능한 재조합 폴리펩티드를 제공하며, 여기서 RS1은 하나 이상의 포유류 프로테아제에 대한 기질이다. 다른 구현예에서, 본 발명은, 최적으로 정렬될 때, 본 명세서에서 **표 8a**에 제시된 서열에 의해 확인된 서열과 적어도 88%, 또는 적어도 94%, 또는 100% 서열 동일성을 각각 갖는 RS1 및 제2 방출 세그먼트(RS2) 서열을 포함하는 활성화 가능한 재조합 폴리펩티드를 제공하며, 여기서 RS1 및 RS2 각각은 하나 이상의 포유류 프로테아제에 대한 기질이다. 일부 구현예에서, 본 발명은, 최적으로 정렬될 때, 본 명세서에서 **표 8b**에 제시된 서열에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 적어도 93%, 적어도 97%, 또는 100% 동일성을 갖는 제1 RS(RS1) 서열을 포함하는 활성화 가능한 재조합 폴리펩티드를 제공하며, 여기서 RS는 하나 이상의 포유류 프로테아제에 대한 기질이다. 다른 구현예에서, 본 발명은, 최적으로 정렬될 때, 본 명세서에서 **표 8b**에 제시된 서열에 의해 확인된 서열과 적어도 88%, 또는 적어도 94%, 또는 100% 서열 동일성을 각각 갖는 RS1 및 제2 방출 세그먼트(RS2) 서열을 포함하는 활성화 가능한 재조합 폴리펩티드를 제공하며, 여기서 RS1 및 RS2 각각은 (예를 들어, 각각의 방출 세그먼트 서열 내의 1개, 2개, 또는 3개의 절단 부위에서의) 하나 이상의 포유류 프로테아제에 대한 기질이다. RS1 및 RS2를 포함하는 활성화 가능한 재조합 폴리펩티드의 구현예에서, 2개의 방출 세그먼트는 동일할 수 있거나 이들 서열

은 상이할 수 있다.

[0288]

본 발명은, **표 7b**의 프로테아제를 포함한, 금속단백질분해효소, 시스테인 프로테아제, 아스파르테이트 프로테아제, 또는 세린 프로테아제인 1가지, 2가지 또는 3가지 상이한 부류의 프로테아제에 대한 기질인 방출 세그먼트를 고려한다. 특별한 특징에서, RS는, 비제한적으로 종양, 암 세포, 및 염증성 조직과 같은 질병 조직 또는 세포와의 근접 회합에서 발견되거나 그와 공동국재화된(co-localized) 프로테아제에 대한 기질로서의 역할을 하며, RS의 절단 시에, 그렇지 않으면 대상 재조합 폴리펩티드 조성물의 XTEN에 의해 차폐되는(그리고 이에 따라 그들 각각의 리간드에 대해 더 낮은 결합 친화도를 갖는) 결합 모이어티가 조성물로부터 방출되고, 표적 및/또는 이펙터 세포 리간드에 결합하는 그들의 완전한 잠재성을 회복한다. 일부 구현예에서, 대상 재조합 폴리펩티드 조성물의 RS는 **표 7b**의 프로테아제를 포함하지만 이로 한정되지 않는 표적화된 세포 내에 위치한 세포 프로테아제에 대한 기질인 아미노산 서열을 포함한다. 대상 재조합 폴리펩티드 조성물의 또 다른 특별한 특징에서, 2가지 또는 3가지 부류의 프로테아제에 대한 기질인 RS를 상이한 프로테아제에 의해 RS 서열의 상이한 위치에서 절단될 수 있는 서열을 사용하여 설계하였다. 따라서, 2가지, 3가지, 또는 그 이상의 부류의 프로테아제에 대한 기질인 RS는 RS 서열 내에 2개, 3개, 또는 복수의 별개의 절단 부위를 갖지만, 그럼에도 불구하고 단일 프로테아제에 의한 절단은 RS를 포함하는 재조합 폴리펩티드 조성물로부터의 결합 모이어티 및 XTEN의 방출을 가져온다.

[0289]

일 구현예에서, 대상 재조합 폴리펩티드 조성물 내로의 도입을 위한 본 발명의 RS는 메프린, 네프릴리신(CD10), PSMA, BMP-1, A 디스인테그린 및 금속단백질분해효소(ADAM), ADAM8, ADAM9, ADAM10, ADAM12, ADAM15, ADAM17(TACE), ADAM19, ADAM28(MDC-L), ADAM with 트롬보스폰딘 모티프(ADAMTS), ADAMTS1, ADAMTS4, ADAMTS5, MMP-1(콜라게나제 1), 기질 금속단백질분해효소-1(MMP-1), 기질 금속단백질분해효소-2(MMP-2, 젤라티나제 A), 기질 금속단백질분해효소-3(MMP-3, 스트로멜리신 1), 기질 금속단백질분해효소-7(MMP-7, 마트릴리신 1), 기질 금속단백질분해효소-8(MMP-8, 콜라게나제 2), 기질 금속단백질분해효소-9(MMP-9, 젤라티나제 B), 기질 금속단백질분해효소-10(MMP-10, 스트로멜리신 2), 기질 금속단백질분해효소-11(MMP-11, 스트로멜리신 3), 기질 금속단백질분해효소-12(MMP-12, 대식세포 엘라스타제), 기질 금속단백질분해효소-13(MMP-13, 콜라게나제 3), 기질 금속단백질분해효소-14(MMP-14, MT1-MMP), 기질 금속단백질분해효소-15(MMP-15, MT2-MMP), 기질 금속단백질분해효소-19(MMP-19), 기질 금속단백질분해효소-23(MMP-23, CA-MMP), 기질 금속단백질분해효소-24(MMP-24, MT5-MMP), 기질 금속단백질분해효소-26(MMP-26, 마트릴리신 2), 기질 금속단백질분해효소-27(MMP-27, CMMP), 레구마인, 카텝신 B, 카텝신 C, 카텝신 K, 카텝신 L, 카텝신 S, 카텝신 X, 카텝신 D, 카텝신 E, 세크레타제, 우로키나제(uPA), 조직-유형 플라스미노겐 활성화 인자(tPA), 플라스민, 트롬빈, 전립선-특이적 항원(PSA, KLK3), 인간 호중구 엘라스타제(HNE), 엘라스타제, 트립타제, II형 막관통 세린 프로테아제(TTSPs), DESC1, 헵신(HPN), 마트립타제, 마트립타제-2, TMPRSS2, TMPRSS3, TMPRSS4(CAP2), 섬유아세포 활성화 단백질(FAP), 칼리크레인-관련 펩티다제(KLK 패밀리), KLK4, KLK5, KLK6, KLK7, KLK8, KLK10, KLK11, KLK13, 및 KLK14를 포함하지만 이로 한정되지 않는 하나 이상의 프로테아제에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 ADAM17에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 BMP-1에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 카텝신에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 HtrA1에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 레구마인에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 MMP-1에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 MMP-2에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 MMP-7에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 MMP-9에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 MMP-11에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 MMP-14에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 uPA에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 마트립타제에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 MT-SP1에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 호중구 엘라스타제에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 트롬빈에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 TMPRSS3에 대한 기질이다. 일 구현예에서, RS는 TMPRSS4에 대한 기질이다. 일 구현예에서, 대상 재조합 폴리펩티드 조성물의 RS는 레구마인, MMP-1, MMP-2, MMP-7, MMP-9, MMP-11, MMP-14, uPA, 및 마트립타제를 포함하지만 이로 한정되지 않는 적어도 2개의 프로테아제에 대한 기질이다. 일부 구현예에서, 대상 재조합 폴리펩티드 조성물의 RS는 레구마인, MMP-1, MMP-2, MMP-7, MMP-9, MMP-11, MMP-14, uPA, 및 마트립타제에 대한 기질이다.

[0290] [표 8a] BP 방출 세그먼트 서열.

명칭	작제물 ID	아미노산 서열	서열 번호
RSR-1517	AC1611	EAGRSANHEPLGLVAT	7001
BSRS-A1-1	AC1605	ASGRSTNAGPSGLAGP	7002
BSRS-A2-1	AC1606	ASGRSTNAGPQGLAGO	7003
BSRS-A3-1	AC1607	ASGRSTNAGPPGLTGP	7004
VP-1	AC1608	ASSRGTNAGPAGLTGP	7005
RSR-1752	AC1609	ASSRTINTGPSLTGP	7006
RSR-1512	AC1610	AAGRSDNGTPELVAP	7007
RSR-1517	AC1611	EAGRSANHEPLGLVAT	7008
VP-2	AC1612	ASGRGTNAGPAGLTGP	7009
RSR-1018	AC1613	LFGRNDNHEPLELGGG	7010
RSR-1053	AC1614	TAGRSDNLEPLGLVFG	7011
RSR-1059	AC1615	LDGRSDNFHPPELVAG	7012
RSR-1065	AC1616	LEGRSDNEEPENLVAG	7013
RSR-1167	AC1617	LKGRSDNNAPLALVAG	7014
RSR-1201	AC1618	VYSRGTNAGPHGLTGR	7015
RSR-1218	AC1619	ANSRGTNKGFAGLIGP	7016
RSR-1226	AC1620	ASSRLTNEAPAGLTIP	7017
RSR-1254	AC1621	DQSRGTNAGPEGLTDP	7018
RSR-1256	AC1622	ESSRGTNIGQGGLTGP	7019
RSR-1261	AC1623	SSSRGTNODPAGLTIP	7020
RSR-1293	AC1624	ASSRGQNHSPMGLTGP	7021
RSR-1309	AC1625	AYSRGPNAGPAGLEGR	7022
RSR-1326	AC1626	ASERGNNAGPANLTGF	7023
RSR-1345	AC1627	ASHRGTNPKPAILTGP	7024
RSR-1354	AC1628	MSSRRTNANPAQLTGP	7025
RSR-1426	AC1629	GAGRTDNHEPLELGAA	7026
RSR-1478	AC1630	LAGRSENTAPLELTAG	7027
RSR-1479	AC1631	LEGRPDNHEPLALVAS	7028
RSR-1496	AC1632	LSGRSDNEEPLALPAG	7029
RSR-1508	AC1633	EAGRTDNHEPLELSAP	7030
RSR-1513	AC1634	EGGRSDNHGPLELVSG	7031
RSR-1516	AC1635	LSGRSDNEAPLELEAG	7032
RSR-1524	AC1636	LGGRADNHEPPELGAG	7033
RSR-1622	AC1637	PPSRGTNAEPAGLTGE	7034
RSR-1629	AC1638	ASTRGENAGPAGLEAP	7035
RSR-1664	AC1639	ESSRGTNGAPEGLTGP	7036
RSR-1667	AC1640	ASSRATNESPAGLTGE	7037
RSR-1709	AC1641	ASSRGENPPPGGLTGP	7038
RSR-1712	AC1642	AASRGTTNTPAELTGS	7039
RSR-1727	AC1643	AGSRTTNAGPGGLEGP	7040
RSR-1754	AC1644	APSRGENAGPATLTGA	7041
RSR-1819	AC1645	ESGRAANTGPPILTAP	7042
RSR-1832	AC1646	NPGRAANEGPPGLPGS	7043
RSR-1855	AC1647	ESSRAANLTPPELTGP	7044
RSR-1911	AC1648	ASGRAANETPPGLTGA	7045
RSR-1929	AC1649	NSGRGENLGAPGLTGT	7046
RSR-1951	AC1650	TTGRAANLTPAGLTGP	7047
RSR-2295	AC1761	EAGRSANHTPAGLTGP	7048
RSR-2298	AC1762	ESGRAANTTPAGLTGP	7049
RSR-2038	AC1679	TTGRATEAANLTPAGLTGP	7050

[0291]

명칭	작제물 ID	아미노산 서열	서열 번호
RSR-2072	AC1680	TTGRAEEAANLTPAGLTGP	7051
RSR-2089	AC1681	TTGRAGEAANLTPAGLTGP	7052
RSR-2302	AC1682	TTGRATEAANATPAGLTGP	7053
RSR-3047	AC1697	TTGRAGEAEGATSAGATGP	7054
RSR-3052	AC1698	TTGEAGEAANATSAGATGP	7055
RSR-3043	AC1699	TTGEAGEAAGLTPAGLTGP	7056
RSR-3041	AC1700	TTGAAGEAANATPAGLTGP	7057
RSR-3044	AC1701	TTGRAGEAAGLTPAGLTGP	7058
RSR-3057	AC1702	TTGRAGEAANATSAGATGP	7059
RSR-3058	AC1703	TTGEAGEAAGATSAGATGP	7060
RSR-2485	AC1763	ESGRAANTEPELGGAG	7061
RSR-2486	AC1764	ESGRAANTAPEGLTGP	7062
RSR-2488	AC1688	EPGRAANHEPSGLTEG	7063
RSR-2599	AC1706	ESGRAANHTGAPPGGLTGP	7064
RSR-2706	AC1716	TTGRTGEGANATPGGLTGP	7065
RSR-2707	AC1717	RTGRSGEAANETPEGLEGP	7066
RSR-2708	AC1718	RTGRTGESANETPAGLGGP	7067
RSR-2709	AC1719	STGRTGEPANETPAGLSGP	7068
RSR-2710	AC1720	TTGRAGEPANATPTGLSGP	7069
RSR-2711	AC1721	RTGRPGEGANATPTGLPGP	7070
RSR-2712	AC1722	RTGRGGEAANATPSGLGGP	7071
RSR-2713	AC1723	STGRSGESANATPGGLGGP	7072
RSR-2714	AC1724	RTGRTGEEANATPAGLPGP	7073
RSR-2715	AC1725	ATGRPGEPANTTPEGLEGP	7074
RSR-2716	AC1726	STGRSGEPANATPGGLTGP	7075
RSR-2717	AC1727	PTGRGGEGANTTPTGLPGP	7076
RSR-2718	AC1728	PTGRSGEGANATPSGLTGP	7077
RSR-2719	AC1729	TTGRASEGANSTPAPLTEP	7078
RSR-2720	AC1730	TYGRAEEAANTTPAGLTAP	7079
RSR-2721	AC1731	TTGRATEGANATPAELTEP	7080
RSR-2722	AC1732	TVGRASEEANTTPASLTGP	7081
RSR-2723	AC1733	TTGRAPEAANATPAPLTGP	7082
RSR-2724	AC1734	TWGRATEPANATPAPLTSP	7083
RSR-2725	AC1735	TVGRASESANATPAELTSP	7084
RSR-2726	AC1736	TVGRAPEGANSTPAGLTGP	7085
RSR-2727	AC1737	TWGRATEAPNLEPATLTTP	7086
RSR-2728	AC1738	TTGRATEAPNLTPAPLTEP	7087
RSR-2729	AC1739	TQGRATEAPNLSPAALTSP	7088
RSR-2730	AC1740	TQGRAAEAPNLTPATLTAP	7089
RSR-2731	AC1741	TSGRAPEATNLAPAPLTGP	7090
RSR-2732	AC1742	TQGRAEEAANLTPAGLTEP	7091
RSR-2733	AC1743	TTGRAGSAPNLPPTGLTTP	7092
RSR-2734	AC1744	TTGRAGGAENLPPEGLTAP	7093
RSR-2735	AC1745	TTSRAGTATNLTPPEGLTAP	7094
RSR-2736	AC1746	TTGRAGTATNLPPSGLTTP	7095
RSR-2737	AC1747	TTARAGEAENLSPSGLTAP	7096
RSR-2738	AC1748	TTGRAGGAGNLAPGGLTEP	7097
RSR-2739	AC1749	TTGRAGTATNLPPPEGLTGP	7098
RSR-2740	AC1750	TTGRAGGAANLAPTGLTEP	7099
RSR-2741	AC1751	TTGRAGTAENLAPSGLTTP	7100
RSR-2742	AC1752	TTGRAGSATNLGPGLTGP	7101

[0292]

명칭	작제물 ID	아미노산 서열	서열 번호
RSR-2743	AC1753	TTARAGGAENLTPAGLTEP	7102
RSR-2744	AC1754	TTARAGSAENLSPSGLTGP	7103
RSR-2745	AC1755	TTARAGGAGNLAPEGLTTP	7104
RSR-2746	AC1756	TTSRAGAAENLTPTGLTGP	7105
RSR-2747	AC1757	TYGRITTPGNEPPASLEAE	7106
RSR-2748	AC1758	TYSRGESGPNEPPPGLTGP	7107
RSR-2749	AC1759	AWGRITGASENETPAPLGGE	7108
RSR-2750	AC1760	RWGRAETTPNTTPEGLETE	7109
RSR-2751	AC1765	ESGRAANHGTGAEPPELGAG	7110
RSR-2754	AC1801	TTGRAGEAANLTPAGLTES	7111
RSR-2755	AC1802	TTGRAGEAANLTPAALTES	7112
RSR-2756	AC1803	TTGRAGEAANLTPAPLTES	7113
RSR-2757	AC1804	TTGRAGEAANLTPELTES	7114
RSR-2758	AC1805	TTGRAGEAANLTPAGLTGA	7115
RSR-2759	AC1806	TTGRAGEAANLTPEGLTGA	7116
RSR-2760	AC1807	TTGRAGEAANLTPEPLTGA	7117
RSR-2761	AC1808	TTGRAGEAANLTPAGLTEA	7118
RSR-2762	AC1809	TTGRAGEAANLTPEGLTEA	7119
RSR-2763	AC1810	TTGRAGEAANLTPAPLTEA	7120
RSR-2764	AC1811	TTGRAGEAANLTPEPLTEA	7121
RSR-2765	AC1812	TTGRAGEAANLTPEPLTGP	7122
RSR-2766	AC1813	TTGRAGEAANLTPAGLTGG	7123
RSR-2767	AC1814	TTGRAGEAANLTPEGLTGG	7124
RSR-2768	AC1815	TTGRAGEAANLTPEALTGG	7125
RSR-2769	AC1816	TTGRAGEAANLTPEPLTGG	7126
RSR-2770	AC1817	TTGRAGEAANLTPAGLTEG	7127
RSR-2771	AC1818	TTGRAGEAANLTPEGLTEG	7128
RSR-2772	AC1819	TTGRAGEAANLTPAPLTEG	7129
RSR-2773	AC1820	TTGRAGEAANLTPEPLTEG	7130

[0293]

[0294]

[표 8b] 방출 세그먼트 서열

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-0001	GSAPGSAGGYAELRMG GAIATSGSETPGT	7131	RSC-0001	GTAEAASASGGSAGGY AELRMGGAIPGSP	7379
RSN-0002	GSAPGTGGGYAPLRMG GGAATSGSETPGT	7132	RSC-0002	GTAEAASASGGTGGGY APLRMGGGAPGSP	7380
RSN-0003	GSAPGAEGGYAALRMG GEIATSGSETPGT	7133	RSC-0003	GTAEAASASGGAEGGY AALRMGGEIPGSP	7381
RSN-0004	GSAPGGPGGYALLRMG GPAATSGSETPGT	7134	RSC-0004	GTAEAASASGGGPGGY ALLRMGGPAPGSP	7382
RSN-0005	GSAPGEAGGYAFLRMG GSIATSGSETPGT	7135	RSC-0005	GTAEAASASGGEAGGY AFLRMGGSIPGSP	7383
RSN-0006	GSAPGPGGGYASLRMG GTAATSGSETPGT	7136	RSC-0006	GTAEAASASGGPGGGY ASLRMGGTAPGSP	7384
RSN-0007	GSAPGSEGGYATLRMG GAIATSGSETPGT	7137	RSC-0007	GTAEAASASGGSEGGY ATLRMGGAIPGSP	7385
RSN-0008	GSAPGTPGGYANLRMG GGAATSGSETPGT	7138	RSC-0008	GTAEAASASGGTPGGY ANLRMGGGAPGSP	7386
RSN-0009	GSAPGASGGYAHLRMG GEIATSGSETPGT	7139	RSC-0009	GTAEAASASGGASGGY AHLRMGGEIPGSP	7387

[0295]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-0010	GSAPGGTGGYGELRMG GPAATSGSETPGT	7140	RSC-0010	GTAEAAASASGGGTGGY GELRMGGPAPGSP	7388
RSN-0011	GSAPGEAGGYPELRMG GSIATSGSETPGT	7141	RSC-0011	GTAEAAASASGGEAGGY PELRMGGSIPGSP	7389
RSN-0012	GSAPGPGGGYVELRMG GTAATSGSETPGT	7142	RSC-0012	GTAEAAASASGGPGGGY VELRMGGTAPGSP	7390
RSN-0013	GSAPGSEGGYLELRMG GAIATSGSETPGT	7143	RSC-0013	GTAEAAASASGGSEGGY LELRMGGAIPGSP	7391
RSN-0014	GSAPGTPGGYSELRMG GGAATSGSETPGT	7144	RSC-0014	GTAEAAASASGGTPGGY SELRMGGGAPGSP	7392
RSN-0015	GSAPGASGGYTELRMG GEIATSGSETPGT	7145	RSC-0015	GTAEAAASASGGASGGY TELRMGGEIPGSP	7393
RSN-0016	GSAPGGTGGYQELRMG GPAATSGSETPGT	7146	RSC-0016	GTAEAAASASGGGTGGY QELRMGGPAPGSP	7394
RSN-0017	GSAPGEAGGYEELRMG GSIATSGSETPGT	7147	RSC-0017	GTAEAAASASGGEAGGY EELRMGGSIPGSP	7395
RSN-0018	GSAPGPGIGPAELRMGG TAATSGSETPGT	7148	RSC-0018	GTAEAAASASGGPGIGPA ELRMGGTAPGSP	7396
RSN-0019	GSAPGSEIGAAELRMG GAIATSGSETPGT	7149	RSC-0019	GTAEAAASASGGSEIGAA ELRMGGAIPGSP	7397
RSN-0020	GSAPGTPIGSAELRMGG GAATSGSETPGT	7150	RSC-0020	GTAEAAASASGGTPIGSA ELRMGGGAPGSP	7398
RSN-0021	GSAPGASIGTAELRMG GEIATSGSETPGT	7151	RSC-0021	GTAEAAASASGGASIGTA ELRMGGEIPGSP	7399
RSN-0022	GSAPGGTIGNAELRMG GPAATSGSETPGT	7152	RSC-0022	GTAEAAASASGGGTIGN AELRMGGPAPGSP	7400
RSN-0023	GSAPGEAIGQAELRMG GSIATSGSETPGT	7153	RSC-0023	GTAEAAASASGGEAIGQ AELRMGGSIPGSP	7401
RSN-0024	GSAPGPGGYPYELRMG GTAATSGSETPGT	7154	RSC-0024	GTAEAAASASGGPGGYPY AELRMGGTAPGSP	7402
RSN-0025	GSAPGSEGAYAEELRMG GAIATSGSETPGT	7155	RSC-0025	GTAEAAASASGGSEGAY AELRMGGAIPGSP	7403
RSN-0026	GSAPGTPGVYAEELRMG GGAATSGSETPGT	7156	RSC-0026	GTAEAAASASGGTPGVY AELRMGGGAPGSP	7404
RSN-0027	GSAPGASGLYAEELRMG GEIATSGSETPGT	7157	RSC-0027	GTAEAAASASGGASGLY AELRMGGEIPGSP	7405
RSN-0028	GSAPGGTGIYAEELRMG GPAATSGSETPGT	7158	RSC-0028	GTAEAAASASGGGTGIY AELRMGGPAPGSP	7406
RSN-0029	GSAPGEAGFYAEELRMG GSIATSGSETPGT	7159	RSC-0029	GTAEAAASASGGEAGFY AELRMGGSIPGSP	7407
RSN-0030	GSAPGPGGYYAEELRMG GTAATSGSETPGT	7160	RSC-0030	GTAEAAASASGGPGGYY AELRMGGTAPGSP	7408
RSN-0031	GSAPGSEGSYAEELRMG GAIATSGSETPGT	7161	RSC-0031	GTAEAAASASGGSEGSY AELRMGGAIPGSP	7409
RSN-0032	GSAPGTPGNYAEELRMG GGAATSGSETPGT	7162	RSC-0032	GTAEAAASASGGTPGNY AELRMGGGAPGSP	7410
RSN-0033	GSAPGASGEYAEELRMG GEIATSGSETPGT	7163	RSC-0033	GTAEAAASASGGASGEY AELRMGGEIPGSP	7411
RSN-0034	GSAPGGTGHYAEELRMG GPAATSGSETPGT	7164	RSC-0034	GTAEAAASASGGTGHY AELRMGGPAPGSP	7412

[0296]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-0035	GSAPGEAGGYAEARMG GSIATSGSETPGT	7165	RSC-0035	GTAEEASASGGGEAGGY AEARMGGSIPGSP	7413
RSN-0036	GSAPGPGGGYAEVRMG GTAATSGSETPGT	7166	RSC-0036	GTAEEASASGGPGGGY AEVRMGGTAPGSP	7414
RSN-0037	GSAPGSEGGYAEIRMG GAIATSGSETPGT	7167	RSC-0037	GTAEEASASGGSEGGY AEIRMGGAIPGSP	7415
RSN-0038	GSAPGTPGGYAEFRMG GGAATSGSETPGT	7168	RSC-0038	GTAEEASASGGTPGGY AEFRMGGAAPGSP	7416
RSN-0039	GSAPGASGGYAEYRMG GEIATSGSETPGT	7169	RSC-0039	GTAEEASASGGASGGY AEYRMGGIIPGSP	7417
RSN-0040	GSAPGTTGGYAESRMG GPAATSGSETPGT	7170	RSC-0040	GTAEEASASGGTGGY AESRMGGPAPGSP	7418
RSN-0041	GSAPGEAGGYAETRMG GSIATSGSETPGT	7171	RSC-0041	GTAEEASASGGGEAGGY AETRMGGSIPGSP	7419
RSN-0042	GSAPGPGGGYAEALMG GTRATSGSETPGT	7172	RSC-0042	GTAEEASASGGPGGGY AEALMGGTRPGSP	7420
RSN-0043	GSAPGSEGGYAEVLMG GARATSGSETPGT	7173	RSC-0043	GTAEEASASGGSEGGY AEVLMGGARPGSP	7421
RSN-0044	GSAPGTPGGYAEELMG GGRATSGSETPGT	7174	RSC-0044	GTAEEASASGGTPGGY AEELMGGRPGSP	7422
RSN-0045	GSAPGASGGYAEILMG GERATSGSETPGT	7175	RSC-0045	GTAEEASASGGASGGY AEILMGGERPGSP	7423
RSN-0046	GSAPGTTGGYAEELWM GGPRATSGSETPGT	7176	RSC-0046	GTAEEASASGGTGGY AEELWMGGPRPGSP	7424
RSN-0047	GSAPGEAGGYAELSMG GSRATSGSETPGT	7177	RSC-0047	GTAEEASASGGGEAGGY AELSMGGSRPSP	7425
RSN-0048	GSAPGPGGGYAEELTMG GTRATSGSETPGT	7178	RSC-0048	GTAEEASASGGPGGGY AEELTMGGTRPGSP	7426
RSN-0049	GSAPGSEGGYAEELQMG GARATSGSETPGT	7179	RSC-0049	GTAEEASASGGSEGGY AEELQMGARPGSP	7427
RSN-0050	GSAPGTPGGYAEELNMG GGRATSGSETPGT	7180	RSC-0050	GTAEEASASGGTPGGY AEELNMGGRPGSP	7428
RSN-0051	GSAPGASGGYAEELMG GERATSGSETPGT	7181	RSC-0051	GTAEEASASGGASGGY AEELMGGERPGSP	7429
RSN-0052	GSAPGTTGGYAEELRPG GPIATSGSETPGT	7182	RSC-0052	GTAEEASASGGTGGY AEELRPGGPIPGSP	7430
RSN-0053	GSAPGEAGGYAEELRAG GSAATSGSETPGT	7183	RSC-0053	GTAEEASASGGGEAGGY AEELRAGGSAPGSP	7431
RSN-0054	GSAPGPGGGYAEELRLG GTIATSGSETPGT	7184	RSC-0054	GTAEEASASGGPGGGY AEELRLGGTIPGSP	7432
RSN-0055	GSAPGSEGGYAEELRIGG AAATSGSETPGT	7185	RSC-0055	GTAEEASASGGSEGGY AEELRIGGAAPGSP	7433
RSN-0056	GSAPGTPGGYAEELRSG GGIATSGSETPGT	7186	RSC-0056	GTAEEASASGGTPGGY AEELRSGGGIPGSP	7434
RSN-0057	GSAPGASGGYAEELRNG GEAATSGSETPGT	7187	RSC-0057	GTAEEASASGGASGGY AEELRNGGEAPGSP	7435
RSN-0058	GSAPGTTGGYAEELRQG GPIATSGSETPGT	7188	RSC-0058	GTAEEASASGGTGGY AEELRQGGPIPGSP	7436
RSN-0059	GSAPGEAGGYAEELRDG GSAATSGSETPGT	7189	RSC-0059	GTAEEASASGGGEAGGY AEELRDGGSAPGSP	7437

[0297]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-0060	GSAPGPGGGY AELREG GTIATSGSETPGT	7190	RSC-0060	GTAEEASASGGPGGGY AELREGGTIPGSP	7438
RSN-0061	GSAPGSEGGY AELRHG GAAATSGSETPGT	7191	RSC-0061	GTAEEASASGGSEGGY AELRHGGAAPGSP	7439
RSN-0062	GSAPGTPGGY AELRMP GGIATSGSETPGT	7192	RSC-0062	GTAEEASASGGTPGGY AELRMPGGIPGSP	7440
RSN-0063	GSAPGASGGY AELRMA GEAATSGSETPGT	7193	RSC-0063	GTAEEASASGGASGGY AELRMAGEAPGSP	7441
RSN-0064	GSAPGGTGGY AELRMV GPIATSGSETPGT	7194	RSC-0064	GTAEEASASGGGTGGY AELRMVGPIPGSP	7442
RSN-0065	GSAPGEAGGY AELRML GSAATSGSETPGT	7195	RSC-0065	GTAEEASASGGGEAGGY AELRMLGSAPGSP	7443
RSN-0066	GSAPGPGGGY AELRMI GTIATSGSETPGT	7196	RSC-0066	GTAEEASASGGPGGGY AELRMIGTIPGSP	7444
RSN-0067	GSAPGSEGGY AELRMY GAIATSGSETPGT	7197	RSC-0067	GTAEEASASGGSEGGY AELRMYGAIPGSP	7445
RSN-0068	GSAPGTPGGY AELRMS GGAATSGSETPGT	7198	RSC-0068	GTAEEASASGGTPGGY AELRMSGAPGSP	7446
RSN-0069	GSAPGASGGY AELRMN GEIATSGSETPGT	7199	RSC-0069	GTAEEASASGGASGGY AELRMNGEIPGSP	7447
RSN-0070	GSAPGGTGGY AELRMQ GPAATSGSETPGT	7200	RSC-0070	GTAEEASASGGGTGGY AELRMQGPAPGSP	7448
RSN-0071	GSAPGANHTPAGLTGP GARATSGSETPGT	7201	RSC-0071	GTAEEASASGGANHTP AGLTGPGRPGSP	7449
RSN-0072	GSAPGANTAPEGLTGPS TRATSGSETPGT	7202	RSC-0072	GTAEEASASGGANTAP EGLTGPSTRPGSP	7450
RSN-0073	GSAPGTGAPPGGLTGP TRATSGSETPGT	7203	RSC-0073	GTAEEASASGGTGAPP GGLTGPGRPGSP	7451
RSN-0074	GSAPGANHEPSGLTEGS PRATSGSETPGT	7204	RSC-0074	GTAEEASASGGANHEP SGLTEGSPRPGSP	7452
RSN-0075	GSAPGANTEPELGAGT ERATSGSETPGT	7205	RSC-0075	GTAEEASASGGANTEP PELGAGTERPGSP	7453
RSN-0076	GSAPGASGPPGLTGPP GRATSGSETPGT	7206	RSC-0076	GTAEEASASGGASGPP GLTGPPGRPGSP	7454
RSN-0077	GSAPGASGTPAPLGGE GRATSGSETPGT	7207	RSC-0077	GTAEEASASGGASGTP APLGGEGRPGSP	7455
RSN-0078	GSAPGPAGPPEGLETEA GRATSGSETPGT	7208	RSC-0078	GTAEEASASGGPAGPPE GLETEAGRPGSP	7456
RSN-0079	GSAPGPTSGQGGLTGPE SRATSGSETPGT	7209	RSC-0079	GTAEEASASGGPTSGQ GGLTGPESTRPGSP	7457
RSN-0080	GSAPGSAGGAANLVRG GAIATSGSETPGT	7210	RSC-0080	GTAEEASASGGSAGGA ANLVRGGAIPGSP	7458
RSN-0081	GSAPGTGGGAAPLVRG GGAATSGSETPGT	7211	RSC-0081	GTAEEASASGGTGGA APLVRGGAPGSP	7459
RSN-0082	GSAPGAEGGAAALVRG GEIATSGSETPGT	7212	RSC-0082	GTAEEASASGGAEGGA AALVRGGEIPGSP	7460
RSN-0083	GSAPGGPGGAALLVRG GPAATSGSETPGT	7213	RSC-0083	GTAEEASASGGPGGA ALLVRGGAPGSP	7461
RSN-0084	GSAPGEAGGAFLVRG GSIATSGSETPGT	7214	RSC-0084	GTAEEASASGGEAGGA AFLVRGGIPGSP	7462

[0298]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-0085	GSAPGPGGGAASLVRG GTAATSGSETPGT	7215	RSC-0085	GTAEEAASASGGPGGGA ASLVRGGTAPGSP	7463
RSN-0086	GSAPGSEGGAAATLVRG GAIATSGSETPGT	7216	RSC-0086	GTAEEAASASGGSEGGGA ATLVRGGAIPGSP	7464
RSN-0087	GSAPGTPGGGAAGLVRG GGAATSGSETPGT	7217	RSC-0087	GTAEEAASASGGTPGGGA AGLVRGGGAPGSP	7465
RSN-0088	GSAPGASGGAADLVRG GEIATSGSETPGT	7218	RSC-0088	GTAEEAASASGGASGGGA ADLVRGGEIPGSP	7466
RSN-0089	GSAPGGTGGAGNLVRG GPAATSGSETPGT	7219	RSC-0089	GTAEEAASASGGGTGGA GNLVRGGPAPGSP	7467
RSN-0090	GSAPGEAGGAPNLVRG GSIATSGSETPGT	7220	RSC-0090	GTAEEAASASGGGEAGGA PNLVRGGSIPGSP	7468
RSN-0091	GSAPGPGGGAVNLVRG GTAATSGSETPGT	7221	RSC-0091	GTAEEAASASGGPGGGA VNLVRGGTAPGSP	7469
RSN-0092	GSAPGSEGGALNLVRG GAIATSGSETPGT	7222	RSC-0092	GTAEEAASASGGSEGGGA LNLVRGGAIPGSP	7470
RSN-0093	GSAPGTPGGASNLVRG GGAATSGSETPGT	7223	RSC-0093	GTAEEAASASGGTPGGGA SNLVRGGGAPGSP	7471
RSN-0094	GSAPGASGGATNLVRG GEIATSGSETPGT	7224	RSC-0094	GTAEEAASASGGASGGGA TNLVRGGEIPGSP	7472
RSN-0095	GSAPGGTGGAGNLVRG GPAATSGSETPGT	7225	RSC-0095	GTAEEAASASGGGTGGA QNLVRGGPAPGSP	7473
RSN-0096	GSAPGEAGGAENLVRG GSIATSGSETPGT	7226	RSC-0096	GTAEEAASASGGGEAGGA ENLVRGGSIPGSP	7474
RSN-1517	GSAPAGRSANHEPLGL VATATSGSETPGT	7227	RSC-1517	GTAEEAASASGEAGRSA NHEPLGLVATPGSP	7475
BSRS-A1-2	GSAPASGRSTNAGPSGL AGPATSGSETPGT	7228	BSRS-A1-3	GTAEEAASASGASGRST NAGPSGLAGPPGSP	7476
BSRS-A2-2	GSAPASGRSTNAGPQG LAGQATSGSETPGT	7229	BSRS-A2-3	GTAEEAASASGASGRST NAGPQGLAGQPGSP	7477
BSRS-A3-2	GSAPASGRSTNAGPPGL TGPATSGSETPGT	7230	BSRS-A3-3	GTAEEAASASGASGRST NAGPPGLTGPPGSP	7478
VP-1	GSAPASSRGTNAGPAG LTGPATSGSETPGT	7231	VP-1	GTAEEAASASGASSRGT NAGPAGLTGPPGSP	7479
RSN-1752	GSAPASSRTINTGPSTL TGPATSGSETPGT	7232	RSC-1752	GTAEEAASASGASSRTIN TGPSTLTGPPGSP	7480
RSN-1512	GSAPAAGRSDNGTPEL VAPATSGSETPGT	7233	RSC-1512	GTAEEAASASGAAGRSD NGTPELVAPPGSP	7481
RSN-1517	GSAPAGRSANHEPLGL VATATSGSETPGT	7234	RSC-1517	GTAEEAASASGEAGRSA NHEPLGLVATPGSP	7482
VP-2	GSAPASGRGTNAGPAG LTGPATSGSETPGT	7235	VP-2	GTAEEAASASGASGRGT NAGPAGLTGPPGSP	7483
RSN-1018	GSAPLFGGRNDNHEPL GGATSGSETPGT	7236	RSC-1018	GTAEEAASASGLFGRND NHEPLELGGGPGSP	7484
RSN-1053	GSAPTAGRSDNLEPLGL VFGATSGSETPGT	7237	RSC-1053	GTAEEAASASGTAGRSD NLEPLGLVFGPGSP	7485
RSN-1059	GSAPLDGRSDNFHPP VAGATSGSETPGT	7238	RSC-1059	GTAEEAASASGLDGRSD NFHPPELVAGPGSP	7486
RSN-1065	GSAPLEGRSDNEEPEN VAGATSGSETPGT	7239	RSC-1065	GTAEEAASASGLEGRSD NEEPENLVAGPGSP	7487

[0299]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-1167	GSAPLKGRSDNNAPLA LVAGATSGSETPGT	7240	RSC-1167	GTAEEAASASGLKGRSD NNAPLALVAGPGSP	7488
RSN-1201	GSAPVYSRGTNAGPHG LTGRATSGSETPGT	7241	RSC-1201	GTAEEAASASGVYSRGT NAGPHGLTGRPGSP	7489
RSN-1218	GSAPANSRGTNKGFA LIGPATSGSETPGT	7242	RSC-1218	GTAEEAASASGANSRGT NKGFAGLIGPPGSP	7490
RSN-1226	GSAPASSRLTNEAPAGL TIPATSGSETPGT	7243	RSC-1226	GTAEEAASASGASSRLTN EAPAGLTIPPAGSP	7491
RSN-1254	GSAPDQSRGTNAGPEG LTDPATSGSETPGT	7244	RSC-1254	GTAEEAASASGDQSRGT NAGPEGLTDPGSP	7492
RSN-1256	GSAPSSRGTNIGQGGL TGPATSGSETPGT	7245	RSC-1256	GTAEEAASASGESSRGTN IGQGGLTGPPGSP	7493
RSN-1261	GSAPSSSRGTNQDPAGL TIPATSGSETPGT	7246	RSC-1261	GTAEEAASASGSSSRGTN QDPAGLTIPPAGSP	7494
RSN-1293	GSAPASSRGQNHSPMG LTGPATSGSETPGT	7247	RSC-1293	GTAEEAASASGASSRGQ NHSPMGLTGPPGSP	7495
RSN-1309	GSAPAYSRRGNAGPAG LEGRATSGSETPGT	7248	RSC-1309	GTAEEAASASGAYSRRG NAGPAGLEGRPGSP	7496
RSN-1326	GSAPASERGNNAGPAN LTGFATSGSETPGT	7249	RSC-1326	GTAEEAASASGASERGN NAGPANLTGFPGSP	7497
RSN-1345	GSAPASHRGTNPKPAIL TGPATSGSETPGT	7250	RSC-1345	GTAEEAASASGASHRGT NPKPAILTGPPGSP	7498
RSN-1354	GSAPMSSRRTNANPAQ LTGPATSGSETPGT	7251	RSC-1354	GTAEEAASASGMSSRRT NANPAQLTGPPGSP	7499
RSN-1426	GSAPGAGRDTNHEPLE LGAAATSGSETPGT	7252	RSC-1426	GTAEEAASASGGAGRDT NHEPLELGAAPGSP	7500
RSN-1478	GSAPLAGRSNTAPLEL TAGATSGSETPGT	7253	RSC-1478	GTAEEAASASGLAGRSE NTAPLELTAGPGSP	7501
RSN-1479	GSAPLEGRPDNHEPLAL VASATSGSETPGT	7254	RSC-1479	GTAEEAASASGLEGRPD NHEPLALVASPGSP	7502
RSN-1496	GSAPLSGRSDNEEPLAL PAGATSGSETPGT	7255	RSC-1496	GTAEEAASASGLSGRSD NEEPLALPAGPGSP	7503
RSN-1508	GSAPAEAGRDTNHEPLEL SAPATSGSETPGT	7256	RSC-1508	GTAEEAASASGEAGRDT NHEPLELSAPPGSP	7504
RSN-1513	GSAPEGGRSDNHGPLEL VSGATSGSETPGT	7257	RSC-1513	GTAEEAASASGEGGRSD NHGPLELVSGPGSP	7505
RSN-1516	GSAPLSGRSDNEAPLEL EAGATSGSETPGT	7258	RSC-1516	GTAEEAASASGLSGRSD NEAPLELEAGPGSP	7506
RSN-1524	GSAPLGGRADNHEPPEL GAGATSGSETPGT	7259	RSC-1524	GTAEEAASASGLGGRAD NHEPPELGAGPGSP	7507
RSN-1622	GSAPPPSRGTNAEPAGL TGEATSGSETPGT	7260	RSC-1622	GTAEEAASASGPPSRGTN AEPAGLTGEPGSP	7508
RSN-1629	GSAPASTRGENAGPAG LEAPATSGSETPGT	7261	RSC-1629	GTAEEAASASGASTRGE NAGPAGLEAPPGSP	7509
RSN-1664	GSAPSSRGTNGAPEGL TGPATSGSETPGT	7262	RSC-1664	GTAEEAASASGESSRGTN GAPEGLTGPPGSP	7510
RSN-1667	GSAPASSRATNESPAGL TGEATSGSETPGT	7263	RSC-1667	GTAEEAASASGASSRAT NESPAGLTGEPGSP	7511
RSN-1709	GSAPASSRGENPPPGGL TGPATSGSETPGT	7264	RSC-1709	GTAEEAASASGASSRGE NPPPGGLTGPPGSP	7512

[0300]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-1712	GSAPAASRGTTNTGPAEL TGSATSGSETPGT	7265	RSC-1712	GTAEEAASASGAASRG TNTGPAELTGSPGSP	7513
RSN-1727	GSAPAGSRTTNAGPGG LEGPATSGSETPGT	7266	RSC-1727	GTAEEAASASGAGSRTT NAGPGGLEGPSPGSP	7514
RSN-1754	GSAPAPSRGENAGPATL TGAATSGSETPGT	7267	RSC-1754	GTAEEAASASGAPSRGE NAGPATLTGAPGSP	7515
RSN-1819	GSAPESGRAANTGPPTL TAPATSGSETPGT	7268	RSC-1819	GTAEEAASASGESGRAA NTGPPTLTAPPSPGSP	7516
RSN-1832	GSAPNPGRANNEGPPG LPGSATSGSETPGT	7269	RSC-1832	GTAEEAASASGNPGRAA NEGPPGLPGSPGSP	7517
RSN-1855	GSAPESSRAANLTPEL TGPATSGSETPGT	7270	RSC-1855	GTAEEAASASGESSRAA NLTPPELTGPPGSP	7518
RSN-1911	GSAPASGRAANETPPGL TGAATSGSETPGT	7271	RSC-1911	GTAEEAASASGASGRAA NETPPGLTGAPGSP	7519
RSN-1929	GSAPNSGRGENLGAPG LTGTATSGSETPGT	7272	RSC-1929	GTAEEAASASGNSGRGE NLGAPGLTGTPGSP	7520
RSN-1951	GSAPTTGRAANLTGAP LTGPATSGSETPGT	7273	RSC-1951	GTAEEAASASGTTGRAA NLTPAGLTGPPGSP	7521
RSN-2295	GSAPAEAGRSANHTPAG LTGPATSGSETPGT	7274	RSC-2295	GTAEEAASASGEAGRSA NHTPAGLTGPPGSP	7522
RSN-2298	GSAPESGRAANTPAGL TGPATSGSETPGT	7275	RSC-2298	GTAEEAASASGESGRAA NTTPAGLTGPPGSP	7523
RSN-2038	GSAPTTGRATEAANLTP AGLTGPATSGSETPGT	7276	RSC-2038	GTAEEAASASGTTGRAT EAANLTPAGLTGPPGSP	7524
RSN-2072	GSAPTTGRAEEAANLTP AGLTGPATSGSETPGT	7277	RSC-2072	GTAEEAASASGTTGRAE EAANLTPAGLTGPPGSP	7525
RSN-2089	GSAPTTGRAGEAANLTP PAGLTGPATSGSETPGT	7278	RSC-2089	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPAGLTGPPGSP	7526
RSN-2302	GSAPTTGRATEAANAT PAGLTGPATSGSETPGT	7279	RSC-2302	GTAEEAASASGTTGRAT EAANATPAGLTGPPGSP	7527
RSN-3047	GSAPTTGRAGEAAGAT SAGATGPATSGSETPGT	7280	RSC-3047	GTAEEAASASGTTGRAG EAAGATSAGATGPPGSP	7528
RSN-3052	GSAPTTGEAGEAANAT SAGATGPATSGSETPGT	7281	RSC-3052	GTAEEAASASGTTGEAG EAANATSAGATGPPGSP	7529
RSN-3043	GSAPTTGEAGEAAGLTP AGLTGPATSGSETPGT	7282	RSC-3043	GTAEEAASASGTTGEAG EAAGLTPAGLTGPPGSP	7530
RSN-3041	GSAPTTGAAGEAANAT PAGLTGPATSGSETPGT	7283	RSC-3041	GTAEEAASASGTTGAAG EAANATPAGLTGPPGSP	7531
RSN-3044	GSAPTTGRAGEAAGLTP PAGLTGPATSGSETPGT	7284	RSC-3044	GTAEEAASASGTTGRAG EAAGLTPAGLTGPPGSP	7532
RSN-3057	GSAPTTGRAGEAANAT SAGATGPATSGSETPGT	7285	RSC-3057	GTAEEAASASGTTGRAG EAANATSAGATGPPGSP	7533
RSN-3058	GSAPTTGEAGEAAGAT SAGATGPATSGSETPGT	7286	RSC-3058	GTAEEAASASGTTGEAG EAAGATSAGATGPPGSP	7534
RSN-2485	GSAPESGRAANTEPEL GAGATSGSETPGT	7287	RSC-2485	GTAEEAASASGESGRAA NTEPELGAGPGSP	7535
RSN-2486	GSAPESGRAANTAPEGL TGPATSGSETPGT	7288	RSC-2486	GTAEEAASASGESGRAA NTAPEGLTGPPGSP	7536
RSN-2488	GSAPPEGRAANHEPSGL TEGATSGSETPGT	7289	RSC-2488	GTAEEAASASGEPGRAA NHEPSGLTEGPGSP	7537

[0301]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-2599	GSAPESGRAANHTGAP PGGLTGPATSGSETPGT	7290	RSC-2599	GTAEEAASASGESGRAA NHTGAPPGGLTGPPGSP	7538
RSN-2706	GSAPTTGRTGEGANAT PGGLTGPATSGSETPGT	7291	RSC-2706	GTAEEAASASGTTGRTG EGANATPGGLTGPPGSP	7539
RSN-2707	GSAPRTGRSGEAAANETP EGLEGPATSGSETPGT	7292	RSC-2707	GTAEEAASASGRTGRSG EAANETPEGLEGPPGSP	7540
RSN-2708	GSAPRTGRTGESANETP AGLGGPATSGSETPGT	7293	RSC-2708	GTAEEAASASGRTGRTG ESANETPAGLGGPPGSP	7541
RSN-2709	GSAPSTGRTGEPANETP AGLSGPATSGSETPGT	7294	RSC-2709	GTAEEAASASGSTGRTG EPANETPAGLSGPPGSP	7542
RSN-2710	GSAPTTGRAGEPANATP TGLSGPATSGSETPGT	7295	RSC-2710	GTAEEAASASGTTGRAG EPANATPTGLSGPPGSP	7543
RSN-2711	GSAPRTGRPGEGANAT PTGLPGPATSGSETPGT	7296	RSC-2711	GTAEEAASASGRTGRPG EGANATPTGLPGPPGSP	7544
RSN-2712	GSAPRTGRGGEAANAT PSGLGGPATSGSETPGT	7297	RSC-2712	GTAEEAASASGRTGRGG EAANATPSGLGGPPGSP	7545
RSN-2713	GSAPSTGRSGESANATP GGLGGPATSGSETPGT	7298	RSC-2713	GTAEEAASASGSTGRSGE SANATPGGLGGPPGSP	7546
RSN-2714	GSAPRTGRTGEEANATP AGLPGPATSGSETPGT	7299	RSC-2714	GTAEEAASASGRTGRTG EEANATPAGLPGPPGSP	7547
RSN-2715	GSAPATGRPGEPANTTP EGLEGPATSGSETPGT	7300	RSC-2715	GTAEEAASASGATGRPG EPANTTPEGLEGPPGSP	7548
RSN-2716	GSAPSTGRSGEPANATP GGLTGPATSGSETPGT	7301	RSC-2716	GTAEEAASASGSTGRSGE PANATPGGLTGPPGSP	7549
RSN-2717	GSAPTTGRGGEANTTP TGLPGPATSGSETPGT	7302	RSC-2717	GTAEEAASASGPTGRGG EGANTTPTGLPGPPGSP	7550
RSN-2718	GSAPPTGRSGEGANATP SGLTGPATSGSETPGT	7303	RSC-2718	GTAEEAASASGPTGRSGE GANATPSGLTGPPGSP	7551
RSN-2719	GSAPTTGRASEGANSTP APLTEPATSGSETPGT	7304	RSC-2719	GTAEEAASASGTTGRAS EGANSTPAPLTEPPGSP	7552
RSN-2720	GSAPTYGRAAEAAANTP PAGLTAPATSGSETPGT	7305	RSC-2720	GTAEEAASASGTYGRAA EAANTTPAGLTAPPGSP	7553
RSN-2721	GSAPTTGRATEGANAT PAELTEPATSGSETPGT	7306	RSC-2721	GTAEEAASASGTTGRAT EGANATPAELTEPPGSP	7554
RSN-2722	GSAPTVGRASEEANTTP ASLTGPATSGSETPGT	7307	RSC-2722	GTAEEAASASGTVGRAS EEANTTPASLTGPPGSP	7555
RSN-2723	GSAPTTGRAPEAANATP APLTGPATSGSETPGT	7308	RSC-2723	GTAEEAASASGTTGRAP EAANATPAPLTGPPGSP	7556
RSN-2724	GSAPTWGRATEPANAT PAPLTSPATSGSETPGT	7309	RSC-2724	GTAEEAASASGTWGRAT EPANATPAPLTSPGSP	7557
RSN-2725	GSAPTVGRASESANATP AELTSPATSGSETPGT	7310	RSC-2725	GTAEEAASASGTVGRAS ESANATPAELTSPPGSP	7558
RSN-2726	GSAPTVGRAPEGANSTP AGLTGPATSGSETPGT	7311	RSC-2726	GTAEEAASASGTVGRAP EGANSTPAGLTGPPGSP	7559
RSN-2727	GSAPTWGRATEAPNLE PATLTTPATSGSETPGT	7312	RSC-2727	GTAEEAASASGTWGRAT EAPNLEPATLTTPGSP	7560
RSN-2728	GSAPTTGRATEAPNLTP APLTEPATSGSETPGT	7313	RSC-2728	GTAEEAASASGTTGRAT EAPNLTPAPLTEPPGSP	7561
RSN-2729	GSAPTQGRATEAPNLSP AALTSPATSGSETPGT	7314	RSC-2729	GTAEEAASASGTQGRAT EAPNLSPAALTSPGSP	7562

[0302]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-2730	GSAPTQGRAAEAPNLTP ATLTAPATSGSETPGT	7315	RSC-2730	GTAEEAASASGTQGRAA EAPNLTPATLTAPPGSP	7563
RSN-2731	GSAPTSGRAPEATNLAP APLTGPATSGSETPGT	7316	RSC-2731	GTAEEAASASGTSGRAPE ATNLAPAPLTGPPGSP	7564
RSN-2732	GSAPTQGRAAEAAANLT PAGLTETATSGSETPGT	7317	RSC-2732	GTAEEAASASGTQGRAA EAANLTAPAGLTETPPGSP	7565
RSN-2733	GSAPTTGRAGSAPNLPP TGLTTPATSGSETPGT	7318	RSC-2733	GTAEEAASASGTTGRAG SAPNLPPGTGLTTPPGSP	7566
RSN-2734	GSAPTTGRAGGAENLPP EGLTAPATSGSETPGT	7319	RSC-2734	GTAEEAASASGTTGRAG GAENLPPGLTAPPGSP	7567
RSN-2735	GSAPTTSRAGTATNLTP EGLTAPATSGSETPGT	7320	RSC-2735	GTAEEAASASGTTSRAG TATNLTPGLTAPPGSP	7568
RSN-2736	GSAPTTGRAGTATNLPP SGLTTPATSGSETPGT	7321	RSC-2736	GTAEEAASASGTTGRAG TATNLPPSGLTTPPGSP	7569
RSN-2737	GSAPTTARAGEAENLSP SGLTAPATSGSETPGT	7322	RSC-2737	GTAEEAASASGTTARAG EAENLSPSGLTAPPGSP	7570
RSN-2738	GSAPTTGRAGGAGNLA PGLTETATSGSETPGT	7323	RSC-2738	GTAEEAASASGTTGRAG GAGNLAPGGLTEPPGSP	7571
RSN-2739	GSAPTTGRAGTATNLPP EGLTGPATSGSETPGT	7324	RSC-2739	GTAEEAASASGTTGRAG TATNLPPGLTGP PGSP	7572
RSN-2740	GSAPTTGRAGGAANLA PTGLTETATSGSETPGT	7325	RSC-2740	GTAEEAASASGTTGRAG GAANLAPTGLTEPPGSP	7573
RSN-2741	GSAPTTGRAGTAENLA PSGLTTPATSGSETPGT	7326	RSC-2741	GTAEEAASASGTTGRAG TAENLAPSGLTTPPGSP	7574
RSN-2742	GSAPTTGRAGSATNLGP GGLTGPATSGSETPGT	7327	RSC-2742	GTAEEAASASGTTGRAG SATNLGPGLTGPPGSP	7575
RSN-2743	GSAPTTARAGGAENLT PAGLTETATSGSETPGT	7328	RSC-2743	GTAEEAASASGTTARAG GAENLTAPAGLTETPPGSP	7576
RSN-2744	GSAPTTARAGSAENLSP SGLTGPATSGSETPGT	7329	RSC-2744	GTAEEAASASGTTARAG SAENLSPSGLTGPPGSP	7577
RSN-2745	GSAPTTARAGGAGNLA PEGLTTPATSGSETPGT	7330	RSC-2745	GTAEEAASASGTTARAG GAGNLAPEGLTTPPGSP	7578
RSN-2746	GSAPTTSRAGAENLTP TGLTGPATSGSETPGT	7331	RSC-2746	GTAEEAASASGTTSRAG AAENLTPTGLTGPPGSP	7579
RSN-2747	GSAPTYGRTTTPGNEPP ASLEAEATSGSETPGT	7332	RSC-2747	GTAEEAASASGTYGRTT TPGNEPPASLEAEPGSP	7580
RSN-2748	GSAPTYSRGESGPNEPP PGLTGPATSGSETPGT	7333	RSC-2748	GTAEEAASASGTYSRGES GPNEPPPGLTGPPGSP	7581
RSN-2749	GSAPAWGRTGASENET PAPLGGEATSGSETPGT	7334	RSC-2749	GTAEEAASASGAWGRTG ASENETPAPLGGEPPGSP	7582
RSN-2750	GSAPRWGRAETTPNTPP EGLETEATSGSETPGT	7335	RSC-2750	GTAEEAASASGRWGRAE TTPNTPPEGLETEPGSP	7583
RSN-2751	GSAPESGRAANHTGAE PPELGAGATSGSETPGT	7336	RSC-2751	GTAEEAASASGESGRAA NHTGAEPPELGAGPGSP	7584
RSN-2754	GSAPTTGRAGEAANLT PAGLTESATSGSETPGT	7337	RSC-2754	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTAPAGLTESPGSP	7585
RSN-2755	GSAPTTGRAGEAANLT PAALTESATSGSETPGT	7338	RSC-2755	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTAAALTESPGSP	7586
RSN-2756	GSAPTTGRAGEAANLT PAPLTESATSGSETPGT	7339	RSC-2756	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTAPALTESPGSP	7587

[0303]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-2757	GSAPTTGRAGEAANLT PEPLTESATSGSETPGT	7340	RSC-2757	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEPLTESPGSP	7588
RSN-2758	GSAPTTGRAGEAANLT PAGLTGAATSGSETPGT	7341	RSC-2758	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPAGLTGAPGSP	7589
RSN-2759	GSAPTTGRAGEAANLT PEGLTGAATSGSETPGT	7342	RSC-2759	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEGLTGAPGSP	7590
RSN-2760	GSAPTTGRAGEAANLT PEPLTGAATSGSETPGT	7343	RSC-2760	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEPLTGAPGSP	7591
RSN-2761	GSAPTTGRAGEAANLT PAGLTEAATSGSETPGT	7344	RSC-2761	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPAGLTEAPGSP	7592
RSN-2762	GSAPTTGRAGEAANLT PEGLTEAATSGSETPGT	7345	RSC-2762	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEGLTEAPGSP	7593
RSN-2763	GSAPTTGRAGEAANLT PAPLTEAATSGSETPGT	7346	RSC-2763	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPAPLTEAPGSP	7594
RSN-2764	GSAPTTGRAGEAANLT PEPLTEAATSGSETPGT	7347	RSC-2764	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEPLTEAPGSP	7595
RSN-2765	GSAPTTGRAGEAANLT PEPLTGPATSGSETPGT	7348	RSC-2765	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEPLTGPPGSP	7596
RSN-2766	GSAPTTGRAGEAANLT PAGLTGGATSGSETPGT	7349	RSC-2766	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPAGLTGGPGSP	7597
RSN-2767	GSAPTTGRAGEAANLT PEGLTGGATSGSETPGT	7350	RSC-2767	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEGLTGGPGSP	7598
RSN-2768	GSAPTTGRAGEAANLT PEALTGGATSGSETPGT	7351	RSC-2768	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEALTGGPGSP	7599
RSN-2769	GSAPTTGRAGEAANLT PEPLTGGATSGSETPGT	7352	RSC-2769	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEPLTGGPGSP	7600
RSN-2770	GSAPTTGRAGEAANLT PAGLTEGATSGSETPGT	7353	RSC-2770	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPAGLTEGPGSP	7601
RSN-2771	GSAPTTGRAGEAANLT PEGLTEGATSGSETPGT	7354	RSC-2771	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEGLTEGPGSP	7602
RSN-2772	GSAPTTGRAGEAANLT PAPLTEGATSGSETPGT	7355	RSC-2772	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPAPLTEGPGSP	7603
RSN-2773	GSAPTTGRAGEAANLT PEPLTEGATSGSETPGT	7356	RSC-2773	GTAEEAASASGTTGRAG EAANLTPEPLTEGPGSP	7604
RSN-3047	GSAPTTGRAGEAEGAT SAGATGPATSGSETPGT	7357	RSC-3047	GTAEEAASASGTTGRAG EAEGATSAGATGPPGSP	7605
RSN-2783	GSAPPEAGRSAEATSAG ATGPATSGSETPGT	7358	RSC-2783	GTAEEAASASGEAGRSA EATSAGATGPPGSP	7606
RSN-3107	GSAPSASGTYSRGESGP GSPATSGSETPGT	7359	RSC-3107	GTAEEAASASGSASGTYS RGESGPGSPPGSP	7607
RSN-3103	GSAPSASGEAGRTDTHP GSPATSGSETPGT	7360	RSC-3103	GTAEEAASASGSASGEA GRDTHPGSPPGSP	7608
RSN-3102	GSAPSASGEPGRAAEHP GSPATSGSETPGT	7361	RSC-3102	GTAEEAASASGSASGEPG RAAEHPGSPPGSP	7609
RSN-3119	GSAPSPAGESSRGTTIA GSPATSGSETPGT	7362	RSC-3119	GTAEEAASASGSPAGESS RGTTIAGSPPGSP	7610
RSN-3043	GSAPTTGEAGEAAGLT AGLTGPATSGSETPGT	7363	RSC-3043	GTAEEAASASGTTGEAG EAAGLTPAGLTGPPGSP	7611
RSN-2789	GSAPPEAGESAGATPAG LTGPATSGSETPGT	7364	RSC-2789	GTAEEAASASGEAGESA GATPAGLTGPPGSP	7612

[0304]

명칭	아미노산 서열	서열 번호	명칭	아미노산 서열	서열 번호
RSN-3109	GSAPSASGAPLELEAGP GSPATSGSETPGT	7365	RSC-3109	GTAEEAASASGSASGAPL ELEAGPGSPPGSP	7613
RSN-3110	GSAPSASGEPPELGAGP GSPATSGSETPGT	7366	RSC-3110	GTAEEAASASGSASGEPP ELGAGPGSPPGSP	7614
RSN-3111	GSAPSASGEPSGLTEGP GSPATSGSETPGT	7367	RSC-3111	GTAEEAASASGSASGEPS GLTEGPGSPPGSP	7615
RSN-3112	GSAPSASGTPAPLTEPP GSPATSGSETPGT	7368	RSC-3112	GTAEEAASASGSASGTPA PLTEPPGSPPGSP	7616
RSN-3113	GSAPSASGTPAELTEPP GSPATSGSETPGT	7369	RSC-3113	GTAEEAASASGSASGTPA ELTEPPGSPPGSP	7617
RSN-3114	GSAPSASGPPPGLTGPP GSPATSGSETPGT	7370	RSC-3114	GTAEEAASASGSASGPP GLTGPPGSPPGSP	7618
RSN-3115	GSAPSASGTPAPLGGEPP GSPATSGSETPGT	7371	RSC-3115	GTAEEAASASGSASGTPA PLGGEPGSPPGSP	7619
RSN-3125	GSAPSPAGAPEGLTGPA GSPATSGSETPGT	7372	RSC-3125	GTAEEAASASGSPAGAPE GLTGPA GSPPGSP	7620
RSN-3126	GSAPSPAGPPEGLETEA GSPATSGSETPGT	7373	RSC-3126	GTAEEAASASGSPAGPPE GLETEAGSPPGSP	7621
RSN-3127	GSAPSPTSGQGGLTGPG SEPATSGSETPGT	7374	RSC-3127	GTAEEAASASGSPPTSGQG GLTGPGSEPPGSP	7622
RSN-3131	GSAPSEAPPEGLETEST EPATSGSETPGT	7375	RSC-3131	GTAEEAASASGSEAPPE GLETESTEPPGSP	7623
RSN-3132	GSAPSEGSEPLELGAAS ETPATSGSETPGT	7376	RSC-3132	GTAEEAASASGSEGSEPL ELGAASETPPGSP	7624
RSN-3133	GSAPSESGPAGLEAPS ETPATSGSETPGT	7377	RSC-3133	GTAEEAASASGSESGPA GLEAPSETPPGSP	7625
RSN-3138	GSAPSEPTPPASLEAEPG SPATSGSETPGT	7378	RSC-3138	GTAEEAASASGSEPTPPA SLEAEPGSPPGSP	7626

[0305]

[0306]

일부 구현예에서, 대상 재조합 폴리펩티드 내로의 도입을 위한 RS는, RS가 기질인 다양한 프로테아제에 대해 상이한 절단 속도 및 상이한 절단 효율을 갖도록 하기 위하여 선택적으로 민감성이 되도록 설계될 수 있다. 주어진 프로테아제가 건강한 조직과 비교하여 또는 순환 중일 때와 비교하여, 종양, 혈액암, 또는 염증성 조직 또는 염증 부위를 포함하지만 이로 한정되지 않는 질병에 걸린 조직에서 상이한 농도로 발견될 수 있기 때문에, 본 발명은 재조합 폴리펩티드가 표적 세포 또는 조직 및 그의 공국재화된 프로테아제에 근접해 있을 때 건강한 조직 또는 그 순환에서의 RS의 절단 속도에 비하여 전구약물 형태로부터 활성 형태로 우선적으로 전환되어(즉, RS의 절단 후에 재조합 폴리펩티드로부터의 결합 모이어티 및 XTEN의 분리 및 방출에 의함), 방출된 항체 단편 결합 모이어티가 순환 중에 남아 있는 전구약물 형태에 비하여 질병에 걸린 조직 내의 리간드에 결합할 수 있는 더 큰 능력을 갖는 것을 보장하도록 하기 위하여, 주어진 프로테아제에 대해 더 높거나 더 낮은 절단 효율을 갖도록 조작된 개별 아미노산 서열들을 가진 RS를 제공한다. 그러한 선택적인 설계에 의해, 생성되는 조성물의 치료 지수가 개선될 수 있으며, 그 결과 그러한 부위-특이적 활성화를 도입하지 않은 통상적인 치료제에 비해 감소된 부작용을 가져온다.

[0307]

본 명세서에 사용되는 바와 같이, 절단 효율은 (실시예에서 더 상세히 설명되는) 생화학적 검정에서 프로테아제 효소에 각각 노출될 때 절단된 RS를 포함하는 시험 기질의 백분율 대 절단된 대조 기질 AC1611의 백분율의 비의 $\log_2$ 값으로서 정의되는데, 이 검정에서는 초기 기질 농도가 6 μ M인 상태에서 반응이 수행되고, 반응물을 37 °C에서 2시간 동안 인큐베이션한 후, EDTA를 첨가함으로써 정지시키고, 이때 분해 생성물 및 비절단된 기질의 양을 비환원성 SDS-PAGE에 의해 분석하여 절단된 백분율의 비를 확립한다. 절단 효율은 하기와 같이 계산된다:

$$\text{Log}_2 \left(\frac{\% \text{ Cleaved for substrate of interest}}{\% \text{ cleaved for AC1611 in the same experiment}} \right)$$

따라서, -1의 절단 효율은 절단된 시험 기질의 양이 대조 기질 대비 50%이었음을 의미하는 반면, +1의 절단 효율은 절단된 시험 기질의 양이 대조 기질 대비 200%이었음을 의미한다. 대조군에 비하여 시험 프로테아제에 의한 더 높은 절단 속도는 더 높은 절단 효율을 가져올 것이며, 대조군에 비하여 시험 프로테아제에 의한 더 느린 절단 속도는 더 낮은 절단 효율을 가져올 것이다. 실시예에 상세히 설명된 바와 같이, 아미노산 서열 EAGRSANHEPLGLVAT(서열 번호 7001)를 갖는 대조 RS 서열 AC1611(RSR-1517)이, 개별 프로테아제에 의한 절단 속도에 대해 시험관내 생화학적 검정에서 시험하였을 때, 프로테아제인 레구마인, MMP-2, MMP-7, MMP-9, MMP-14, uPA, 및 매트릭타제에 의한 적절한 기저선 절단 효율을 갖는 것으로 확립되었다. RS 펩티드에서의 개별 위치에서의 아미노산의 선택적 치환에 의해, RS의 라이브러리를 생성하고, 7가지의 프로테아제의 패널(실시예에 더 충분히 상세히 설명됨)에 대해 평가하였으며, 그 결과 원하는 절단 효율을 갖는 RS를 달성하기 위하여 적절한 아미노산 치환에 대한 가이드라인을 확립하는 데 사용되는 프로파일들이 생성되었다. 원하는 절단 효율을 갖는 RS를 제조하는 데 있어서는, 친수성 아미노산 A, E, G, P, S, 및 T를 사용한 치환이 바람직하지만, RS가 프로테아제에 의한 절단에 대한 적어도 약간의 민감성을 보

유하는 한 절단 효율을 조정하기 위하여 기타 다른 L-아미노산이 주어진 위치에서 치환될 수 있다. 활성을 보유하거나 달성할 펩티드에서의 아미노산의 보존적 치환은 당업자의 지식 및 능력 내에 충분히 있다. 일 구현예에서, 본 발명은 RS가 레구마인, MMP-1, MMP-2, MMP-7, MMP-9, MMP-11, MMP-14, uPA, 또는 마트립타제를 포함하지만 이로 한정되지 않는 프로테아제에 의해, 시험관내 생화학적 경쟁적 검정에서 서열 EAGRSANHEPLGLVAT(서열 번호 7001)를 갖는 대조 서열 RSR-1517의 동일한 프로테아제에 의한 절단에 비해 적어도 $0.2 \log_2$, 또는 $0.4 \log_2$, 또는 $0.8 \log_2$, 또는 $1.0 \log_2$ 더 높은 절단 효율로 절단되는 RS를 제공한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 RS가 레구마인, MMP-1, MMP-2, MMP-7, MMP-9, MMP-11, MMP-14, uPA, 또는 마트립타제를 포함하지만 이로 한정되지 않는 프로테아제에 의해, 시험관내 생화학적 경쟁적 검정에서 서열 EAGRSANHEPLGLVAT(서열 번호 7001)를 갖는 대조 서열 RSR-1517의 동일한 프로테아제에 의한 절단에 비해 적어도 $0.2 \log_2$, 또는 $0.4 \log_2$, 또는 $0.8 \log_2$, 또는 $1.0 \log_2$ 더 낮은 절단 효율로 절단되는 RS를 제공한다. 일 구현예에서, 본 발명은 레구마인, MMP-1, MMP-2, MMP-7, MMP-9, MMP-11, MMP-14, uPA, 또는 마트립타제를 포함하지만 이로 한정되지 않는 프로테아제에 의한 RS의 절단 속도가 서열 EAGRSANHEPLGLVAT(서열 번호 7001)를 갖는 대조 서열 RSR-1517에 비해 적어도 2배, 또는 적어도 4배, 또는 적어도 8배, 또는 적어도 16배 더 빠른 RS를 제공한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 레구마인, MMP-1, MMP-2, MMP-7, MMP-9, MMP-11, MMP-14, uPA, 또는 마트립타제를 포함하지만 이로 한정되지 않는 프로테아제에 의한 RS의 절단 속도가 서열 EAGRSANHEPLGLVAT(서열 번호 7001)를 갖는 대조 서열 RSR-1517에 비해 적어도 2배, 또는 적어도 4배, 또는 적어도 8배, 또는 적어도 16배 더 느린 RS를 제공한다.

[0308] 일부 구현예에서, 본 발명은 다수의 RS를 포함하는 AAC를 제공하며, 여기서 각 RS 서열은 본 명세서에서 **표 8a**에 제시된 서열들의 군에 의해 확인되고, RS는 글리신, 세린, 알라닌, 및 트레오닌인 1 내지 6개의 아미노산에 의해 서로 연결된다. 일 구현예에서, AAC는 제1 RS, 및 제1 RS와 상이한 제2 RS를 포함하며, 여기서 각 RS 서열은 본 명세서에서 **표 8a**에 제시된 서열들에 의해 확인되고, RS는 글리신, 세린, 알라닌, 및 트레오닌인 1 내지 6개의 아미노산에 의해 서로 연결된다. 일부 구현예에서, AAC는 제1 RS, 제1 RS와 상이한 제2 RS, 및 제1 RS 및 제2 RS와 상이한 제3 RS를 포함하며, 여기서 각 서열은 본 명세서에서 **표 8a**에 제시된 서열들에 의해 확인되고, 제1 RS와 제2 RS와 제3 RS는 글리신, 세린, 알라닌, 및 트레오닌인 1 내지 6개의 아미노산에 의해 서로 연결된다. AAC의 다수의 RS는 상이한 절단 속도 또는 절단 효율로 다수의 프로테아제에 의해 절단될 수 있는 서열을 형성하도록 연결될(concatenated) 수 있는 것으로 특별히 의도된다. 일부 구현예에서, 본 발명은 본 명세서에서 **표 8a** 및 **표 8b**에 제시된 서열에 의해 확인된 RS1 및 RS2, 및 XTEN 1 및 XTEN 2, 예컨대 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 것들을 포함하는 ACC를 제공하며, 여기서 RS1은 XTEN1과 결합 모이어티 사이에 융합되고, RS2는 XTEN2와 결합 모이어티 사이에 융합된다. 그러한 조성물은 건강한 조직과 비교하여 또는 정상 순환 중에 있을 때와 비교하여 다수의 프로테아제를 발현하는 질병에 걸린 표적 조직에 의해 더 용이하게 절단되며, 그 결과 결합 모이어티를 보유하여 생성되는 단편은 표적 조직, 예를 들어 종양을 더 용이하게 침투하고, 표적 세포 및 이펙터 세포에(또는 단일 결합 모이어티를 갖도록 설계된 AAC의 경우에는 단지 표적 세포에만) 결합하고 이를 연결시킬 수 있는 향상된 능력을 갖게 될 것으로 고려된다.

[0309] 본 발명의 RS는 암, 자가면역 질병, 염증성 질병 및 기타 다른 질환의 치료를 위한 치료제로서의 재조합 폴리펩티드 내에 포함시키기에 유용한데, 여기서는 재조합 폴리펩티드의 국제화된 활성화가 바람직하다. 대상 조성물은 충족되지 않은 필요성에 대처하고, 주사 시에 활성인 통상적인 항체 치료제 또는 이중특이성 항체 치료제에 비해 향상된 최종 반감기, 표적화된 전달, 및 건강한 조직에 대한 감소된 독성을 갖는 개선된 치료가능비(therapeutic ratio)를 포함한 하나 이상의 측면에서 월등하다.

[0310] 일부 구현예에서, (융합) 폴리펩티드는 (제1) XTEN과 생물학적 활성 폴리펩티드 사이에 위치한 제1 방출 세그먼트(RS1)를 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 생물학적 활성 폴리펩티드와 제2 XTEN 사이에 위치한 제2 방출 세그먼트(RS2)를 추가로 포함한다. 일부 구현예에서, RS1과 RS2는 서열이 동일하다. 일부 구현예에서, RS1과 RS2는 서열이 동일하지 않다. 일부 구현예에서, RS1은 본 명세서에서 **표 8a** 및 **표 8b**에서의 것들 또는 이의 하위세트에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, RS2는 본 명세서에서 **표 8a** 및 **표 8b**에서의 것들 또는 이의 하위세트에 의해 확인된 서열과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, RS1 및 RS2는 각각, 각각의 방출 세그먼트 서열 내의 1개, 2개, 또는 3개의 절단 부위에서의 다수의 프로테아제에 의한 절단을 위한 기질이다.

[0311] 참조 단편

[0312] 일부 구현예에서, (융합) 폴리펩티드는 프로테아제에 의한 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 하나 이상

의 참조 단편을 추가로 포함한다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 참조 단편은 각각 생물학적 활성 폴리펩티드의 일부분을 포함한다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 참조 단편은, 프로테아제에 의한 폴리펩티드의 분해 시에 폴리펩티드로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 펩티드 단편과 서열 및 분자량이 상이한 단일 참조 단편이다.

예시적인 폴리펩티드

본 발명의 조성물의 일부 구현예에서, 폴리펩티드는 표 D에 제시된 서열(서열 번호 12 내지 47로 구성됨) 또는 이의 하위세트와 적어도 (약) 80% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 재조합 폴리펩티드이다. 폴리펩티드는 표 D에 제시된 서열(서열 번호 12 내지 47) 또는 이의 하위세트와 적어도 (약) 81%, 적어도 (약) 82%, 적어도 (약) 83%, 적어도 (약) 84%, 적어도 (약) 85%, 적어도 (약) 86%, 적어도 (약) 87%, 적어도 (약) 88%, 적어도 (약) 89%, 적어도 (약) 90%, 적어도 (약) 91%, 적어도 (약) 92%, 적어도 (약) 93%, 적어도 (약) 94%, 적어도 (약) 95%, 적어도 (약) 96%, 적어도 (약) 97%, 적어도 (약) 98%, 적어도 (약) 99%, 또는 (약) 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 폴리펩티드는 표 D에 제시된 서열(서열 번호 12 내지 47) 또는 이의 하위세트와 적어도 (약) 90%, 적어도 (약) 91%, 적어도 (약) 92%, 적어도 (약) 93%, 적어도 (약) 94%, 적어도 (약) 95%, 적어도 (약) 96%, 적어도 (약) 97%, 적어도 (약) 98%, 적어도 (약) 99%, 또는 (약) 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 폴리펩티드는 표 D에 제시된 서열(서열 번호 12 내지 47) 또는 이의 하위세트와 동일한 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 본 발명의 조성물은 표 D에 제시된 아미노산 서열의 서열 변이체, 예컨대 삽입된 링커 서열(들)을 갖거나 거기에 부착된 정제 태그 서열(들)을 갖는 것을, 이러한 변이체가 실질적으로 유사하거나 동일한 생물활성/생물활성들 및/또는 활성과 기전(들)을 나타내는 한, 포함할 수 있는 것으로 특별히 고려된다.

[표 D] 폴리펩티드의 예시적인 아미노산 서열

서열 번호	아미노산 서열
12	ASSPAGSPTSTESGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPAGSPPTSTEEGSPAGSPPTSTEEGTSSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPPTSTEEGTSSTEPSEGSAPGTSTAPW EGSAPGGSAPLGGRADNHPEELGAGATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDPRVTITCASQDQVNTAVAW YQKQKPGKAPKLLIYSASFLYSGVPSPFSGSRSGTDFTLTITSSSLQPEDFATYYCQQHYHTTPTTFGGQTKVEI KGATPPTGAETESPGETTGGSAESEFPGEGEVLQVSEGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYTMVHWVRQA PGKLEWVARIYPTNGYTRYADSVKRGFTISADTSKNTAYLQMNLSRAEDTAVVYCSRWGGDGYFAMDYWG QGTLVTVSSGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSTGAVTTSNANYHWQKPGQAPAGRLIGGNTKRAPG TPEARESGSLGGSAALITLSGVQPEDEAVYYCALWYNLWVFGGTGLTVLGATPPTGAETESPGETTGG SAESEPPEGEVQLQESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTNYAMNWRQAPGKLEWVARIISKYNNYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVVYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGGQLTVTVSSGTAEAA ASGLGGRADNHPEELGAGSAGSPGSPAGSPTSTEEGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTST EGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST EEGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSSESATPESGAPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSAGSPTSTEEGTSSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPPTSTEEGTSSESATPESGPA GSPPTSTEEGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG PATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGSETPGT SESATPESGPGSPAGSPPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPPTSTEEGTSSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSSESATPESGPGTSTEPSEGS PGSPAGSPPTSTEEGTSSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSG ETFGSPAGSPPTSTEEGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSSTEP GSAPTATESPESGAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSAESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTESAS
13	ASSPAGSPTSTESGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGS TPEGTSESATPESGPGSPAGSPPTSTEEGSPAGSPPTSTEEGTSSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPPTSTEEGTSSTEPSEGSAPGTSTAPW EGSAPGGSAPASTRGENAGPAGLEAPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDPRVTITCASQDQVNTAVAW YQKQKPGKAPKLLIYSASYRTGVSPFSGSGSGTDFTLTITSSSLQPEDFATYYCQQYIYPYTFGGQTKVEI KGATPPTGAETESPGETTGGSAESEFPGEGEVLQVSEGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYTMVHWVRQA PGKLEWVADVPNSGGSIYNRKFRGFTLSVDRSKNTLYLQMNLSRAEDTAVVYCARNLGTSFYFDYWG GTLTVTVSSGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSTGAVTTSNANYHWQKPGQAPAGRLIGGNTKRAPG TPEARESGSLGGKALITLSGVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGTGLTVLGATPPTGAETESPGETTGG AESEPPPEGEVQLLESGGGVQPGGSLRLSCAASGFTFTNYAMNWRQAPGKLEWVARIISKYNNYATY ADSVKDRFTISRDDSKNTLYLQMNNLKTEDTAVVYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGGQLTVTVSSGTAEAA SGASTRGENAGPAGLEAPFGSPAGSPPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGS AGSPPTSTEEGTSSESATPESGAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGSET GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPPTSTEEGTSSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG

서열 번호	아미노산 서열
	PGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGPRA
14	ASSPAGSPSTSTESGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS TPEGTSATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSTSTEE EGSPAGGSAPEAGRSANHTPAGLTGPATSGSETPGTEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCKASQDVSIQVAV YQQKFGQAPRLLIYSASYRYSYGVPARFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYQCQYIYIYPTFGQGTKVEI KGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEQVQLVQSGVEVKKPGASVKVSCKASGFTFTDYMWDVVRQA PGQGLEWMADVNPNSGGSIYNQRFKGRVTLTDSSTTTAYMELKSLQFDDTAVYYCARNLGPSFYFDYWGQ GTLVTSSGGGSELVVTQEPFLTVSPGGTVTLTCSRSHGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGINKRAPG TFAFSGSSLGKKAALTLSGVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETTGGSA AESEPPGEGEVQLQESGGGIVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIISKYNNYATYY ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHNFNGNSYVSWFAHWGQGTTLVTSSGTAEAASA SGEAGRSANHTPAGLTGPTEPGSPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSP APGTSTSTEEGSPAGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP SGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSESATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTST EPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT
15	SPAGSPSTSTESGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSTSTEE SAPGGSAPLFGGRNDNHEPLGGLGATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQDVNTAVAWYQ QKPGKAPKLLIYSASFLYSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISSELEPEDFATYQCQHYITPPTFGQGTKVEIKG ATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTNIDYIHWVRQAPG KGLEWVARIYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNLSRAEDTAVYYCSRWGGDGFYAMDYWGQ TLVTSSGGGSELVVTQEPFLTVSPGGTVTLTCSRSTGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGINKRAPGT PARFSGSSLGKKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYNSLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETTGGSA ESEPPEGEVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIISKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHNFNGNSYVSWFAHWGQGTTLVTSSGTAEAASAS GLFGRNDNHEPLGGLGATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQDVNTAVAWYQ PSEGSAPGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGTST GSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT ESATPESGPGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGT SESATPESGPGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSTSTEEGSPAGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAG
16	ASSPAGSPSTSTESGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEEGSPAGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEEGSPAGTSTSTEE EGSPAGGSAPEAGRSANHTPAGLTGPATSGSETPGTEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCKASQDVSIQVAV VAVYQQKPGQAPRLLIYSASYRYSYGVPARFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYQCQYIYIYPTFGQGT VEIKGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEQVQLVQSGVEVKKPGASVKVSCKASGFTFTDYMWDV RQAPGQGLEWMADVNPNSGGSIYNQRFKGRVTLTDSSTTTAYMELKSLQFDDTAVYYCARNLGPSFYFDY

[0317]

서 면 번호	아미노산 서열
	WGQGTLLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLVSPGGTTLTLCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKR APGTFARESGSLGKKAALTLGQVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETT GGSAESEPFGGEVQLLESGGGIVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA TYYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNHLKTEDTAVYYCVRHNEFGNSYVSWFAHWGGQTLVTVSSGTAE ASASGRGTGRGTESANETPAGLGGPGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGSEPATSGSETGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP
17	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTFAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGPSAGGRTDNHEPLELGAATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCKASQDVSLGVAW YQKPGKAPKLLIYASARYTGVPSRFSGSGSDFTLTLSLQPEDFATYYCQYYIYPTTFGGTKVEI KGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPFGGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYMWRQA PGKGLEWVADVNPNSGGSIYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARNLGPSFYFDYWGQ GTLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLVSPGGTTLTLCRSSGTGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKRAPG TPARFSGSLGKKAALTLGQVQPEDEAEYCALWYPNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETTGG AESEPPFGGEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNHLKTEDTAVYYCVRHNEFGNSYVSWFAHWGGQTLVTVSSGTAEASA SGGAGRTDNHEPLELGAATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP SGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSESATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA
18	GSFAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS PGTSESATPESGPGSESATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST PSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT TEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPTSTEEGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPESGRAANTGPPTLTAPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQDVNTAV AWYQKPGKAPKLLIYASFLYSGVPSRFSGSRSGDFTLTLSLQPEDFATYYCQHYTTPTFGGTKV EIKGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPFGGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFNIKDTYIHWVR QAPGKGLEWVARIYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCSRWGGDGFYAMDY WGQGTLLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLVSPGGTTLTLCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKR APGTFARESGSLGKKAALTLGQVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETT GGSAESEPFGGEVQLLESGGGIVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA

[0318]

서열 번호	아미노산 서열
	TYYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHNFNGNSYVSWFAHWGQGTILVTVSSGTAEAA ASAGGESGRAANTGPPTLTAPPGPSAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGPSAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG
19	ASSPAGSPSTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGPSAPAGSTNAGPPGLTGPAATSGSETPGTDIQMTQSPSSLASVGDRTVITCRASQDVNTAVAW YQQKPGKAPKLLIYASFLYSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQHHYTPPTFGQGTKEVEI KGATPPETGAETESPGETGGSAESEPPEGEVQLVSEGGGLVQPGGSLRLSCAASGFINIKDTYIHVWRQA PGKLEWVARLYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCSRWGGDGFYAMDYWG QGTILVTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTTLTCSRSTGAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGSTNKRAP GTPARFSGSLGGKAALTLISGVQPEDAEYYCALWYSNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETGG SAEEPPEGEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTENTYAMNWVRQAPKGLEWVARIRSKYNNYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHNFNGNSYVSWFAYWGQGTILVTVSSGTAEAA ASGASGRSTNAGPPGLTGPPGPSAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPE SGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG
20	SAGSPGPSAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSTPAESGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPSTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPST STEEGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPAT SSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGPSAGSPSTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGTESASLFGPNNDNHEPLELGGGATSGSETPGTEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCAKASQDV SIGVAVYQQKPGQAPRLLIYASARYSGVPARFSGSGGTDFLTISLLEPEDFAVYYCQYYIYPYTFGQ

[0319]

서 번 호	아미노산 서열
	GTKVEIKGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGGVQLVQSGVEVKKPGASVKVSCKASGFTFTDYTE DWVRQAPQGGLLEWADVNPNSGGSIYNQRFKGRVTLTDDSSITTAIMELEKSLQFDDTAVYVCARNLGPSEFY FDYWGQGTLLVTVSSGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSGNGAVTSNNYANWVQKPGQAPRGLIGGT NKRAPGTPARFSGSLGGKAALTLGSGVQPEDEAVYCALWYNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPG ETTTGSAESEPPEGGEVQLLESGGGIVQPGGSLKLSCAAAGFTFTNYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN NYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNLLKTEDTAVYVCVRHNFNGNSYVSWFAHWGGGTLVTVSSGT AEAASASGLFGRNDNHEPLELGGEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TFESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT SPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTST EGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESAT
21	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS PATSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSE ESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP PSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEG PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP TSTEPSEGSAPTTGRAGEAEGATAGATGPGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDVITICRASQDVN GAVWYQKPKAPKLLIYASFLYSGVPSRFSRSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQHYTTPPTFGQG TKVEIKGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGGEVQLVSGGGGLVQPGGSLRLSCAASGFNIKDTYI HWWVRQAPGKGLEWVARIYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNLSLAEDTAVYVCSRWGGDGYA MDYWGQGTLLVTVSSGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSGTGAVTTSNNYANWVQKPGQAPRGLIGGT NKRAPGTPARFSGSLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYCALWYNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPG ETTTGSAESEPPEGGEVQLLESGGGIVQPGGSLKLSCAAAGFTFTNYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN NYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYVCVRHNFNGNSYVSWFAHWGGGTLVTVSSGT AEAASASGTTGRAGEAEGATAGATGPGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSG
22	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTETEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTFAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS TPEGTSSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESAT ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGGSAPASGRGTNAGFAGLTGPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDVITICRASQDVSIQVAV YQKFKGAPKLLIYASRYRTGVPSRFSRSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQYYIYPTTFGQGTKEI KGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGGEVQLVSGGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYTEWVRQA PGKGLEWADVNPNSGGSIYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNLSLAEDTAVYVCARNLGPSEFYFDYWGQ GTLVTVSSGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSGNGAVTSNNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKRAPG

[0320]

서열 번호	아미노산 서열
	TPARFSGSSLGKKAALTLGSGVQPEDEAVYYCALWYNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETTGGG AESFFPGGEGVLQESGGGIVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWRQAPGKGLWVARIRSKYNNYATYY ADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHNFNGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAEAAASA SGASGRGTINAGPAGLTGPPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS PGSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG
23	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS TPEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSPAGGSPAGGRDNDNHEPLELGAATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTTICRASQDVNTAVAW YQKRFKAPKLLIYASFLYSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQHHYTTPTFGQGTKEVEI KGATFPETGAETESPGETTGGSAESEPFGGEGVLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTNIDTYLHWVRQA PGKGLWVARITYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNLSRAEDTAVYYCSRWGGDGFYAMDYWG QGTLVTVSSGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKRAP GTPARFSGSSLGKSAALTLGSGVQPEDEAEYYCALWYNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETTGG SAESEPPGEGEVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWRQAPGKGLWVARIRSKYNNYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHNFNGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAEAA ASGGAGRTDNDNHEPLELGAAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPTGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT GSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTlab TSESATPESGPGSEPATSGTPEGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGEPEA
24	SAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSTPAESGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPSTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPAT GSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA

[0321]

[illegible]

서열 번호	아미노산 서열
	ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGGSAPTGRGTGESANETPAGLGGPATSGSETPGTEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCKASQDVSIG VAVYQQKPGQAPRLLIYSASYRYSGVPAFSGSGSGTDFTLTISLLEPEDFAVYYCQQYYIYPYTFGGQTK VEIKGATPEETGAETESPGETTGGSAESEPFGGEVQLVQSGVEVKKPGASVKVSKASGFTFTDYMWDV RQAPGQGLEWMADVNPNSGGSIYNQRFKGRVTLTDSSTTTAYMELKSLQFDDTAVYYCARNLGPSEFYFDY WGQGTLLTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCSRSTGAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKR APGTPARFSGSGSLGGSAALTLISGVQPEDEAEYCALWYSNLWVFGGGTKLTVLGATPEETGAETESPGETT GGSAESEPFGGEVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTENTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNHLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGQGTLLTVSSGTAEAA ASASGRGTGRGTGESANETPAGLGGPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS SAPGSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSP TSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG
27	ASSPAGSPTSTESGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGGSAPLFGRRNDNHEPLELGGGATSGSETPGTDIQTQSPSSLSASVGDRTITCKASQDVSIGVAV YQQKPGKAPKLLIYSASYRYTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQYYIYPYTFGGQTKVEI KGATPEETGAETESPGETTGGSAESEPFGGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYMWDVWRQA PGKGLEWADVNPNSGGSIYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARNLGPSEFYFDYWGQ GTLLTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCSRSTGAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKRAPG TPARFSGSLGGKAALTLISGVQPEDEAEYCALWYSNLWVFGGGTKLTVLGATPEETGAETESPGETTGG SAESEPFGGEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTENTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNHLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGQGTLLTVSSGTAEAA SGLFGRRNDNHEPLELGGGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS FSGPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGftabT SESATPESGPGSEPATSGTSEGSSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGEPEA
28	ASSPAGSPTSTESGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS TPEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGGSAPTTRAGEAANATAGATGPATSGSETPGTDIQTQSPSSLSASVGDRTITCRASQDVNTA VAVYQQKPGKAPKLLIYSASFLYSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQHYITPTFTGGQTK VEIKGATPEETGAETESPGETTGGSAESEPFGGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTNIDTYIHVV RQAPGKGLEWVARITYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNLSRAEDTAVYYCSRWGGDGFYAMD YWQGTLLTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCSRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNK RAPGTPARFSGSLGGKAALTLISGVQPEDEAVYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVLGATPEETGAETESPGET

[0323]

서열 번호	아미노산 서열
	TGGSASEEPPGEQVQLLESQGGIVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWRQAPGKGLWVARIIRSKYNNY ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNKLKTEDTAVYYCVRHENGFGNSYVSWFAHWGQGLVTVSSGTAE AASASGTTGRAGEAANATAGATGPGSAGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTST EEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESAT PESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST PSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTATSPESGAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSAESATPESGPGSEPATSGSETP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTESAS
29	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE SAPGGSAPTTRATEAANATPAGLTGPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCKASQDVSIGVA WYQKPKGKAPKLLIYSASYRYTGVPFRFSGSGSGTDLTISLQPEDFATYYCQYYIYPTTEGQGTKE IKGATPPETGAETESPGETTGGSAEPPGEQVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYTMDWVRQ APGKGLWVADVNPNSSGGSIYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARNLGPSFYFDYWG QGLVTVSSGGGSELVVTGEPFLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKRAP GTPARFSGSSLGGSAAALTLGQVQPEDEAEYYCALWYSLNWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETTGG SAESSEPPGEQVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWRQAPGKGLWVARIIRSKYNNYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNKLKTEDTAVYYCVRHENGFGNSYVSWFAHWGQGLVTVSSGTAEAS ASGTTGRATEAANATPAGLTGPATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPAT SSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG EPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSESATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT
30	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS PGTSESATPESGPGSESATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAFGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST PSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPTARAGSAENLSPSGLTGPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCKASQDVS

[0324]

서열 번호	아미노산 서열
	EGSAPGGGSAPTGRSGEGANATPSGLTGPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLASVGDVITITCRASQDVNTA VAWYQKPKGAPKLLIYSASFLYSGVPSRFSGSRSGTDFTLTITSSIQPEDFATYYCQHHYITPPTFGQGT VEIKGATPPTGAETESPGETTGGSAESEPFGEGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFINIKDTYIHWV RQAPGKLEWVARIYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCSRWGGDGFYAMD YWGQGLTIVTSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTTLTLCRSSSTGAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNK RAPGTPARFSGSLGGAALTLGSGVQPEDEAVYYCALWYNLWVFGGGTKLTLVGLATPPTGAETESPGET TGGSAESEPFGEGEVQLLESAGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKLEWVARIKSKYNNY ATYYADSVKDRITISRDTSKNTAYLQMNLKTEDTAVYYCVRHGNEFGNSYVSWFAYWGQGLTIVTSSGTAE AASAGPTGRSGEGANATPSGLTGPAGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESG PGFTabTSESATPESGPGSEPATSGTSESGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTP SEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPEA
33	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPPTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGGSAPLGRADNHEPPELGAGATSGSETPGTDIQMTQSPSSLASVGDVITITCRASQDVNTAVAW YQKPKGAPKLLIYSASFLYSGVPSRFSGSRSGTDFTLTITSSIQPEDFATYYCQHHYITPPTFGQGT KGATPPTGAETESPGETTGGSAESEPFGEGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFINIKDTYIHWVRQA PGKLEWVARIYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCSRWGGDGFYAMDYWG QGLTIVTSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTTLTLCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKRA GTPARFSGSLGGAALTLGSGVQPEDEAVYYCALWYNLWVFGGGTKLTLVGLATPPTGAETESPGETTGG SAESEPFGEGEVQLLESAGGIQVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKLEWVARIKSKYNNYATY YADSVKDRITISRDTSKNTVYLQMNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTIVTSSGTAEAS ASGLGRADNHEPPELGAGTPEGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE SAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSP TSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT TERSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA
34	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPPTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGGSAPFAGRSANHTPAGLTGPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLASVGDVITITCRASQDVSIQVAV YQKPKGAPKLLIYSASRYTGVPSRFSGSGSGTDFTLTITSSIQPEDFATYYCQHHYITPPTFGQGT KGATPPTGAETESPGETTGGSAESEPFGEGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFDTYMDWVRQA PGKLEWVADVNPNSGGSIYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARNLGPSTFYDYWGQ GTLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTTLTLCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKRA GTPARFSGSLGGAALTLGSGVQPEDEAVYYCALWYNLWVFGGGTKLTLVGLATPPTGAETESPGETTGG SAESEPFGEGEVQLLESAGGIQVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKLEWVARIKSKYNNYATY

[0326]

서열 번호	아미노산 서열
	YADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAEAAAS ASGEAGRSANTHPAGLTGPAGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPES SGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTPSEGSAPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGFEA
35	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGGSAPAGGTDNHEPLELGAATSGSETPGTEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCKASQDVSIGVAV YQQKPGQAPRLLIYSASYRYSYGVPARFSGSGSDFTLTISLLEPEDFAVYYCQQYYIYPYTFGQGTKEI KGATPPETGAETESPGETTGGSASEPPEGGQVQLVQSGVEVKKPGASVVKVSCASGFTFTDYTMDWVRQA PGQGLEWMADVNPNSSGGSIYNQRFKGRVTLTDSSTTTAYMELKSLQFDDTAVYYCARNLGPSFYFDYWGQ GTLVTVSSGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSTGAVTTSNYANWVQKPGQAPRLIGGTNKRAPG TPARFSGSSLGGSAALTLSGVQPEDEAEVYCALWYNLWVFGGKTLTVLGATPPETGAETESPGETTGGS AESEPPGEQVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTENTYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGFNGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAEAAAS SGGAGPTDNHPELLEGAAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGS AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSET GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTPSEGSAPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGFEA
36	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS PATSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST PSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEG PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPASGRAANETPPGLTGAATSGSETPGTEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCKASQDVSIGV AWYQKPGQAPRLLIYSASYRYSYGVPARFSGSGSDFTLTISLLEPEDFAVYYCQQYYIYPYTFGQGTKEI EIKGATPPETGAETESPGETTGGSASEPPEGGQVQLVQSGVEVKKPGASVVKVSCASGFTFTDYTMDWVR QAPGQGLEWMADVNPNSSGGSIYNQRFKGRVTLTDSSTTTAYMELKSLQFDDTAVYYCARNLGPSFYFDY GQGLTVTVSSGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRLIGGTNKR PGTPARFSGSSLGGKAALTLSGVQPEDEAEVYCALWYNLWVFGGKTLTVLGATPPETGAETESPGETTG GSAEPPGEQVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTENTYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT YYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAEAA SASGASGRAANETPPGLTGAAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST

[0327]

서열 번호	아미노산 서열
	TEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE EGSAPGTSESATPESGGPGTSESATPESGGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEP PSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGSE ATSGSETPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPG EPATSGSETPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGTSESATPESGP GTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP PGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGSEPATSGS TETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE EGSAPGTATPESGGAPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSAESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSTEP PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGTESAS
37	SAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGGPGTSTAESGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEP PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGT SESATPESGGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATP SGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGTSESATPESGGPGTSESATPESGGPGSEPAT GSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT ESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGGPGTESASESGRAANTGPTLTAPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTTITCKASQDV SIGVAVYQQKPKGKAPKLLIYASRYRTGVPSRFRSGSGTDFTLTSSSLQPEDFATYYCQQYYIYPTTFGQ GTKVEIKGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYTM DWVRQAPGKGLWVADVNPNSGGSIYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARNLGPSTFY FDYWGQGLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQQKPKGQAPRGLIGGT NKRAPGTPTPFGSLGGLKAALTLGSGVQPEDEAVYYCALWYNLWVFGGGRKTLVLTGATPPETGAETESPG ETTGGSAESEPGEVQLQESGGGIQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGLWVARIIRSKYN NYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGT AEAASASGESGRAANTGPTLTAPAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAG SPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGGPGTSESATPESGGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGT SESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTST EGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGSEPATSG ETPGTSESATPESGGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGTSESAT ESGPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGGPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGGPGSEPATSGSETPGSEPA

[0328]

서열 번호	아미노산 서열
	TSGSTETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTATESPESGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSAESATPESGPGSEPATSGSETPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTESAS
38	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS TEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP ESGAPGGSAPASGRGTINAGPAGLTGSPATSGSETPGTEIVLTQSPATLSLSPGERATLSKASQDVSIIGVAV YQQKPGQAPRLLIYSASRYSGVPAFSGSGSGDTFTLTISSELEPDEFAVYVYQQYYIYPYTFGGTKVEI KGATPFETGAETSPGETTGGSAESPPGEGQVQLVQSGEVEVKKPGASVKVSKASGGFTFDYTMWVRQA PGQGLEWMADVNPNSSGGSIYNQKRGKRVLTDDSTIYAMELKSQEDDTAVYICARNLGPSEFYDYWGQ GTLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSGTAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGGINKRAPG TPARFSGSLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYICALWYSLNWLVGFGGKRLTLVLGATPPTGAETSEPTTGG AESEFPGEGEVQLLESGGGLVQPGSLKLSLCAASGFTNTYAMNWVRQAPGKGLWVARIISKYNNIYATY ASVVKDRFTISRDDSKNTAYLQNMNLKTEDTAVYVVRHGHFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAEASA SGASGRGINAGPAGLTGPEGAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG GSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTST EGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATP SGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESAT ESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSESAT
39	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS TEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP EGSAPGGSAPASGRGTINAGPAGLTGSPATSGSETPGTDIQTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDVNTAVAW YQQKPGKAPKLLIYSASFLYSGVPSRFSGSRSGDTFTLTISSELEPDEFAVYVYQQYYIYPYTFGGTKVEI KGATPFETGAETSPGETTGGSAESPPGEGQVQLVQSGEVEVKKPGASVKVSKASGGFTFDYTMWVRQA PGKGLEWMADVNPNSSGGSIYNQKRGKRVLTDDSTIYAMELKSQEDDTAVYICARNLGPSEFYDYWGQ GTLVTVTVSSGGGSELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCRSSNGAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGGINKRAP QTPARFSGSLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYICALWYSLNWLVGFGGKRLTLVLGATPPTGAETSEPTTGG SAESEFPGEGEVQLLESGGGLVQPGSLKLSLCAASGFTNTYAMNWVRQAPGKGLWVARIISKYNNIYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQNMNLKTEDTAVYVVRHGHFGNSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAEASA ASGERASANTHPAGLTGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEP EGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE SAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGS PGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGST ETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTATESPESGAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSAESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTESAS

서열 번호	아미노산 서열
40	ASSPAGSPSTSTESGTSSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTEPSGSAAGTSTEPS EGSAPGGSAPASTRGENAGPAGLEAPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCKASQDVSIGVAV YQQKFGKAPKLLIYSASYRYTGVPFRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQYYIYPYTFGQGTKEI KGATFPETGAETESPGETGGSAESEPFGGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYTEMDVWRQA FGKGLEWVADVNPNSGGSIYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARNLGFSEYFDYWGQ GTLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSGTGAVTTSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTRKRAFG TPARFSGSSLGGAALTLGSGVQPEDEAYYCALWYNLWVFGGGTKLTVLGATFPETGAETESPGETGGG AESEPPGGEVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGFNGNSYVSWFAHWGQGTGLTVTVSSGTA SGASTRGENAGPAGLEAPPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGSPAGSPSTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTST ESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGT SESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGT TSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSA SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPST TEEGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTfAbT SESATPESGPGSEPATSGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGT SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGT
41	GSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSA PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGTSTSTEPSG APGTSTSTEPSGSAAGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGTSTSTEPSG SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSTEPS EGSAPGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGSPAGSPSTSTEEGTSTST SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTST PSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST TEPSEGSAPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEG PAGSPSTSTEEGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSA GTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSG IGVAVYQKPGQAPRLLIYSASYRYSGVPRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFAVYYCQYYIYPYTFGQGT TKVEIKGATFPETGAETESPGETGGSAESEPFGGEVQLVQSGVEVKKPGASVKVSCKASGFTFTDYTEMD WVRQAPGGGLEWADVNPNSGGSIYNQRFKGRVTLTDSSTITAYMELKSLQFDDTAVYYCARNLGFSEYF DYWGQGTGLTVTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTR KRAFGTPARFSGSSLGGAALTLGSGVQPEDEAVYCALWYNLWVFGGGTKLTVLGATFPETGAETESPGG TTGSAESEPFGGEVQLQESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGFNGNSYVSWFAHWGQGTGLTVTVSSGTA EAASAGSPTRSGEGANATPSGLTGPPGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTSTEPSGSAAGTSTEPS EGSAPGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGSPAG SPTSTEEGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTSTEPSGSAAGSPAGSPSTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT ESATPESGPGSPAGSPSTSTEEGSPAGSPSTSTEEGTSTSTEPSGSAAGTSESATPESGPGTSESATPESGPGT

[0330]

서열 번호	아미노산 서열
	SESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG
42	SPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTPESG SAPGGSAPRTGRTGESANETPAGLGGPATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDVRTITCKASQDVSIGVA WYQQRKPKAPKLLIYSASRYRTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQYYIYFYTFGQGTKE IKGATPPETGAETESPGTETGGSASEPPGEGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFTDYMVWRQ APGKGLEWVADVNPNSGGS IYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARNLGPSFYFDYWG GGTLVTVSSGGSELVVTQEPSLTVSPGGTPTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGINKRAF GTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAVYYCALWYFNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETGG SAESEPPEGEGEVQLLESGGGIQVPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNILKTEDTAVYYCVRHNFNGSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAEAA ASGRTGRTGESANETPAGLGPPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSTPESGSPAGTSTEPSEGSAPGTESTPESGSPAGTSTEPSEGSAPGTESTPESGSPAGTSTEPSEGS PGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSES TPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTPESGSPAGSEPA TSGETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPEA
43	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTPS EGSAPGGSAPTTARAGSAENLSPSGLTGPAATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDVRTITCRASQDVNTA VWVQQRKPKAPKLLIYSASFLYSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQHYITPPFTFGGK VEIKGATPPETGAETESPGETGGSASEPPGEGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTIKDTYIHWV RQAPGKGLEWVARIYPTNGYTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNLSLRAEDTAVYYCSPWGGDGFYAMD YWGQGLTVTVSSGGSELVVTQEPSLTVSPGGTPTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGINK RAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYFNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGET TGGSASEPPPEGEGEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNTYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY ATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNILKTEDTAVYYCVRHNFNGSYVSWFAHWGQGLTVTVSSGTAE AASAGTTARAGSAENLSPSGLTGPPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGTESTPESGSPAGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTPESGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTPS EGSAPGTESTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTESTP SEGSAPGTESTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTPESGSPAGTSTEPSEGSAPGTESTPESGSPAGTSTEPSEGSAPGTEST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEG PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTPESG APGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG
44	ASSPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS TEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTESTPS EGSAPGGSAPLGRADNHPELGGATSGSETPGTDIQMTQSPSSLSASVGDVRTITCKASQDVSIGVAV

[0331]

서열 번호	아미노산 서열
	YQQKPGKAPKLLIYSASYRYTGVPSRFGSGSGSDFTLTITSSLPQEDFATYYCQQYYIYPYTFGQGTKEI KGATPFETGAETESPGETTGGSAESEPFGEGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGETFTDYMWDWRQA PGKGLEWVADVPNPNSSGGSIYNQRFKGRFTLSVDRSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAPNLGFSFYFDYWGQ GTLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKRAPG TPAREFGSSLGGSAAALTLGSGVQPEDEAVYYCALWYNLWVFGGGTKLTVLGATFPETGAETESPGETTGG AESEPPFGEVQLQESGGGIVQPGGSLKLSCAASGETFNTYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADSVKDRFTISRDDSKNTVYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHNFNGSYVSWFAHWGQGTGLVTVSSGTAEASA SGLGGRADNHEPPELGAGTPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSES ATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSESATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA
45	SPAGSPTSTESGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP PTAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE SAPGGSAPTTGRAGEAEGATAGATGPATSGSETPGTDIQTQSPSSLSASVGDRTITCRASQDVNTAVA WYQQKPGKAPKLLIYSASLYSGVPSRFGSGRSGTDFTLTITSSLPQEDFATYYCQQHYTTPPTFGQGTKE IKGATFPETGAETESPGETTGGSAESEPFGEGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTNFKDTYIHWVRQ APGKGLEWVARIPYPTNGYTRYADSVKGRFTISRDTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCSRWGGDGFYAMDY GQGTGLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCRSSNGAVTSSNYANWVQKPGQAPRGLIGGTNKR PGTTPAREFGSSLGGSAAALTLGSGVQPEDEAEYYCALWYNLWVFGGGTKLTVLGATFPETGAETESPGETT GSAESEPFGEGEVQLQESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFNTYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHNGFNGSYVSWFAYWGQGTGLVTVSSGTAEAA SASGTTGRAGEAEGATAGATGPEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAG PTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTST PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT ESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESAT
46	SAGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSTPAESGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES PGGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPAT GSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT

[0332]

서열 번호	아미노산 서열
	SESATPESGPGTESASTTGRAGEAANATSAGATGPATSGSETFGTDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRAS QDVNTAVAWYQQKPKAPKLLIYSASFYSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISLQPEDEATYQCQHYITPPT FQGGTKVEIKGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLVESGGGIVQPGGSLRLSCAASGFINIKD TYIHWVQAPGKGLWVARIYPTNGVTRYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNSLRADTAVYYCSRWGGD GFYAMDYWGQGTLLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCSRSTGAVITSNYANWVQQKPGQAPRGL IGGTNKPAAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAET ESPGETTGGSAESEPPEGEVQLLESGGGIVQPGGSLKLSCAASGFTENTYAMNWPQAPGKGLWVARIIR SKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNEFGNSYVSWFAHWGQGTLLVTV SSGTAEEAASAGTTGRAGEAANATSAGATGPPGSPAGSPTSTEETSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEETSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSP FAGSPTSTEETSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAP PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS SGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEETSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS PEGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS SGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSE ATFESGPGftabTSESATPESGPGSEPATSGPTESGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGEPEA
47	ASFPAGSPTSTESGTSSESATPESGPGTETEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS TPEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS ESFGPTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAPGSTEPSE EGSAFGSAPTIGRATEAANATPAGLTGPATSGSETPGTEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCAKASQDVSIG VAWYQQKPGQAPRLLIYSASYRYSYSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDEATYQCQHYIYPTFGQGTK VEIKGATPPETGAETESPGETTGGSAESEPPEGEVQLVESGGGIVQPGGSLKLSCAASGFTENTYAMNWPQAPGKGLWVARIIR RQAPGQGLEWMADVNPNSSGGSIYNQRFKGRVTLTDSSTTTAYMELKSLQFDDTAVYYCARNLGPSTFYEDY WGQGTLLVTVSSGGGSELVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCSRSTGAVITSNYANWVQQKPGQAPRGLIGGTNKR APGTTPARFSGSLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYPNLWVFGGGTKLTVLGATPPETGAETESPGETT GGSAAESEPPEGEVQLLESGGGIVQPGGSLKLSCAASGFTENTYAMNWPQAPGKGLWVARIIRSKYNNYA TYADSVKDRFTISRDDSKNTVYLMNNLKTEDTAVYYCVRHENFGNSYVSWFAHWGQGTLLVTVSSGTAEEA ASAGTTGRATEAANATPAGLTGPPGSPAGSPTSTEETSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS SAPGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS TSTEETSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGS SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSE ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSTEPSE SATFESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEETSTEPSEGSAPGSTEPSEGSAPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGEPEA

[0333]

[0334]

폴리펩티드 혼합물

[0335]

개시된 본 발명은 다양한 길이의 복수의 폴리펩티드들을 포함하는 혼합물을 포함하며; 혼합물은 폴리펩티드들의 제1 세트 및 폴리펩티드들의 제2 세트를 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드들의 제1 세트의 각 폴리펩티드는, (a) 프로테아제에 의한 분해에 의해 폴리펩티드로부터 방출 가능하고, (b) 폴리펩티드들의 제1 세트로부터 방출 가능한 기타 다른 모든 단편의 서열 및 분자량과 상이한 서열 및 분자량을 갖는 바코드 단편을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드들의 제2 세트는 (예를 들어, 절단으로 인해) 폴리펩티드들의 제1 세트의 바코드 단편이 결여되어 있다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드들의 제1 세트 및 폴리펩티드들의 제2 세트 둘 모두는 각각, (a) 폴리펩티드들의 제1 세트 및 폴리펩티드들의 제2 세트에 공통이고, (b) 프로테아제에 의한 분해에 의해 방출 가능한 참조 단편을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드들의 제1 세트 내 참조 단편을 포함하는 폴리펩티드의 비는 0.70 초과이다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드들의 제1 세트 내 참조 단편을 포함하는 폴리펩티드의 비는 0.80, 0.90, 0.95, 또는 0.98 초과이다. 일부 구현예에서, 참조 단편은 폴리펩티드들의 제1 세트 및 폴리펩티드들의 제2 세트의 각 폴리펩티드에서 1회 이하로 발생한다. 일부 구현예에서, 프로테아제는 글루탐산 잔기의 C-말단 측에서 절단하는 프로테아제이다. 일부 구현예에서, 프로테아제는 Glu-C 프로테아제이다. 일부 구현예에서, 프로테아제는 트립신이 아니다. 일부 구현예에서, 다양한 길이의 폴리펩티드들은 적어도 하나의 연장된 재조합 폴리펩티드(XTEN), 예컨대 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 임의의 것을 포함하는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드들의 제1 세트는 전장 폴리펩티드를 포함하며, 여기서 바코드 단편은 전장 폴리펩티드의 일부분이다. 일부 구현예에서, 전장 폴리펩티드는 (융합) 폴리펩티드, 예컨대 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 임의의 것이다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 전장 폴리펩티드의 N-말단 아미노산 및 C-말단 아미노산 둘 모두에서 결여되어 있다(포함하지 않는다). 일부 구현예에서, 다양한 길이의 폴리펩티드들의 혼합물은 전장 폴리펩티드의 N-말단 절단, C-말단 절단, 또는 N-말단 절단 및 C-말단 절단 둘 모두로 인해 서로 상이하다. 일부 구현예에서, 폴리펩티드들의 제1 세트와 폴리펩티드들의 제2 세트는 하나 이상의 약리학적 특성이 상이할 수 있다. 비제한적인 예시적인 특성은 하기를 포함한다.

[0336] 폴리펩티드 특성화 방법

[0337] 개시된 본 발명은 다양한 길이의 폴리펩티드들을 포함하는 혼합물에서, 혼합물 내의 폴리펩티드들의 제1 세트 대 혼합물 내의 폴리펩티드들의 제2 세트의 상대량을 평가하기 위한 방법을 포함하며, 상기 방법에서 (1) 폴리펩티드들의 제1 세트의 각 폴리펩티드는 폴리펩티드 내에서 1회, 단지 1회만 발생하는 바코드 단편을 공유하고, (2) 폴리펩티드들의 제2 세트의 각 폴리펩티드는 제1 세트의 폴리펩티드들에 의해 공유되는 바코드 단편이 결여되어 있으며, 여기서 폴리펩티드들의 제1 세트 및 폴리펩티드들의 제2 세트 둘 모두의 개별 폴리펩티드들은 각각 참조 단편을 포함한다. 상기 방법은 혼합물을 프로테아제와 접촉시켜 복수의 단백질 분해 단편들을 생성하는 단계를 포함할 수 있으며, 복수의 단백질 분해 단편들은 폴리펩티드들의 제1 세트 및 폴리펩티드들의 제2 세트의 절단으로부터 생성되며, 여기서 복수의 단백질 분해 단편들은 복수의 참조 단편들 및 복수의 바코드 단편들을 포함한다. 상기 방법은 바코드 단편들의 양 대 참조 단편들의 양의 비를 결정함으로써 폴리펩티드들의 제1 세트 대 폴리펩티드들의 제2 세트의 상대량을 평가하는 단계를 추가로 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 바코드 단편은 폴리펩티드들의 제1 세트의 각 폴리펩티드에서 1회 이하로 발생한다. 일부 구현예에서, 참조 단편은 폴리펩티드들의 제1 세트 및 폴리펩티드들의 제2 세트의 각 폴리펩티드에서 1회 이하로 발생한다. 일부 구현예에서, 복수의 단백질 분해 단편들은 복수의 참조 단편들 및 복수의 바코드 단편들을 포함한다. 일부 구현예에서, 프로테아제는 프로린 잔기가 뒤에 위치하지 않는 글루탐산 잔기의 C-말단 측에서 폴리펩티드들의 제1 세트 및 폴리펩티드들의 제2 세트(또는 다양한 길이의 폴리펩티드들)를 절단한다. 일부 구현예에서, 프로테아제는 Glu-C 프로테아제이다. 일부 구현예에서, 프로테아제는 트립신이 아니다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들의 양 대 참조 단편들의 양의 비를 결정하는 단계는 혼합물이 프로테아제와 접촉된 후에 혼합물로부터 바코드 단편들 및 참조 단편들을 확인하는 단계를 포함한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들 및 참조 단편들은 그들의 질량에 기초하여 확인된다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들 및 참조 단편들은 질량 분석법을 통해 확인된다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들 및 참조 단편들은 액체 크로마토그래피-질량 분석법(LC-MS)을 통해 확인된다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들 대 참조 단편들의 비를 결정하는 단계는 동중원소 표지화(isobaric labeling)를 포함한다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들 대 참조 단편들의 비를 결정하는 단계는 혼합물을 동위원소-표지된 참조 단편 및 동위원소-표지된 바코드 단편 중 하나 또는 둘 모두로 스카이킹하는 단계를 포함한다. 일부 구현예에서, 다양한 길이의 폴리펩티드들은 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 바와 같은 적어도 하나의 연장된 제조함 폴리펩티드(XTEN)를 포함하는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구현예에서, XTEN은 (i) 적어도 100개, 또는 적어도 150개의 아미노산을 포함하고; (ii) XTEN의 아미노산 잔기의 적어도 90%는 글리신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)이고; (iii) G, A, S, T, E, 또는 P인, 적어도 4가지의 상이한 유형의 아미노산을 포함하는 것을 특징으로 한다. 일부 구현예에서, 존재할 때 바코드 단편은 XTEN의 일부분이다. 일부 구현예에서, 다양한 길이의 폴리펩티드들의 혼합물은 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 바와 같은 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구현예에서, 다양한 길이의 폴리펩티드들은 전장 폴리펩티드 및 이의 절단된 단편을 포함한다. 일부 구현예에서, 다양한 길이의 폴리펩티드들은 전장 폴리펩티드 및 이의 절단된 단편으로 본질적으로 이루어진다. 일부 구현예에서, 다양한 길이의 폴리펩티드들의 혼합물은 전장 폴리펩티드의 N-말단 절단, C-말단 절단, 또는 N-말단 절단 및 C-말단 절단 둘 모두로 인해 서로 상이하다. 일부 구현예에서, 전장 폴리펩티드는 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 바와 같은 폴리펩티드이다. 일부 구현예에서, 바코드 단편들 내지 참조 단편들의 양의 비는 0.50, 0.60, 0.70, 0.80, 0.90, 0.95, 0.98, 또는 0.99 초과이다.

[0338] 펩티드의 동중원소 표지화-기반 정량화

[0339] 일부 구현예에서, 바코드 단편들 대 참조 단편들의 비를 결정하는 데 동중원소 표지화가 사용될 수 있다. 당업자는 동중원소 표지화가 정량적인 프로테오믹스(proteomics)에 사용되는 질량 분석법 전략임을 이해할 것이며, 여기서 펩티드 또는 단백질(또는 이의 일부분)이, 동중(질량이 동일함)이지만 구조를 둘러싸는 무거운 동위원소의 분포의 관점에서 달라지는 다양한 화학기로 표지화된다. 일반적으로 탠덤 질량 태그로 지칭되는 이들 태그는 질량 태그가 탠덤 질량 분석법 동안 고에너지 충돌-유도 해리(CID) 시에 특정 링커 영역에서 절단됨으로써 상이한 질량의 리포터 이온을 산출하도록 설계된다. 당업자는 가장 일반적인 동중원소 태그들 중 하나가 아민-반응성 태그임을 이해할 것이다.

[0340] (예를 들어, 동중원소 표지화를 통해) 절단 생성물을 검출하고 정량화할 수 있는 향상된 능력은 정제된 약물 물질/제품에서 원치 않는 변이체의 존재를 최소화하기 위해 정제 단계들을 포함하도록 제조 공정을 설계하는 데 도움이 될 수 있다는 지식을 생성할 수 있다.

- [0341] **재조합 생성**
- [0342] 본 발명은 핵산을 포함한다. 핵산은 (융합) 폴리펩티드, 예컨대 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 임의의 것을 인코딩하는 폴리뉴클레오티드(또는 폴리뉴클레오티드 서열)를 포함할 수 있거나; 또는, 핵산은 그러한 폴리뉴클레오티드(또는 폴리뉴클레오티드 서열)의 역상보체를 포함할 수 있다.
- [0343] 본 발명은 앞서의 단락에 기재된 임의의 것과 같은 폴리뉴클레오티드 서열, 및 폴리뉴클레오티드 서열에 작동 가능하게 연결된 조절 서열을 포함하는 발현 벡터를 포함한다.
- [0344] 본 발명은 앞서의 단락에 기재된 임의의 것과 같은 발현 벡터를 포함하는 숙주 세포를 포함한다. 일부 구현예에서, 숙주 세포는 원핵생물이다. 일부 구현예에서, 숙주 세포는 E. 콜리이다. 일부 구현예에서, 숙주 세포는 포유류 세포이다.
- [0345] 일부 구현예에서, 본 발명은 대상 조성물의 제조 방법을 제공한다. 일 구현예에서, 상기 방법은 본 명세서에 기재된 임의의 구현예의 폴리펩티드 또는 XTEN-함유 조성물을 인코딩하는 핵산 작제물을 포함하는 숙주 세포를 폴리펩티드 또는 BPXTEN 융합 폴리펩티드의 발현을 촉진시키는 조건 하에서 배양하는 단계, 이어서 표준 정제 방법(예를 들어, 컬럼 크로마토그래피, HPLC 등)을 사용하여 폴리펩티드 또는 BPXTEN 융합 폴리펩티드를 회수하는 단계를 포함하며, 여기서 조성물은 발현된 폴리펩티드 또는 BPXTEN 융합 폴리펩티드의 결합 단편의 적어도 70%, 또는 적어도 80%, 또는 적어도 90%, 또는 적어도 95%, 또는 적어도 97%, 또는 적어도 99%가 올바르게 접힌 상태로 회수된다. 제조 방법의 일부 구현예에서, 발현된 폴리펩티드 또는 BPXTEN 융합 폴리펩티드는 폴리펩티드 또는 BPXTEN 융합 폴리펩티드의 적어도 또는 적어도 90%, 또는 적어도 95%, 또는 적어도 97%, 또는 적어도 99%가 가용성 단량체 형태로 회수된다.
- [0346] 일부 구현예에서, 본 발명은 폴리펩티드 및 BPXTEN 융합 폴리펩티드를 E. 콜리 또는 포유류 숙주 세포를 사용하여 기능성 단백질의 고발효 발현 수준으로 제조하는 방법뿐만 아니라, 고발효 수준으로 세포독성적으로 활성인 폴리펩티드 작제물 조성물을 생성하기 위한 방법에 유용한 작제물을 인코딩하는 발현 벡터를 제공하는 방법에 관한 것이다. 일 구현예에서, 상기 방법은 1) 본 명세서에 개시된 임의의 구현예의 폴리펩티드를 인코딩하는 폴리뉴클레오티드를 제조하는 단계, 2) 폴리뉴클레오티드를 생물학적 시스템에서 고수준 단백질 발현에 적절한 전사 및 번역 서열의 제어 하에서, 플라스미드 또는 기타 다른 벡터일 수 있는 발현 벡터 내로 클로닝하는 단계, 3) 적절한 숙주 세포를 발현 벡터를 사용하여 형질전환시키는 단계, 및 4) 폴리펩티드 조성물의 발현에 적합한 조건 하에서 통상적인 영양소 배지 중에서 숙주 세포를 배양하는 단계를 포함한다. 필요하다면, 숙주 세포는 E. 콜리이다. 상기 방법에 의하면, 폴리펩티드의 발현은 숙주 세포의 발현 생성물의 적어도 0.05 g/L, 또는 적어도 0.1 g/L, 또는 적어도 0.2 g/L, 또는 적어도 0.3 g/L, 또는 적어도 0.5 g/L, 또는 적어도 0.6 g/L, 또는 적어도 0.7 g/L, 또는 적어도 0.8 g/L, 또는 적어도 0.9 g/L, 또는 적어도 1 g/L, 또는 적어도 2 g/L, 또는 적어도 3 g/L, 또는 적어도 4 g/L, 또는 적어도 5 g/L의 발효 역가(fermentation titer)를 가져오며, 발현된 단백질의 적어도 70%, 또는 적어도 80%, 또는 적어도 90%, 또는 적어도 95%, 또는 적어도 97%, 또는 적어도 99%는 올바르게 접혀 있다. 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 "올바르게 접힌"은 조성물의 항원 결합 단편 성분이 그의 표적 리간드에 특이적으로 결합할 수 있는 능력을 가짐을 의미한다. 일부 구현예에서, 본 발명은 폴리펩티드 또는 BPXTEN 융합 폴리펩티드를 생성하기 위한 방법을 제공하며, 상기 방법은 폴리펩티드 또는 BPXTEN 융합 폴리펩티드를 포함하는 폴리펩티드를 인코딩하는 벡터를 포함하는 숙주 세포를 폴리펩티드 생성물을 발효 반응에서, 그러한 발효 반응이 600 nm의 파장에서 적어도 130의 광학 밀도에 도달할 때, 건조 중량 숙주 세포 1 그램당 약 10 밀리그램 초과(10 mg/g 초과), 또는 적어도 약 250 mg/g, 또는 약 300 mg/g, 또는 약 350 mg/g, 또는 약 400 mg/g, 또는 약 450 mg/g, 또는 약 500 mg/g의 폴리펩티드의 농도로 발현시키기에 효과적인 조건 하에서 배양하는 단계를 포함하며, 여기서 발현된 단백질의 항원 결합 단편은 올바르게 접혀 있다. 일부 구현예에서, 본 발명은 폴리펩티드 또는 BPXTEN 융합 폴리펩티드를 생성하기 위한 방법을 제공하며, 상기 방법은 조성물을 인코딩하는 벡터를 포함하는 숙주 세포를 폴리펩티드 생성물을 발효 반응에서, 그러한 발효 반응이 600 nm의 파장에서 적어도 130의 광학 밀도에 도달할 때, 건조 중량 숙주 세포 1 그램당 약 10 밀리그램 초과(10 mg/g 초과), 또는 적어도 약 250 mg/g, 또는 약 300 mg/g, 또는 약 350 mg/g, 또는 약 400 mg/g, 또는 약 450 mg/g, 또는 약 500 mg/g의 폴리펩티드의 농도로 발현시키기에 효과적인 조건 하에서 배양하는 단계를 포함하며, 여기서 발현된 폴리펩티드 생성물은 가용성이다.
- [0347] **약제학적 조성물**
- [0348] 개시된 본 발명은 (융합) 폴리펩티드, 예컨대 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 임의의 것, 및 하나 이상의 약제학적으로 허용되는 부형제를 포함하는 약제학적 조성물을 포함한다. 일부 구현예에서,

약제학적 조성물은 피내, 피하, 경구, 정맥내, 동맥내, 복강내, 복막내, 유리체강내, 수강내, 또는 근육내 투여를 위해 제형화된다. 일부 구현예에서, 약제학적 조성물은 액체 형태이거나 냉동된다. 일부 구현예에서, 약제학적 조성물은 눈 또는 또 다른 신체 부분 내로 이식되는 장치 내에 들어 있다. 일부 구현예에서, 약제학적 조성물은 단위 주사용 사전충전 주사기 내에 들어 있다. 일부 구현예에서, 약제학적 조성물은 투여 전에 재구성되는 동결건조된 분말로서 제형화된다.

[0349] 일부 구현예에서, 용량은 피내, 피하, 경구, 정맥내, 유리체강내(또는 달리 눈 안에 주사됨), 동맥내, 복강내, 복막내, 수강내, 또는 근육내 투여된다. 일부 구현예에서, 약제학적 조성물은 눈 또는 기타 다른 신체 부분 내로 이식되는 장치를 사용하여 투여된다. 일부 구현예에서, 대상체는 마우스, 래트, 원숭이, 또는 인간이다.

[0350] 약제학적 조성물은 임의의 적합한 경로에 의해 요법을 위해 투여될 수 있다. 추가로, 약제학적 조성물은 또한 다른 약제학적으로 활성인 화합물 또는 본 발명의 복수의 화합물들을 함유할 수 있다.

[0351] 일부 구현예에서, 약제학적 조성물은 피하, 경구, 근육내, 또는 정맥내 투여될 수 있다. 일 구현예에서, 약제학적 조성물은 치료적 유효 용량으로 투여된다. 전술한 일부 경우에, 치료적 유효 용량은, 대상체에게 비슷한 용량으로 투여되는, XTEN에 연결되지 않은 융합 단백질의 상응하는 BP에 비하여, 융합 단백질에 대한 치료역 이내에서 소요 시간 이득을 가져온다. 치료역 이내에서의 소요 시간 이득은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 BP보다 적어도 3배 더 크거나, 또는 대안적으로, XTEN에 연결되지 않은 상응하는 BP보다 적어도 4배, 또는 5배, 또는 6배, 또는 7배, 또는 8배, 또는 9배, 또는 적어도 10배, 또는 적어도 20배 더 클 수 있다.

[0352] 일부 구현예에서, 본 발명은 질병, 장애 또는 질환을 치료하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 상기에 기재된 약제학적 조성물을 치료적 유효 용량 계획을 사용하여 투여되는 약제학적 조성물의 다회 연속 용량을 사용하여 대상체에게 투여하는 단계를 포함한다. 전술한 일 구현예에서, 치료적 유효 용량 계획은, 대상체에게 비슷한 용량 계획으로 투여되는, XTEN(들)에 연결되지 않은 융합 단백질의 상응하는 BP에 비하여, 융합 단백질의 혈액 수준에 대한 적어도 2개의 연속 C_{max} 피크 및/또는 C_{min} 골(trough) 사이에서 적어도 3배, 또는 대안적으로, 적어도 4배, 또는 5배, 또는 6배, 또는 7배, 또는 8배, 또는 9배, 또는 적어도 10배, 또는 적어도 20배의 시간 이득을 가져올 수 있다. 전술한 일부 구현예에서, 융합 단백질의 투여는, 대상체에게 치료적 유효 계획을 사용하여 대상체에게 투여되는, XTEN(들)에 연결되지 않은 상응하는 생물학적 활성 단백질 성분(들)에 비하여, 약제학적 조성물의 융합 단백질의 덜 빈번한 투여 또는 더 낮은 총 투여량(단위: 몰수)을 사용하여 적어도 하나의 측정 파라미터에서 비슷한 개선을 가져온다.

[0353] 일 구현예에서, 약제학적 조성물은 피하 투여된다. 이 구현예에서, 조성물은 투여 전에 재구성되는 동결건조된 분말로서 공급될 수 있다. 조성물은 또한 액체 형태로 또는 냉동 상태로 공급될 수 있으며, 이는 환자에게 직접 투여될 수 있다. 일 구현예에서, 조성물은 환자가 조성물을 용이하게 자가-투여할 수 있도록 사전충전 주사기 내의 액체로서 공급된다.

[0354] 본 발명에 유용한 연장 방출 제형은 매트릭스 및 코팅 조성물을 포함하는 경구 제형일 수 있다. 적합한 매트릭스 물질은 왁스(예를 들어, 카르나우바, 밀랍, 파라핀 왁스, 세레신, 셀락 왁스, 지방산, 및 지방 알코올), 오일, 경화유 또는 경화 지방(예를 들어, 경화 채종유, 피마자유, 우지, 팜유, 및 대두유), 및 중합체(예를 들어, 하이드록시프로필 셀룰로스, 폴리비닐피롤리돈, 하이드록시프로필 메틸 셀룰로스, 및 폴리에틸렌 글리콜)을 포함할 수 있다. 기타 다른 적합한 매트릭스 정제화(tableting) 물질은 미세결정질 셀룰로스, 분말형 셀룰로스, 하이드록시프로필 셀룰로스, 에틸 셀룰로스(기타 다른 담체를 동반함), 및 충전제이다. 정제는 또한 과립, 코팅된 분말, 또는 펠릿을 함유할 수 있다. 정제는 또한 다층(multi-layered)일 수 있다. 다층 정제는 활성 성분들이 현저하게 상이한 약동학적 프로파일을 가질 때 특히 바람직하다. 선택적으로, 완성된 정제는 코팅되거나 코팅되지 않을 수 있다.

[0355] 코팅 조성물은 불용성 매트릭스 중합체 및/또는 수용성 물질을 포함할 수 있다. 수용성 물질은 중합체, 예컨대 폴리에틸렌 글리콜, 하이드록시프로필 셀룰로스, 하이드록시프로필 메틸 셀룰로스, 폴리비닐피롤리돈, 폴리비닐 알코올, 또는 단량체 물질, 예컨대 당(예를 들어, 락토스, 수크로스, 프룩토스, 만니톨 등), 염(예를 들어, 염화나트륨, 염화칼륨 등), 유기산(예를 들어, 푸마르산, 석신산, 락트산, 및 타르타르산), 및 이들의 혼합물일 수 있다. 선택적으로, 장용 중합체(enteric polymer)가 코팅 조성물 내로 도입될 수 있다. 적합한 장용 중합체는 하이드록시프로필 메틸 셀룰로스, 아세테이트 석시네이트, 하이드록시프로필 메틸 셀룰로스, 프탈레이트, 폴리비닐 아세테이트 프탈레이트, 셀룰로스 아세테이트 프탈레이트, 셀룰로스 아세테이트 트리멜리테이트, 셀락, 제인(zein), 및 카르복실기를 함유하는 폴리메타크릴레이트를 포함한다. 코팅 조성물은, 예를 들어 디에틸 프탈레이트, 시트레이트 에스테르, 폴리에틸렌 글리콜, 글리세롤, 아세틸화 글리세라이드, 아세틸화 시트레이트

에스테르, 디부틸세바케이트, 및 피마자유와 같은 적합한 가소제를 첨가함으로써 가소화될 수 있다. 코팅 조성물은 또한 충전제를 포함할 수 있으며, 이는 불용성 물질, 예컨대 이산화규소, 이산화티타늄, 활석, 카올린, 알루미나, 전분, 분말형 셀룰로스, MCC, 또는 폴라크릴린 칼륨일 수 있다. 코팅 조성물은 유기 용매 또는 수성 용매 또는 이들의 혼합물 중 용액 또는 라텍스로서 적용될 수 있다. 용매, 예컨대 물, 저급 알코올, 저급 염소화 탄화수소, 케톤, 또는 이들의 혼합물이 사용될 수 있다.

[0356] 본 발명의 BPXTEN 폴리펩티드는 약제학적으로 유용한 조성물을 제조하기 위한 것으로 알려진 방법에 따라 제형화될 수 있으며, 이에 의하면 폴리펩티드는 약제학적으로 허용되는 담체 비히클, 예컨대 수용액 또는 완충액, 약제학적으로 허용되는 현탁액 및 에멀전과 혼합물 상태로 배합된다. 비수성 용매의 예에는 프로필 에틸렌 글리콜, 폴리에틸렌 글리콜 및 식물성 오일이 포함된다. 치료용 제형은 문헌[Remington's Pharmaceutical Sciences 16th edition, Osol, A. Ed. (1980)]에 기재된 바와 같이, 원하는 정도의 순도를 갖는 활성 성분을 선택적인 생리학적으로 허용되는 담체, 부형제 또는 안정제와 혼합함으로써, 동결건조된 제형 또는 수용액 형태로 저장을 위해 제조된다. 본 발명의 조성물은 다양한 부형제를 사용하여 제형화될 수 있다. 적합한 부형제는 미세결정질 셀룰로스(예를 들어, Avicel PH 102, Avicel PH101), 폴리메타크릴레이트, 폴리(에틸 아크릴레이트, 메틸 메타크릴레이트, 트리메틸암모니오에틸 메타크릴레이트 클로라이드)(예컨대, Eudragit RS-30D), 하이드록시프로필 메틸셀룰로스(Methocel K100M, Premium CR Methocel K100M, Methocel E5, Opadry®), 스테아르산마그네슘, 활석, 트리에틸 시트레이트, 수성 에틸셀룰로스 분산물(Surelease®), 및 프로타민 설페이트를 포함한다. 저속 방출제(slow release agent)는 또한 담체를 포함할 수 있으며, 이러한 담체는, 예를 들어 용매, 분산매질, 코팅제, 항세균제 및 항진균제, 등장제 및 흡수 지연제를 포함할 수 있다. 약제학적으로 허용되는 염이 또한 이들 저속 방출제에 사용될 수 있으며, 예를 들어 무기염, 예컨대 염산염, 브롬화수소산염, 인산염, 또는 황산염뿐만 아니라, 유기산의 염, 예컨대 아세트레이트, 프로피오네이트, 말로네이트, 또는 벤조에이트가 있다. 조성물은 또한 액체, 예컨대 물, 식염수, 글리세롤, 및 에탄올뿐만 아니라, 습윤제, 유화제, 또는 pH 완충제와 같은 물질을 함유할 수 있다. 리포솜이 또한 담체로서 사용될 수 있다.

[0357] 일부 구현예에서, 본 발명의 조성물은 연장된 기간에 걸쳐 제어된 방식으로 유익한 활성제를 전달하는 데 있어서 유용성을 입증한 리포솜 내에 캡슐화된다. 리포솜은 포획된 수성 부피를 함유하는 폐쇄된 이중층 막이다. 리포솜은 또한 단일막 이중층을 갖는 단층 소포(unilamellar vesicle)일 수 있거나, 각각의 막 이중층이 수성 층에 의해 그 다음의 막 이중층과 분리되는 다수의 막 이중층을 갖는 다중층 소포(multilamellar vesicle)일 수 있다. 생성되는 막 이중층의 구조는 지질의 소수성(비극성) 테일이 이중층의 중심을 향해 배향되는 반면, 친수성(극성) 헤드는 수성 상을 향해 배향되도록 한다. 일 구현예에서, 리포솜은 가요성 수용성 중합체로 코팅될 수 있으며, 이러한 중합체는 단핵 식세포계의 기관, 주로 간 및 비장에 의한 흡수를 피한다. 리포솜을 둘러싸는 적합한 친수성 중합체는, 제한 없이, PEG, 폴리비닐피롤리돈, 폴리비닐메틸에테르, 폴리메틸옥사졸린, 폴리메틸옥사졸린, 폴리하이드록시프로필옥사졸린, 폴리하이드록시프로필메타크릴아미드, 폴리메타크릴아미드, 폴리디메틸아크릴아미드, 폴리하이드록시프로필메타크릴레이트, 폴리하이드록시에틸아크릴레이트, 하이드록시메틸셀룰로스, 하이드록시에틸셀룰로스, 폴리에틸렌글리콜, 폴리아스파르트아미드, 및 미국 특허 6,316,024; 6,126,966; 6,056,973; 6,043,094에 기재된 바와 같은 친수성 펩티드 서열을 포함하며, 이들 특허의 내용은 전체적으로 참고로 포함된다.

[0358] 리포솜은 당업계에 알려진 임의의 지질 또는 지질 조합으로 구성될 수 있다. 예를 들어, 소포-형성 지질은 자연 발생 또는 합성 지질일 수 있으며, 이에 는 인지질, 예컨대 포스파티딜콜린, 포스파티딜에탄올아민, 포스파티딘산, 포스파티딜세린, 포스파티딜글리세롤, 포스파티딜이노시톨, 및 스펡고미엘린이 포함되는데, 이는 미국 특허 6,056,973 및 5,874,104에 개시된 바와 같다. 소포-형성 지질은 또한 당지질, 세레브로사이드, 또는 양이온성 지질, 예컨대 1,2-디올레일옥시-3-(트리메틸아미노) 프로판(DOTAP); N-[1-(2,3,-디테트라데실옥시)프로필]-N,N-디메틸-N-하이드록시에틸암모늄 브로마이드(DMRIE); N-[1 [(2,3,-디올레일옥시)프로필]-N,N-디메틸- N-하이드록시 에틸암모늄 브로마이드(DORIE); N-[1-(2,3-디올레일옥시)프로필]-N,N,N-트리메틸암모늄 클로라이드(DOTMA); 3 [N-(N',N' -디메틸아미노)에탄] 카르바모일] 콜레스테롤(DC-Choi); 또는 디메틸디옥타데실암모늄(DDAB)일 수 있는데, 이들 또한 미국 특허 6,056,973에 개시된 바와 같다. 콜레스테롤은 또한 미국 특허 5,916,588 및 5,874,104에 개시된 바와 같이 소포에 대해 안정성을 부여하기에 적절한 범위로 존재할 수 있다.

[0359] 추가의 리포솜 기술이 미국 특허 6,759,057; 6,406,713; 6,352,716; 6,316,024; 6,294,191; 6,126,966; 6,056,973; 6,043,094; 5,965,156; 5,916,588; 5,874,104; 5,215,680; 및 4,684,479에 기재되어 있으며, 이들 내용은 본 명세서에 참고로 포함된다. 이들은 리포솜 및 지질-코팅된 마이크로버블, 및 이들의 제조 방법을 기재한다. 따라서, 당업자는 본 발명의 개시내용 및 이들 다른 특허의 개시내용 둘 모두를 고려하여, 본 발명의

폴리펩티드의 연장 방출을 위한 리포솜을 생성할 수 있다. 지질 제형의 경우, 요구되는 특성은 그 제형이 정맥 내, 근육내, 관절내, 또는 피하 투여를 위한 25-, 28-, 30-, 31-, 32-게이지 바늘을 통과할 수 있는 형태로 공급되어야 한다는 것이다.

[0360] 경피 제형을 통한 투여는, 예를 들어 미국 특허 5,186,938 및 6,183,770, 4,861,800, 6,743,211, 6,945,952, 4,284,444, 및 WO 89/09051에 전반적으로 기재된 것들을 포함한 당업계에 또한 알려진 방법을 사용하여 수행될 수 있으며, 이들은 전체적으로 본 명세서에 참고로 포함된다. 흡수 문제를 갖는 폴리펩티드에 대해 경피 패치가 특히 유용한 구현예이다. 패치는 12시간, 24시간, 3일, 및 7일의 기간에 걸쳐 피부-침투성 활성 성분의 방출을 제어하도록 제조될 수 있다. 한 예에서, 본 발명의 폴리펩티드의 2배 일일 과량이 비취발성 유체 중에 넣어진다. 본 발명의 조성물은 점성 비취발성 액체의 형태로 제공된다. 특정 제형의 피부를 통한 침투는 당업계에서의 표준 방법에 의해 측정될 수 있다(예를 들어, 문헌[Franz et al., J. Invest. Derm. 64: 194-195 (1975)]). 적합한 패치의 예는 수동 전달 피부 패치, 이온영동 피부 패치, 또는 미세바늘을 갖는 패치, 예컨대 Nicoderm이다. 다른 구현예에서, 조성물은 비강내, 협측, 또는 설하 경로를 통해 뇌에 전달되어 후각 경로를 통한 CNS 내로의 활성제의 전달을 가능하게 하여 전신 투여를 감소시킬 수 있다. 이러한 투여 경로에 일반적으로 사용되는 장치는 미국 특허 6,715,485에 포함되어 있다. 이 경로를 통해 전달되는 조성물은 증가된 CNS 투여 또는 감소된 총 신체 부하를 가능하게 하여, 특정 약물과 관련된 전신 독성 위험을 감소시킬 수 있다. 피하 이식 가능 장치에서의 전달을 위한 약제학적 조성물의 제조는 당업계에 알려진 방법, 예컨대, 예를 들어 미국 특허 3,992,518; 5,660,848; 및 5,756,115에 기재된 것들을 사용하여 수행될 수 있다.

[0361] 삼투압 펌프가 정제, 알약, 캡슐 또는 이식가능 장치의 형태로 저속 방출제로서 사용될 수 있다. 삼투압 펌프는 당업계에 잘 알려져 있으며, 연장 방출 약물 전달을 위한 삼투압 펌프를 제공하는 데 경험이 있는 회사로부터 당업자에게 용이하게 입수 가능하다. 예는 ALZA의 DUROS™; ALZA의 OROS™; Osmotica Pharmaceutical의 Osmodex™ 시스템; Shire Laboratories의 EnSoTrol™ 시스템; 및 Alzet™이다. 삼투압 펌프 기술을 기재하는 특허는 미국 특허 6,890,918; 6,838,093; 6,814,979; 6,713,086; 6,534,090; 6,514,532; 6,361,796; 6,352,721; 6,294,201; 6,284,276; 6,110,498; 5,573,776; 4,200,0984; 및 4,088,864이며, 이들의 내용은 본 명세서에 참고로 포함된다. 당업자는 본 발명의 개시내용 및 이들 다른 특허의 개시내용 둘 모두를 고려하여, 본 발명의 폴리펩티드의 연장 방출을 위한 삼투압 펌프를 생성할 수 있다.

[0362] 주사기 펌프가 또한 저속 방출제로서 사용될 수 있다. 그러한 장치는 미국 특허 4,976,696; 4,933,185; 5,017,378; 6,309,370; 6,254,573; 4,435,173; 4,398,908; 6,572,585; 5,298,022; 5,176,502; 5,492,534; 5,318,540; 및 4,988,337에 기재되어 있으며, 이들 내용은 본 명세서에 참고로 포함된다. 당업자는 본 발명의 개시내용 및 이들 다른 특허의 개시내용 둘 모두를 고려하여, 본 발명의 조성물의 연장 방출을 위한 주사기 펌프를 생성할 수 있다.

[0363] 약제학적 키트

[0364] 일부 구현예에서, 본 발명은 BPXTEN 폴리펩티드의 사용을 용이하게 하기 위한 키트를 제공한다. 일 구현예에서, 키트는, 적어도 제1 용기 내에, (a) 질병, 질환 또는 장애의 치료를 필요로 하는 대상체에 투여 시에 질병, 질환 또는 장애를 치료하기에 충분한 양의 BPXTEN 용합 단백질 조성물, 및 (b) 소정량의 약제학적으로 허용되는 담체를 포함하며; 이와 함께, 즉시 주사 가능한 또는 즉시 재구성 가능한 제형에서는 멸균수, 완충액, 또는 텍스트로스를 포함하고; 이와 함께, BPXTEN 약물 및 저장 및 취급 조건을 확인시켜 주는 라벨, 및 약물에 대한 승인된 적응증 시트, 승인된 적응증의 예방 및/또는 치료에 사용하기 위한 BPXTEN 약물의 재구성 및/또는 투여에 대한 설명서, 적절한 투여량 및 안전성 정보, 및 약물의 로트 및 만료를 확인시켜 주는 정보를 포함한다. 전술한 일부 구현예에서, 키트는 BPXTEN 조성물에 적합한 희석제를 운반할 수 있는 제2 용기를 포함할 수 있으며, 이러한 희석제는 대상체에게 전달되기에 적절한 농도의 BPXTEN을 사용자에게 제공할 것이다.

[0365] 치료 방법

[0366] 개시된 본 발명은 대상체에서 질병의 치료를 위한 약제의 제조에 있어서의 폴리펩티드, 예컨대 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 임의의 것의 용도를 포함한다. 일부 구현예에서, 치료하려는 특정 질병은 생물학적 활성 단백질의 선택에 좌우될 것이다. 일부 구현예에서, 질병은 암(이의 임의의 형태를 포함함)이다. 일부 경우에, 암 또는 종양은 저수준, 중간 수준, 또는 고수준의 HER2 발현을 특징으로 할 수 있다.

[0367] 개시된 본 발명은 대상체에서 질병을 치료하는 방법을 포함하며, 상기 방법은 이를 필요로 하는 대상체에게 약제학적 조성물, 예컨대 상기에 기재되거나 본 명세서의 다른 임의의 곳에 기재된 임의의 것의 1회 이상의 치료

적 유효 용량을 투여하는 단계를 포함한다. 일부 구현예에서, 질병은 암(이의 임의의 형태를 포함함)이다. 일부 구현예에서, 대상체는 마우스, 래트, 원숭이, 및 인간이다. 일부 경우에, 암 또는 종양은 저수준, 중간 수준, 또는 고수준의 HER2 발현을 특징으로 할 수 있다.

[0368] 특정 구현예에서, 본 발명의 HER-2 표적화된 이중특이성 조성물(특히, AMX818)은 유리하게는 암의 효과를 치료하거나 호전시키는 데 효과적인 제2 치료제와 병용될 수 있다. 추가의 치료제는 항체, 항체 단편, 항체 접합체, 세포독성제, 독소, 방사성 핵종, 면역조절제, 광활성 치료제, 방사선 감작제, 호르몬, 항혈관생성제, 및 이들의 조합으로 구성되는 군으로부터 선택될 수 있다. 특히 바람직한 제2 또는 추가의 치료제는 기타 다른 HER2 표적 화제, 화학요법제, 방사선 치료제뿐만 아니라, HER3, 및 HER2-유도 암의 치료에 대한 저항성에 관여하는 기타 다른 표적을 표적화하는 작용제도 포함한다.

[0369] 본 발명에 사용될 수 있는 치료용 항체의 예에는 리툭시맵(Rituxan), 브렌텍시맵 베도틴(Adcetriz), 아도-트라스투주맵 엠탄신(Kadcyla), 세톡시맵(Erbix), 베바시주맵(Avastin), 이브리투모맵(Zevalin), 베돌리주맵(Entyvio), 이필리무맵(Yervoy), 니볼루맵(Opdivo), 켈브롤리주맵(Keytruda), 알렘투자맵, 아테졸리주맵(Tecentriq), 아벨루맵(Bavencio), 두르발루맵(Imfinzi), B-701, 오파투무맵, 오비누투주맵(Gazyva), 파니투무맵, 플로잘리주맵, BI-754091, OREG-103, COM-701, BI-754111, 및 이들의 조합이 포함된다.

[0370] 일부 구현예에 따르면, 항체, 이의 단편, 또는 이의 접합체는 리툭시맵(Rituxan), 브렌텍시맵 베도틴(Adcetriz), 아도-트라스투주맵 엠탄신(Kadcyla), 이필리무맵(Yervoy), 니볼루맵(Opdivo), 켈브롤리주맵(Keytruda), 알렘투자맵, 아테졸리주맵(Tecentriq), 두르발루맵(Imfinzi), 오파투무맵, 오비누투주맵(Gazyva), 파니투무맵, 및 이들의 조합으로 구성되는 군으로부터 선택된다.

[0371] 다른 구현예에서, 추가의 작용제는 DNA 손상제, 항대사물, 항미세소관제, 항생제 등일 수 있다. DNA 손상제는 알킬화제, 백금계 작용제, 삽입제(intercalating agent), 및 DNA 복제의 억제제를 포함한다. DNA 알킬화제의 비제한적인 예에는 사이클로포스파미드, 메클로레타민, 우라무스틴, 멜팔란, 클로람부실, 이포스파미드, 카르무스틴, 로무스틴, 스트렙토조신, 부설판, 테모졸로미드, 이들의 약제학적으로 허용되는 염, 전구약물, 및 이들의 조합이 포함된다. 백금계 작용제의 비제한적인 예에는 시스플라틴, 카르보플라틴, 옥살리플라틴, 네다플라틴, 사트라플라틴, 트리플라틴 테트라니트레이트, 이들의 약제학적으로 허용되는 염, 전구약물, 및 이들의 조합이 포함된다. 삽입제의 비제한적인 예에는 독소루비신, 다우노루비신, 이다루비신, 미톡산트론, 이들의 약제학적으로 허용되는 염, 전구약물, 및 이들의 조합이 포함된다. DNA 복제의 억제제의 비제한적인 예에는 이리노테칸, 토포테칸, 암사크린, 에토포시드, 에토포시드 포스페이트, 테니포시드, 이들의 약제학적으로 허용되는 염, 전구약물, 및 이들의 조합이 포함된다. 항대사물에는 엽산염 길항제, 예컨대 메토틱세이트 및 프레메트렉세드, 퓨린 길항제, 예컨대 6-메르캅토피린, 다카르바진, 및 플루다라빈, 및 피리미딘 길항제, 예컨대 5-플루오로우라실, 아라비노실시토신, 카페시타빈, 젬시타빈, 데시타빈, 이들의 약제학적으로 허용되는 염, 전구약물, 및 이들의 조합이 포함된다. 항미세소관제에는, 제한 없이, 빈카 알칼로이드, 파클리탁셀(Taxol®), 도세탁셀(Taxotere®), 및 익사베필론(Ixempra®)이 포함된다. 항생제에는, 제한 없이, 악티노마이신, 안트라사이클린, 발루비신, 에피루비신, 블레오마이신, 플리카마이신, 미토마이신, 이들의 약제학적으로 허용되는 염, 전구약물, 및 이들의 조합이 포함된다.

[0372] 예시적인 세포독성제는 당업자에게 알려져 있으며, 예를 들어 사이클로 포스파미드, 메클로레타민, 우라무스틴, 멜팔란, 클로람부실, 이포스파미드, 카르무스틴, 로무스틴, 스트렙토조신, 부설판, 테모졸로미드, 시스플라틴, 카르보플라틴, 옥살리플라틴, 네다플라틴, 사트라플라틴, 트리플라틴 테트라니트레이트, 독소루비신, 다우노루비신, 이다루비신, 미톡산트론, 메토틱세이트, 페메트렉세드, 6-메르캅토피린, 다카르바진, 플루다라빈, 5-플루오로우라실, 아라비노실시토신, 카페시타빈, 젬시타빈, 데시타빈, 빈카 알칼로이드, 파클리탁셀(Taxol), 도세탁셀(Taxotere), 익사베필론(Ixempra), 악티노마이신, 안트라사이클린, 발루비신, 에피루비신, 블레오마이신, 플리카마이신, 미토마이신, 이들의 약제학적으로 허용되는 염, 전구약물, 및 이들의 조합으로 구성되는 군으로부터 선택될 수 있다.

[0373] 본 발명에 따른 세포독성제는 또한 PI3K/Akt 경로의 억제제를 포함한다. PI3K/Akt 경로의 억제제의 비제한적인 예에는 A-674563(CAS #552325-73-2), AGL 2263, AMG-319(Angen, 미국 캘리포니아주 사우전드 오크스), AS-041164(5-벤조[1,3]디옥솔-5-일메틸렌-티아졸리딘-2,4-디온), AS-604850(5-(2,2-디플루오로-벤조[1,3]디옥솔-5-일메틸렌)-티아졸리딘-2,4-디온), AS-605240(5-퀴녹실린-6-메틸렌-1,3-티아졸리딘-2,4-디온), AT7867(CAS #857531-00-1), 벤즈이미다졸 시리즈, Genentech(Roche Holdings Inc., 미국 캘리포니아주 사우스 샌프란시스코), BML-257(CAS #32387-96-5), BVD-723, CAL-120(Gilead Sciences, 미국 캘리포니아주 포스터 시티), CAL-

129(Gilead Sciences), CAL-130(Gilead Sciences), CAL-253(Gilead Sciences), CAL-263(Gilead Sciences), CAS #612847-09-3, CAS #681281-88-9, CAS #75747-14-7, CAS #925681-41-0, CAS #98510-80-6, CCT128930(CAS #885499-61-6), CH5132799(CAS #1007207-67-1), CHR-4432(Chroma Therapeutics, Ltd., 영국 애빙던 소재), FPA 124(CAS #902779-59-3), GS-1101(CAL-101)(Gilead Sciences), GSK 690693(CAS #937174-76-0), H-89(CAS #127243-85-0), Honokiol, IC87114(Gilead Science), IPI-145(Intellikine Inc.), KAR-4139(Karus Therapeutics, 영국 칠워쓰 소재), KAR-4141(Karus Therapeutics), KIN-1(Karus Therapeutics), KT 5720(CAS #108068-98-0), 밀테포신, MK-2206 디하이드로클로라이드(CAS #1032350-13-2), ML-9(CAS #105637-50-1), 날트 린돌 하이드로클로라이드, OXY-111A(NormOxys Inc., 미국 매사추세츠주 브라이턴 소재), 페리포신, PHT-427(CAS #1191951-57-1), PI3 키나제 텔타 억제제, Merck KGaA(Merck & Co., 미국 뉴저지주 화이트하우스 스테이션), PI3 키나제 텔타 억제제, Genentech(Roche Holdings Inc.), PI3 키나제 텔타 억제제, Incozen(Incozen Therapeutics, Pvt. Ltd., 인도 하이데라바드 소재), PI3 키나제 텔타 억제제-2, Incozen(Incozen Therapeutics), PI3 키나제 억제제, Roche-4(Roche Holdings Inc.), PI3 키나제 억제제, Roche(Roche Holdings Inc.), PI3 키나제 억제제, Roche-5(Roche Holdings Inc.), PI3-알파/텔타 억제제, Pathway Therapeutics(Pathway Therapeutics Ltd., 미국 캘리포니아주 사우스 샌프란시스코 소재), PI3-텔타 억제제, Cellzome(Cellzome AG, 독일 하이델베르크 소재), PI3-텔타 억제제, Intellikine(Intellikine Inc., 미국 캘리포니아주 라 줄라 소재), PI3-텔타 억제제, Pathway Therapeutics-1(Pathway Therapeutics Ltd.), PI3-텔타 억제제, Pathway Therapeutics-2(Pathway Therapeutics Ltd.), PI3-텔타/감마 억제제, Cellzome(Cellzome AG), PI3-텔타/감마 억제제, Cellzome(Cellzome AG), PI3-텔타/감마 억제제, Intellikine(Intellikine Inc.), PI3-텔타/감마 억제제, Intellikine(Intellikine Inc.), PI3-텔타/감마 억제제, Pathway Therapeutics(Pathway Therapeutics Ltd.), PI3-텔타/감마 억제제, Pathway Therapeutics(Pathway Therapeutics Ltd.), PI3-감마 억제제, Evotec(Evotec), PI3-감마 억제제, Cellzome(Cellzome AG), PI3-감마 억제제, Pathway Therapeutics(Pathway Therapeutics Ltd.), PI3K 텔타/감마 억제제, Intellikine-1(Intellikine Inc.), PI3K 텔타/감마 억제제, Intellikine-1(Intellikine Inc.), pictilisib(Roche Holdings Inc.), PIK-90(CAS #677338-12-4), SC-103980(Pfizer, 미국 뉴욕주 뉴욕), SF-1126(Semafore Pharmaceuticals, 미국 인디애나주 인디애나폴리스 소재), SH-5, SH-6, Tetrahydro Curcumin, TG100-115(Targegen Inc., 미국 캘리포니아주 샌디에고 소재), Triciribine, X-339(Xcovery, 미국 플로리다주 웨스트 팜 비치 소재), XL-499(Evotech, 독일 함부르크 소재), 이들의 약제학적으로 허용되는 염, 및 이들의 조합이 포함된다.

[0374] 병용 요법 내의 추가의 작용제는 식물 또는 동물 기원의 독 또는 독액일 수 있다. 한 예는 디프테리아 독소 또는 이의 일부분이다. 다른 예에서, 추가의 작용제는 환자에게, 예를 들어 정맥내 또는 경구 투여되는 “방사성 핵종”, 즉, 방사능 물질일 수 있으며, 이후에 그것은 환자의 정상 대사를 통해 표적 기관 또는 조직 내로 침투하고, 여기서 그것은 짧은 시간 동안 국소 방사선을 전달한다. 방사성 핵종의 예에는 I-125, At-211, Lu-177, Cu-67, I-131, Sm-153, Re-186, P-32, Re-188, In-114m, 및 Y-90이 포함되지만 이로 한정되지 않는다.

[0375] 용어 “면역조절제”는 항체 또는 감작화된 세포의 생성을 개시한 항원을 인식하고 그와 반응하는 항체 또는 감작화된 세포를 생성할 수 있는 면역계의 능력을 증가 시키거나 감소시키므로써 면역 반응을 변경시키는 물질을 의미한다. 면역조절제는 재조합, 합성, 또는 천연 제제일 수 있으며, 사이토카인, 코르티코스테로이드, 세포독성제, 티모신, 및 면역글로불린이 포함된다. 일부 면역조절제는 체내에 자연적으로 존재하고, 이들 중 일부는 약리학적 제제에 이용 가능하다. 면역조절제의 예에는 과립구 콜로니-자극 인자(G-CSF), LAG-3, IMP-321, JCAR-014, ASLAN-002(BMS-777607), 인터페론, 이미퀴모드 및 세균으로부터의 세포막 분획, IL-2, IL-7, IL-12, CCL3, CCL26, CXCL7, 합성 시토신 포스페이트-구아노신(CpG), 면역 관문 억제제, 및 이들의 조합이 포함되지만 이로 한정되지 않는다. 표적화된 사이토카인 요법, 특히 림프독소 및 LiGHT를 표적화하는 사이토카인 요법이 또한 본 발명의 조성물과 병용하기에 유용할 수 있다.

[0376] 일부 병용 치료에서, 추가의 작용제는 종양 세포를 방사선 요법에 대해 더 민감성이 되게 하는 “방사선 감작제”일 수 있다. 방사선 감작제의 예에는 미소니다졸, 메트로니다졸, 티라파자민, 및 트랜스 나트륨 크로세티네이트, 및 이들의 조합이 포함된다.

[0377] 또 다른 구현예에서, 추가의 작용제는 새로운 혈관의 성장을 감소시키거나 억제하는 “항혈관생성”제이며, 예컨대 혈관 내피 성장 인자(VEGF)의 억제제 및 내피 세포 이동의 억제제이다. 항혈관생성제는, 제한 없이, 2-메톡시에스트라디올, 안지오스타틴, 베바시주맙, 연골-유래 혈관생성 억제 인자, 엔도스타틴, IFN- α , IL-12, 이트라코나졸, 리노미드, 혈소판 인자-4, 프로락틴, SU5416, 수라민, 타스퀴니모드, 테코갈란, 테트라티오폴리브레이트, 탈리도미드, 트롬보스폰딘, 트롬보스폰딘, TNP-470, 지브-아플리베르셉트, 이들의 약제학적으로 허용되

는 염, 전구약물, 및 이들의 조합을 포함한다.

[0378] 특히 바람직한 구현예에서, 본 발명의 HER2-표적화된 이중특이성 관문 억제제, 예컨대 항-PD-1/항-PD-L1 조성물, CTLA-4, OX40 등과 병용될 수 있다. 그러한 병용 요법의 특정 구현예에서, 본 발명의 조성물은 세포 표면 수용체 프로그래밍된 세포 사멸 단백질 1(PD-1로도 알려짐)의 길항제뿐만 아니라, PD-L1의 길항제와 병용될 수 있다.

[0379] PD-1은 T 세포 염증 활성을 억제함으로써 면역계를 하향조절하고 자기-관용(self-tolerance)을 촉진시키는 데 중요한 역할을 한다. T 세포에서 발견되는 PD-1 수용체에 대한 PD-1 리간드, PD-L1 및 PD-L2의 결합은 T-세포 증식 및 사이토카인 생성을 억제한다. PD-1 리간드의 상향조절이 일부 종양에서 발생하고, 이 경로를 통한 신호 전달은 종양의 활성 T-세포 면역 감시의 억제에 기여할 수 있다. 항-PD-1 항체는 PD-1 수용체에 결합하고, PD-L1 및 PD-L3과의 이의 상호작용을 차단하여, 항-종양 면역 반응을 포함한 면역 반응의 PD-1 경로-매개 억제를 해제한다.

[0380] 당업자는 사용될 수 있는 다양한 항-PD-1 항체를 인식한다. 일부 구현예에서, 본 발명의 화합물과 병용하여 사용되는 예시적인 항-PD-1 항체는 켈브롤리주맵(Keytruda®)이다. 다른 구현예에서, 상기에 기재된 화합물과 병용하여 사용되는 항-PD-1 항체는 니볼루맵(Opdivo®)이다. 다른 구현예에서, 상기에 기재된 화합물과 병용하여 사용되는 항-PD-1 항체는 피딜리주맵(Medivation)이다.

[0381] 당업자에게 알려진 추가의 PD-1 항체는 AGEN-2034(Agenus), AMP-224(Medimmune), BCD-100(Biocad), BGBA-317(Beigene), BI-754091(Boehringer Ingelheim), CBT-501(Genor Biopharma), CC-90006(Celgene), 세미플리맵(Regeneron Pharmaceuticals), 두르발루맵+MEDI-0680(Medimmune), GLS-010(Harbin Gloria Pharmaceuticals), IBI-308(Eli Lilly), JNJ-3283(Johnson & Johnson), JS-001(Shanghai Junshi Bioscience Co.), MEDI-0680(Medimmune), MGA-012(MacroGenics), MGD-013(Marcogenics), 파조파닙 하이드로클로라이드+켈브롤리주맵(Novartis), PDR-001(Novartis), PF-06801591(Pfizer), REGN-2810(Regeneron), SHR-1210(Jiangsu Hengrui Medicine Co.), TSR-042(Tesaro Inc.), LZM-009(Livzon Pharmaceutical Group Inc) 및 ABBV-181(AbbVie Inc)이 포함된다. 각 가능성은 본 발명의 별개의 구현예를 나타낸다.

[0382] 본 발명의 병용 요법을 위한 바람직한 일 구현예에서, 항-PD-1 항체는 켈브롤리주맵(Keytruda®)이다.

[0383] 다른 구현예에서, 본 발명의 조성물은 항-PD-L1 항체와 병용된다. 본 발명의 병용물에 사용되는 예시적인 그러한 항-PD-L1 항체는 두르발루맵(MedImmune LLC), 아테졸리주맵(Hoffmann-La Roche Ltd, Chugai Pharmaceutical Co Ltd), 아벨루맵(Merck KGaA), CX-072(CytomX Therapeutics Inc), BMS-936559(ViiV Healthcare Ltd), SHR-1316(Jiangsu Hengrui Medicine Co Ltd), M-7824(Merck KGaA), LY-3300054(Eli Lilly and Co), FAZ-053(Novartis AG), KN-035(AlphaMab Co Ltd), CA-170(Curis Inc), CK-301(TG Therapeutics Inc), CS-1001(CStone Pharmaceuticals Co Ltd), HLX-10(Shanghai Henlius Biotech Co Ltd), MCLA-145(Merus NV), MSB-2311(MabSpace Biosciences(Suzhou) Co Ltd) 및 MEDI-4736(Medimmune)으로 구성되는 군으로부터 선택될 수 있다.

[0384] 특정 다른 구현예에서, 본 발명의 병용 요법은 기타 다른 HER2-직접 요법을 포함할 수 있다. 예를 들어, 본 발명의 조성물을 트라스투주맵 및 관련 HER2 기반(즉, 트라스투주맵 에피토프를 표적화하는 것들) 요법, 예컨대 트라스투주맵, 트라스투주맵 기반 ADC, Kadcyla, Enhertu, HER2 티로신 키나제 억제제, 예컨대 라파티닙, 네라티닙, 투카티닙, HER2 표적화 면역접합체, 예컨대 TLR, 및 사이토카인과 병용하는 것이 유리할 수 있다. 본 발명의 조성물과 병용하기에 유용할 수 있는 기타 다른 면역요법 및 관문 억제제-기반 요법은 CTLA4, TIGIT, OX40, PD1, PDL1, TIM3-기반 요법을 포함한다. 본 발명의 조성물은 추가로 CAR-T, NK, 또는 T-세포 기반 요법뿐만 아니라, 면역요법 백신과 병용될 수 있다. 사이토카인 및 사이토카인 표적화 요법과의 병용이 또한 고려된다. TGFb, VEGF 및 VEGFR1-3 및 항-혈관생성 표적화 요법, 예컨대 아바스틴, 라무시루맵, 또는 티로신 키나제 억제제, 예컨대 악시티닙, 렌바티닙, 카보잔티닙, 레고라페닙, 수니티브, 소라페닙의 사용이 특히 흥미로울 수 있다. 다른 구현예에서, CDK4/6 억제제, 예컨대 팔보시클립 등이 사용될 수 있다. EGFR 억제제, 예컨대 세툽시맵, 파니투무맵, 에를로티닙, 및 오시메르티닙이 또한 병용 요법에 사용될 수 있다.

[0385] 하기는 본 발명의 조성물 및 조성물의 평가의 실시예이다. 상기에 제공된 일반적인 설명이 고려된다면, 다양한 다른 구현예가 실시될 수 있음이 이해된다.

[0386] 실시예

[0387] 실시예 1. 범용 XTEN으로부터의 최소한의 돌연변이에 의해 바코드화된 XTEN의 설계

[0388] 이 실시예는 (상기 표 3b 중 하나와 같은) 범용 XTEN의 아미노산 서열의 최소한의 돌연변이(들)를 형성함으로써 바코드화된 XTEN에 대한 예시적인 설계 접근을 예시한다. 최소한의 돌연변이(들)를 수행하기 위한 관련 기준은 하기 중 하나 이상을 포함한다: (a) 상응하는 XTEN의 서열 변화를 최소화할 것; (b) 상응하는 XTEN의 아미노산 조성 변화를 최소화할 것; (c) 상응하는 XTEN에서 순전하를 실질적으로 유지할 것; (d) 상응하는 XTEN의 낮은 면역원성을 실질적으로 유지할 것; (e) XTEN에 의해 얻어지는 약동학적 특성을 실질적으로 유지할 것.

[0389] 예를 들어, 표 9에서의 범용 XTEN에 대해 글루탐산 잔기의 결실, 글루탐산 잔기의 삽입, 글루탐산 잔기의 치환, 또는 글루탐산 잔기로의 치환, 또는 이들의 임의의 조합을 포함하는 하나 이상의 돌연변이를 수행함으로써 바코드화된 XTEN을 작제하였다.

[0390] [표 9] 바코드화된 XTEN의 조작을 위해 사용된 4개의 범용 XTEN

서열 번호	XTEN 명칭	아미노산 서열
676	AE144	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG SAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
677	AE288_1	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTS ESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEG SAP
678	AE576	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPE SGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPE SGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAP
679	AE864	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPE SGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPE SGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAP

[0392] 실시예 2. 생물학적 활성 폴리펩티드(“BP”)에 대한 융합을 위한 바코드화된 XTEN의 서열 분석 및 이의 선택

[0393] 이 실시예는 생물학적 활성 폴리펩티드에 대한 융합을 위한 바코드화된 XTEN의 설계 및 선택(및 하나 초과)의 바코드화된 XTEN의 한 세트로의 조립)을 예시한다. XTEN(들) 내의 바코드 단편(들)의 위치 및 XTEN(들)이 생물학적 활성 단백질에 융합되어 XTEN-함유 작제물(예를 들어, XTEN화된 프로테아제-활성화 T-세포 인게이저(XPAT))을 형성하는 방식에 따라, 바코드 단편(들)은 XTEN의 절단(들)을 지시할 수 있다.

[0394] 컴퓨터 모의실험(*in silico*) GluC 분해 분석을 2개의 예시적인 XTEN(XTEN864 및 XTEN288_1)에 대해 수행하여, XTEN의 완전한 GluC 분해 시에 방출 가능한 펩티드 단편을 확인하였다. 컴퓨터 모의실험 분석은, 연속 글루탐산 잔기들(예를 들어, “EE”)을 갖는 XTEN에 관해서는, GluC가 글루탐산 잔기들 중 어느 하나 뒤에서 절단할 수 있음을 고려할 것이다. 하기 표 10에 요약된 결과에 나타난 바와 같이, 10량체 펩티드 서열 “TPGTSTEPSE”(서열 번호 96) 및 14량체 펩티드 서열 “GSAPGSEPATSGSE”(서열 번호 97)은 각각 더 긴 XTEN864에서 1회, 단지 1회만 발생하는 반면, 모든 다른 펩티드 서열은 XTEN864에서 2회 이상 발생한다. 그리고, 14량체 펩티드 서열 “GSAPGSEPATSGSE”(서열 번호 97)은 또한 더 짧은 XTEN288_1에서 1회, 단지 1회만 발생한다.

[0395] 후보 바코드의 특유성이 XTEN-함유 작제물로부터 방출 가능한 모든 다른 펩티드 단편과 관련하여 평가된다. 따라서, 하나의 XTEN 내의 바코드 서열은 XTEN-함유 작제물 내의 다른 임의의 곳에서도 발생할 수 없으며, 이러한

[0405] AAA-Glu-바코드 Peptide-BBB,

[0406] 여기서, “AAA” 는 Gly, Ala, Ser, Thr 또는 Pro를 나타내고, “BBB” 는 Gly, Ala, Ser, 또는 Thr을 나타내며, 이들은 GluC 분해에 의한 바코드 펩티드의 효율적인 방출을 촉진하도록 구성된다. 특히, XTEN 내의 각각의 바코드 펩티드의 삽입은 삽입된 바코드 펩티드 직전 또는 직후에 추가의 특유의 서열이 생성되게 할 수 있다.

[0407] [표 12] 바코드 펩티드의 비제한적인 예의 목록

후보 바코드 펩티드(들)	서열 번호
SPATSGSTPE	140
GSAPATSE	141
GSAPGTATE	142
GSAPGTE	143
PATSGPTE	144
SASPE	145
PATSGSTE	146
GSAPGTSAE	147
SATSGSE	148
SGPGSTPAE	149

[0408]

[0409] 실시예 3: 전체 서열(full sequence) XTEN화된 폴리펩티드 작제물에서의 XTEN(들)의 설계 및 선택

[0410] 이 실시예는 2개의 XTEN(하나를 N-말단에 위치하고, 나머지 다른 하나는 C-말단에 위치함)을 함유하는 전체 서열 폴리펩티드 작제물의 설계를 예시한다.

[0411] 하기 표 13은 (N-말단 및 C-말단 양쪽에 바코드화된 XTEN을 함유하는) 대표적인 바코드화된 BPXTEN 및 (N-말단 및 C-말단 양쪽에 범용 XTEN을 함유하는) 참조 BPXTEN에 사용되는 XTEN 서열을 예시한다. 대표적인 바코드화된 BPXTEN에서는, 바코드화된 XTEN(서열 번호 8014)이 BP의 N-말단에 융합되고, 또 다른 바코드화된 XTEN(서열 번호 8015)이 BP의 C-말단에 융합된다. 참조 BPXTEN에서는, “Ref-N” XTEN이 BP의 N-말단에 융합되고, “Ref-C” XTEN이 BP의 C-말단에 융합된다. “Ref-N” XTEN은 바코드화된 XTEN 서열 번호 8014와 길이가 유사하고; “Ref-C” XTEN은 바코드화된 XTEN 서열 번호 8015와 길이가 유사하다. 바코드화된 BPXTEN 및 참조 BPXTEN은 각각 BP 성분 내에 참조 서열을 함유한다. 참조 서열은 특유하고, (예를 들어, 실시예 5에 따라) GluC 프로테아제에 의한 완전한 분해 시에 상응하는 BPXTEN으로부터 방출 가능한 모든 다른 펩티드 단편과 분자량이 상이하다. 참조 서열의 특유성이 BPXTEN 작제물로부터 방출 가능한 모든 다른 펩티드 단편과 관련하여 평가된다.

[0412] [표 13] 전장 BPXTEN 작제물에 사용되는 N-말단 및 C-말단 XTEN의 대표적인 세트

[0413] * 바코드 펩티드는 볼드체임

[0414] 모든 밑줄친 서열은 특유의 GluC 펩티드를 생성함;

서열 번호	XTEN 유형	아미노산 서열	AA의 총수
8014 (표 3a로 부타)	N-말단 XTEN	SPAGSPTSTESGTSSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSTPAESGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGSEPAATSGSETPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGGSAP	292
8015 (표 3a로 부타)	C-말단 XTEN	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSE SATPESGPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT TEEGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESAT PESGPGSEPAATSGSETPGSEPAATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGEPE A	582
8021 Ref-N	N-말단 XTEN	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGSP AGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP SGPGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGSEPAATSGSETPGSPAGSPTSTEE TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGGSAP	292
8022 Ref-C	C-말단 XTEN	PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGSEPAATSGS ETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEP EGSAPGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS PGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSE ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPAATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTST EGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGAA EPEA	584

[0415]

[0416] 실시예 4: 바코드화된 XTEN화된 융합 폴리펩티드의 제조합 작제 및 생성

[0417] 실시예 4는 본 명세서에 개시된 방법을 사용하여 C-말단에 있는 바코드화된 XTEN 및 N-말단에 있는 또 다른 바 코드화된 XTEN을 함유하는 XTEN화된 융합 폴리펩티드의 제조합 작제, 생성, 및 정제를 예시한다.

[0418] 발현: 항-CD3 서열(예를 들어, 표 6a 내지 표 6e에 제시됨), 항-HER2 서열(예를 들어, 표 6f에 제시됨), C-말단 에 있는 바코드화된 XTEN(예를 들어, 표 3a에 제시됨), 및 N-말단에 있는 바코드화된 XTEN(예를 들어, 표 3a에 제시됨)을 함유하는 XTEN화된 융합 폴리펩티드를 인코딩하는 작제물을 독점적 E. 콜리 AmE098 균주 내에서 발현 시키고, 전과 동안 절단되는 N-말단 분비 리더 서열(MKKNIAFLFLASMFVFSIATNAYA)(서열 번호 100)을 통해 주변세포 질(periplasm) 내로 분배시킨다. 발효 배양물을 37°C에서 무동물성 복합 배지를 사용하여 성장시키고, 인산염 고갈 전에 온도를 26°C로 이동하였다. 수집 전에, 발효 전브로쓰(whole broth)를 원심분리하여 세포를 펠릿화한 다. 수합 시점에서, 총 부피 및 습윤 세포 중량(WCW; 펠릿 대 상층액의 비)을 기록하고, 펠릿화된 세포를 수집 하고, -80°C에서 냉동시킨다.

[0419] 회수: 냉동된 세포 펠릿을 30% 습윤 세포 중량을 목표로 하여 용해 완충액(100 mM 시트르산) 중에 재현탁시킨다. 재현탁은 pH 4.4에서 평형화될 수 있게 하고, 이어서 출력 온도를 모니터링하고 15±5°C로 유지 하면서 17,000±200 bar에서 균질화한다. 균질액의 pH가 지정된 범위(pH 4.4±0.1) 이내에 있는 것으로 확인된 다.

[0420] 청정화: 내독소 및 숙주 세포 불순물을 감소시키기 위하여, 균질액을 저온(10±5°C), 산성(pH 4.4±0.1) 플록화 를 하룻밤(15 내지 20시간) 거칠 수 있게 한다. 불용성 분획을 제거하기 위하여, 플록화된 균질액을 8,000 RCF 및 2 내지 8°C에서 40분 동안 원심분리하고, 상층액을 유지시킨다. 핵산, 지질, 및 내독소를 제거하기 위하여 그리고 여과 보조제로서 작용하기 위하여, 상층액을 0.1% (m/m) 구조토가 되도록 조정한다. 여과 보조제가 현탁 된 상태로 유지되게 하기 위하여, 상층액을 임펠러를 통해 혼합하고, 30분 동안 평형화되게 한다. 침출 필터, 그 다음에 0.22 µm 필터로 구성되는 필터 트레인을 조립하고, 이어서 MQ로 플러싱한다. 25±5 psig의 압력 강 하를 유지하도록 유동을 조절하면서 상층액을 필터 트레인을 통해 펌핑한다.

[0421] 정제

- [0422] 단백질-L 포획: 숙주 세포 단백질, 내독소, 및 핵산을 제거하기 위하여, 단백질-L을 사용하여 BPXTEN 분자의 aHER2 scFv 내에 존재하는 카파 도메인을 포획한다. 단백질-L 고정상(Tosoh TP AF-rProtein L-650F), 단백질-L 이동상 A(11.5 mM 시트르산, 24.5 mM Na₂HPO₄, 125 mM NaCl, 0.005% 폴리소르베이트 80, pH 5.0), 및 단백질-L 이동상 B(11 mM 인산, 0.005% 폴리소르베이트 80, pH 2.0)를 여기서 사용한다. 컬럼을 단백질-L 이동상 A를 사용하여 평형화한다. 여과액을 pH 5.5±0.2로 조정하고, 2 내지 4 g/L-수지를 목표로 하여 단백질-L 컬럼 상에 로딩하고, 이어서 280 nm에서의 흡광도(A280)가 (국부) 기저선으로 되돌아올 때까지 단백질-L 이동상 A로 추적한다. 결합된 물질을 이동상 B로 용리시키고, 2 CV 분획으로서 수집하고(0.4 CV의 0.5 M Na₂HPO₄로 미리 스 와이킹됨), SDS-PAGE에 의해 분석한다.
- [0423] C-태그 중간 정제: C-말단 완전성을 보장하기 위하여, C-태그 친화성 크로마토그래피를 사용하여 C-말단-EPEA 태그를 포획한다. C-태그 고정상(Thermo C-tagXL), C-태그 이동상 A(50 mM 히스티딘, 200 mM NaCl, 0.005% 폴리소르베이트 80, pH 6.5), 및 C-태그 이동상 B(20 mM Tris, 0.6 M MgCl₂, 0.005% 폴리소르베이트 80, pH 7.0)를 여기서 사용한다. 컬럼을 C-태그 이동상 A를 사용하여 평형화한다. 2 g/L-수지를 목표로 하여 C-태그 컬럼 상에 IMAC Elution을 로딩하고, 280 nm에서의 흡광도(A280)가 (국부) 기저선으로 되돌아올 때까지 C-태그 이동상 A로 추적한다. 결합된 물질을 C-태그 이동상 B로 용리시킨다. C-태그 용리액을 2 CV 분획으로서 수집하고, SDS-PAGE에 의해 분석한다.
- [0424] AEX 폴리싱: 단량체 생성물로부터 이량체 및 응집체를 분리하기 위하여, 음이온 교환(AEX) 크로마토그래피를 이용하여 전기음성 N-말단 및 C-말단 XTEN 도메인을 포획한다. AEX1 고정상(BIA QA-80), AEX1 이동상 A(50 mM 히스티딘, 200 mM NaCl, 0.005% 폴리소르베이트 80, pH 6.5), 및 AEX1 이동상 B(50 mM 히스티딘, 500 mM NaCl, 0.005% 폴리소르베이트 80, pH 6.5)을 여기서 사용한다. 컬럼을 AEX 이동상 A를 사용하여 평형화한다. C-태그 용리액을 MQ를 사용하여 10 mS/cm로 희석시키고, 2 g/L-수지를 목표로 하여 로딩하고, 이어서 280 nm에서의 흡광도가 (국부) 기저선으로 되돌아올 때까지 AEX 이동상 A로 추적한다. 결합된 물질을 60 CV에 걸쳐 0% B부터 100% B까지의 구배를 사용하여 용리시킨다. A280이 (국부) 기저선보다 2 mAU 이상 위에 있는 동안에 분획을 1 CV 분획물로 수집한다. 용리 분획을 SDS-PAGE 및 SE-HPLC에 의해 분석하고, 단량체가 98% 이상인 것으로 확인된 분획을 추가 프로세싱을 위하여 풀링한다(AEX 풀(Pool)).
- [0425] 제형화: 생성물을 제형 완충액 중으로 교환하고 생성물이 목표 농도(0.5 g/L)에 이르게 하기 위하여, 한외여과/투석여과(UF/DF)를 사용한다. 0.1 m²의 면적 및 15 psi의 TMP 목표를 갖는 10 kDa 막을 사용하여, AEX 풀을 0.5 g/L로 농축시키고, 이어서 제형 완충액(50 mM 히스티딘, 200 mM NaCl, 0.005% 폴리소르베이트 80, pH 6.5)을 사용하여 10배 희석시킨다. AEX 풀을 10배로 농축시키고, 2회 더 10배로 희석시킨다. 회수된 제형화된 생성물을 BSC 내에서 0.22 µm 필터로 여과하고, 분취하고, 라벨링하고, 벌크 약물 물질(Bulk Drug Substance, BDS)로서 -80°C에서 저장한다. BDS는 다양한 분석적 방법에 의해 모든 출하 승인(Lot Release) 기준을 충족시키는 것으로 확인된다. 전체 품질은 SDS-PAGE에 의해 분석하고, 단량체 대 이량체와 응집체의 비는 SE-HPLC에 의해 분석하고, N-말단 품질 및 생성물 균일성은 HI-HPLC에 의해 분석한다. 동일성이 ESI-MS에 의해 확인된다.
- [0426] **실시예 5. 프로테아제 분해에 의한 바코드 펩티드의 방출**
- [0427] 이 실시예는 본 명세서에 개시된 방법을 사용하여 다양한 길이 또는 절단된 형태의 XTEN-함유 작제물을 함유하는 폴리펩티드 혼합물로부터의 바코드 단편(들) 및 참조 단편(들)의 방출을 예시한다.
- [0428] XTEN-함유 작제물의 샘플을 순차적으로 DTT, 그리고 이어서 요오도아세트아미드 중에서의 인큐베이션을 통해 환원시키고 알킬화한다. 이어서, 샘플을 완충액 교환하고, 크기-배제 스핀 카트리지를 사용하여 탈염한다. Glu-C 프로테아제를 1:5의 효소 대 기질 비로 샘플에 첨가하고, 샘플을 분해를 위하여 37°C에서 인큐베이션한다. 이어서, 샘플을 4°C로 내려서 단백질 분해 반응을 정지시키고, 분석을 위하여 오토샘플러 바이알 내에 넣는다.
- [0429] **실시예 6. 바코드 펩티드(들) 및 참조 펩티드(들)의 검출 및 정량화**
- [0430] 이 실시예는 개별 바코드 펩티드들의 정량적 측정을 수행하기 위해 사용되는 질량 분석 방법을 예시한다. LC-병렬 반응 모니터링(Parallel Reaction Monitoring, PRM) 방법을 고분해능 정밀 질량(high-resolution accurate mass, HRAM) 질량 분석계 내로 프로그래밍한다. 전통적인 데이터-의존적 획득(Data-Dependent Acquisition, DDA) 질량 분석 방법과 달리, PRM 방법은 1회 실시에서 15 내지 30개의 펩티드의 특정 세트에 초점을 맞추어서, 각각 부하 사이클(duty cycle)당 1회씩 MS-MS에 의해 서열분석한다. 그러한 바와 같이, 이 방법은 온전한 펩티드의 단편화되지 않은 전구체 이온에 대해서뿐만 아니라, 펩티드의 각 단편 이온에 대해서도 추출된 이온 크로

마토그램(extracted Ion Chromatogram, XIC)을 생성하여 그의 서열을 확인시켜 준다. 단편 이온 XIC는 종종 전구체 이온 단편보다 더 민감하고 선택적으로 정량적이다. 사용되는 LC-PRM 방법은 7개의 바코드 펩티드의 가벼운 버전 및 무거운 버전을 포함한다. 이들 14개의 펩티드의 모든 단편 이온의 크로마토그래피 피크 영역을 획득 후(post-acquisition)에 측정하고, 가장 강한 단편 이온을 정량적 측정에 사용한다. 이어서, XTEN 바코드 펩티드 대 PAT 바코드 펩티드의 피크 면적비를 XTEN 분자를 가로질러 다양한 포인트에서 상대 XTEN:PAT 풍부도에 대해 계산한다.

[0431] **실시예 7. 질량 분석법(MS)에 의해 펩티드를 정량화하기 위한 안정한 동위원소 표지화**

[0432] 이 실시예는 XTEN-함유 폴리펩티드로부터의 바코드 펩티드의 (상대적이라기보다는) 절대적인 정량화를 가능하게 하는 안정한-동위원소 표지화 계획을 예시한다. 표준 무거운 동위원소 표지된 아미노산 정량적 계획이 사용될 것이며, 여기서는 C-말단 글루탐산이 (^{13}C) $_5\text{H}_7(^{15}\text{N})\text{O}_3$ 무거운 동위원소 표지된 유사체로 대체된 바코드 펩티드의 합성 유사체를 전문화된 벤더로부터 입수한다. 보정 곡선을 작성할 것인데, 여기서는 알려진 양의 XTEN 바코드 함유 폴리펩티드를, 무거운 동위원소-표지된 합성 펩티드가 일정 농도로 유지되는 매트릭스 중에 연속 희석시킨다. 동일한 스파이크 수준의 무거운 동위원소 표지된 펩티드를 함유하는 연구 샘플에 대한 곡선으로부터 크로마토그래피 피크 면적 무거운 동위원소:가벼운 동위원소 비를 보정함으로써 정확한 정량화가 수행될 수 있다.

[0433] **실시예 8. XTEN-함유 폴리펩티드의 절단의 정량화**

[0434] 이 실시예는 XTEN-함유 폴리펩티드들의 혼합물 내의 길이 변이체 또는 절단 변이체의 정량화를 예시한다.

[0435] 예를 들어, 바코드 펩티드 “SGPGSTPAESGSE” (서열 번호 150)를, BPXTEN의 N-말단 단부에서의 XTEN의 심각한 절단을 나타내기 위해, **실시예 3**에 기재되고 그로부터 얻어진 대표적인 바코드화된 BPXTEN 서열 내로 76개의 아미노산째에 위치시킨다. 또한, 잠재적인 바코드 단편 “SPAGSPTSTESGTSE” (서열 번호 151)가 N-말단에 위치되는 것을 고려한다. **실시예 6**의 절차에 따른 생물학적 활성 단백질(예를 들어, scFv 단편) 서열로부터의 특유의 참조 펩티드 서열에 대한 각각의 바코드 펩티드의 풍부도 측정비는 샘플 혼합물 내의 약리학적 효능에 영향을 줄 수 있는 절단을 갖는 전장 폴리펩티드 및 변이체의 총량을 나타낸다. 적어도 하나의 참조 단편의 풍부도 측정은 샘플 혼합물 내의 폴리펩티드의 모든 변이체의 총량을 나타내는 데 사용된다. 따라서, 참조 단편과 바코드 단편 사이의 차등 풍부도는 절단된 폴리펩티드 변이체의 양에 대한 정보를 제공해준다. LC-MS 데이터를 분석하여 바코드 단편 대 참조 단편의 양의 비를 결정하는데, 이는 폴리펩티드 혼합물 내의 약리학적으로 효능이 있는 변이체들의 상대량을 나타낸다.

[0436] 2개(또는 3개의) 바코드들의 세트를 사용하여 폴리펩티드의 상이한 절단 수준을 나타낸다. LC-MS 데이터를 사용하여 각각의 바코드 단편의 양 대 참조 단편의 양의 비를 결정하며, 그럼으로써 폴리펩티드 혼합물 내의 절단 변이체들의 분포를 정량화한다.

[0437] **실시예 9. 표적 세포에 대한 XTEN화된(마스킹된) 및 탈-XTEN화된(마스킹되지 않은, 활성화된) XPAT(프로테아제-활성화 T 세포 인게이지)의 시험관내 세포독성**

[0438] 이 실시예는, 일반적으로는 XTEN화된 프로테아제-활성화 T-세포 인게이지 (“XPAT”)에 대한, 그리고 구체적으로는 HER2-XPAT에 대한 XTEN에 의한 마스킹을 예시한다. 이 실시예는 XTEN화된(마스킹된) HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시된 바와 같음) 및 상응하는 탈-XTEN화된(마스킹되지 않은) HER2-PAT의 세포 독성에서의 차등을 예시한다.

[0439] XTEN화된 PAT(표 D에 제시된 바와 같음) 및 상응하는 탈-XTEN화된 PAT(프로테아제-처리됨)의 세포독성을 시험관내 세포독성 검정을 사용하여 결정하였는데, 이는 세포 생존력을 측정하기 위한 프록시로서 처리 후에 용해된 표적 세포의 웰에 존재하는 ATP의 양을 이용하였다. HER2-발현 표적 세포를 다양한 밀도(BT474: 20k개의 세포/웰, 및 SKOV3: 10k개의 세포/웰)로 백색 불투명 바닥 플레이트 상에 시딩하고, 37°C, 5% CO₂에서 하룻밤(18 내지 24시간) 인큐베이션되게 하였다. 하룻밤 인큐베이션의 종료 전에, 말초 혈액 단핵 세포(PBMC)를 해동하고, 37°C, 5% CO₂에서 하룻밤 인큐베이션하였다. PBMC를 전혈 또는 림프구-풍부화된 버피 코트(buffy coat) 제제(BioIVT로부터 입수됨) 중 어느 하나로부터 피콜(Ficoll) 밀도 구배 원심분리에 의해 선별된 건강한 공여자로부터 분리하였다. XTEN화된 PAT에 대해서는 2400 nM 그리고 탈-XTEN화된 PAT에 대해서는 10 nM의 출발 농도와 함께 9-포인트, 3배 적정(10번째 포인트는 무처리)을 사용하여, 10X XTEN화된 및 탈-XTEN화된 PAT 적정물(titration)을 제조하였다. PBMC를 1:1 이펙터:표적 비로 웰 내에 시딩하였다. 10X XTEN화된 및 탈-XTEN화된 PAT 적정물을 각각 240 nM 및 1 nM의 출발 농도를 위하여 웰 내로 10배 희석시켰다. 플레이트를 37°C, 5% CO₂에

서 48시간 동안 인큐베이션하였다. 48시간 인큐베이션 후에, 플레이트를 1X PBS로 3회 세척하고, 100 μ L의 1X PBS를 모든 웰에 첨가하였다. 100 μ L의 CellTiter-Glo® 발광 기질 용액을 모든 웰에 첨가하고, 플레이트를 실온에서 1 내지 5분 동안 인큐베이션되게 하였다. 이어서, 플레이트를 플레이트 진탕기 상에서 300 내지 500 rpm으로 30 내지 60초 동안 진탕하여 웰의 내용물을 혼합하고, 이어서 100 ms의 집적 시간을 사용하여 발광광도계에서 판독한다. 생성된 신호의 강도는 웰 내에 존재하는 생존가능 세포의 양과 상관된다. 모든 무처리 웰로부터의 신호의 평균을 계산하고 사용하여 처리 웰로부터의 % 생세포(Live cell)를 결정하였다((처리 신호/무처리 신호의 평균)*100 = % 생세포). % 생세포를 농도에 따라 플롯팅하였으며, 절반 최대 반응(EC50) 값을 GraphPad Prism 소프트웨어를 사용하여 4-파라미터 로지스틱 회귀 방정식에 의해 도출하였다.

[0440] XTEN화된 PAT 및 상응하는 탈-XTEN화된 PAT는 시험된 모든 HER2-발현 세포주에 대한 세포 독성에서 큰 차이를 나타내었는데, 이는 마스킹된 이중특이성 항체(비활성화된 상태)의 세포용해 활성의 감소에서의 XTEN화 결과를 확인시켜 준다. 도 5a 및 도 5b에 나타난 바와 같이, BT-474 및 SK-OV-3 세포에 대한 탈-XTEN화된(마스킹되지 않은, 활성화된) PAT의 세포독성이 용량-의존적 방식으로 관찰되었으며, 이때 약 80%의 최대 살해율이 0.3 nM에서 관찰되었다. 도 5a 및 도 5b에 나타난 바와 같이, 탈-XTEN화된 PAT는 4.8 pM(BT474) 및 3.4 pM(SKOV3)의 EC50 값을 나타낸 반면, XTEN화된 PAT는 49,370 pM(BT474) 및 44,474 pM(SKOV3)의 EC50 값을 나타내었다. 이러한 관찰은, 탈-XTEN화된 HER2-PAT가 HER2 발현을 갖는 세포주에 대해 세포독성 활성을 가지며, XTEN화는 면역 시냅스를 형성할 수 있는 능력을 마스킹하여(또는 차폐하여) 결과적으로 세포독성의 감소를 가져온다는 것을 입증한다.

[0441] 실시예 10. 저수준의 표적 항원을 발현하는 표적 세포에 대한 XTEN화된(마스킹된) 및 탈-XTEN화된(마스킹되지 않은, 활성화된) XPAT의 시험관내 세포독성

[0442] 실시예 10a:

[0443] 정상적인 인간 심근세포는 저수준의 HER2를 발현하고, 그 결과로서 일부 HER2-표적화된 요법으로 치료된 환자에서 심장 독성의 드문 사례가 관찰되어 왔다. HER2-표적화된 작용제의 알려진 잠재적인 심장독성을 고려하여, HER2를 발현하는 인간 심근세포에 대한 AMX-818 독성을 평가하였다. 비인간 영장류(NHP) 전임상 연구에서의 심장독성의 결여와 일치하게, AMX-818은, 심지어 마이크로몰 용량에서조차도 시험관내에서 인간 심근세포에 대해 제한된 세포독성을 나타내었다. 대조적으로, 마스킹되지 않은 TCE 대응물은 상당히 더 큰 세포독성 활성을 보여주었다(EC50 = 약 100 pM).

[0444] 이 실시예는 HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨), 및 상응하는 HER2-PAT인 이의 활성 단백질 분해 생성물의 증가하는 농도에 따른 T-세포-유도 세포독성에 대한 1차 심근세포의 민감성을 예시한다.

[0445] FujiFilm Cellular Dynamics로부터 구입한 정상적인 인간 심근세포를 사용하였다. 심근세포(iCell Cardiomyocyte, Cellular Dynamics International)를 액체 질소로부터 소생시키고, 7일 동안 96웰당 20,000개의 세포로 플레이트팅하고, 제조자의 설명서에 따라 처리하였다. 인간 말초 혈액 림프구를 XTEN화된 HER2-XPAT 또는 상응하는 탈-XTEN화된 HER2-PAT를 3배 농도로 증가시키면서 1:1 이펙터:표적 비로 iCell Cardiomyocyte에 첨가하고, 37°C, 5% CO₂에서 48시간 동안 인큐베이션하였다. 이 검정을 RPMI(Roswell Park Memorial Institute) 배지 및 10% 열-비활성화된 소태아 혈청 중에서 수행하였다. 심근세포의 세포 생존력을 ATP 정량화를 통해 결정하였으며, Cell Titer-Glo 발광 세포 생존력 검정 시스템(Luminescent Cell Viability Assay System)(Promega)을 사용하여 수행하였다. 세포 상층액을 흡인하고, 세포를 인산염 완충 식염수(PBS)로 2회 세척하고, 흡인하고, 이어서 PBS(웰당 100 μ l)를 첨가하였다. LS405 마이크로플레이트 워셔 디스펜서(BioTek)를 사용하여 자동화 플레이트 세척을 수행하였다. Cell Titer-Glo 시약을 첨가하고(웰당 100 μ l), 검정 플레이트를 실온에서 5분 동안 인큐베이션하였다. 발광 검출기와 함께 다중-표지 판독기(Molecular Devices)를 사용하여 발광을 정량화하였다. 세포독성의 분석을 위하여, % 생존가능 세포를 상대 발광 단위(RLU)로부터 계산하였다. % 생세포 = (시험 웰 RLU/표적 세포 단독 RLU) * 100. EC₅₀ 결정을 위하여, 데이터를 Microsoft Excel에서 변환시키고, Graph Pad Prism 8.3.1 소프트웨어 'log(효능제) vs. 반응-가변 기울기(4개의 파라미터)를 사용하여 분석하였다.

[0446] 도 6a에 나타난 바와 같이, 심근세포는 대략 64 pM의 EC50 농도로 탈-XTEN화된 HER2-PAT에 따라 T 세포-유도 세포용해에 의해 살해된 반면에, 심근세포는 1 μ M 정도 농도의 XTEN화된 HER2-XPAT에 의한 살해에 대해 불응성으로 유지되었는데, 이는, XTEN화된 PAT가 암 세포주에 비하여 심근세포에서 더 적은 활성을 가짐을 예시한다.

[0447] 실시예 10b: 이 실시예는 HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨), 및 상응하는 HER2-PAT인 이의 활성 단백질 분

해 생성물의 증가하는 농도에 따른 T-세포-유도 세포독성에 대한, 상대적으로 낮은 수준의 HER2 발현을 갖는 또 다른 세포주, MCF-7의 민감성을 예시한다.

[0448] MCF-7 세포를 확립된 프로토콜에 따라 배양하였다. 농도-반응 곡선 및 EC50 값을 측정하고, 실시예 10a에 개략적으로 설명된 프로세스에 따라 분석하였다.

[0449] 도 6b에 나타낸 바와 같이, MCF-7 세포를 0.01 nM 내지 0.1 nM의 EC50 농도로, 단백질 분해적으로 탈-XTEN화된 HER2-XPAT(채워진 원)에 따라 T 세포-유도 세포용해에 의해 효과적으로 살해하였다. HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨)에 대한 XTEN화는 용량-반응 곡선의 우측 이동(채워진 정사각형)에 의해 나타낸 바와 같이, T 세포-매개 세포독성을 적어도 10^4 배만큼 감소시켰다.

[0450] 실시예 10c.

[0451] 이 실시예는 HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨), 및 상응하는 HER2-PAT인 이의 활성 단백질 분해 생성물의 증가하는 농도에 따른 T-세포-유도 세포독성에 대한, 중간 수준의 HER2를 발현하는 또 다른 세포주, MDA-MB-453의 민감성을 예시한다. MDA-MB-453은 중간 정도의 HER2 발현을 갖는 유방암 세포주이다.

[0452] XTEN화된 PAT(표 D에 제시된 바와 같음) 및 상응하는 탈-XTEN화된 PAT(프로테아제-처리됨)의 세포독성을 시험관 내 세포독성 검정을 사용하여 결정하였는데, 이는 세포 생존력을 측정하기 위한 프로시저로서 처리 후에 용해된 표적 세포의 웰에 존재하는 ATP의 양을 이용하였다. HER2-발현 표적 세포(MDA-MB-453 세포주)를 백색 불투명 바닥 플레이트 상에 시딩하고, 37°C, 5% CO₂에서 하룻밤(18 내지 24시간) 인큐베이션되게 하였다. 하룻밤 인큐베이션의 종료 전에, 말초 혈액 단핵 세포(PBMC)를 해동하고, 37°C, 5% CO₂에서 3 내지 4시간 동안 인큐베이션하였다. PBMC를 전혈 또는 림프구-풍부화된 버피 코트 제제(BioIVT로부터 입수됨) 중 어느 하나로부터 피콜 밀도 구배 원심분리에 의해 선별된 건강한 공여자로부터 단리하였다. XTEN화된 PAT에 대해서는 3000 nM 그리고 탈-XTEN화된 PAT에 대해서는 10 nM의 출발 농도와 함께 7-포인트, 5배 적정을 사용하여, 10X XTEN화된 및 탈-XTEN화된 PAT 적정물을 제조하였다. PBMC를 10:1 이펙터:표적 비로 웰 내에 시딩하였다. 10X XTEN화된 및 탈-XTEN화된 PAT 적정물을 각각 300 nM 및 1 nM의 출발 농도를 위하여 웰 내로 10배 희석시켰다. 플레이트를 37°C, 5% CO₂에서 48시간 동안 인큐베이션하였다. 48시간 인큐베이션 후에, 플레이트를 1X PBS로 3회 세척하고, 100 µL의 1X PBS를 모든 웰에 첨가하였다. 100 µL의 CellTiter-Glo® 발광 기질 용액을 모든 웰에 첨가하고, 플레이트를 실온에서 1 내지 5분 동안 인큐베이션되게 하였다. 이어서, 플레이트를 플레이트 진탕기 상에서 300 내지 500 rpm으로 30 내지 60초 동안 진탕하여 웰의 내용물을 혼합하고, 이어서 100 ms의 집적 시간을 사용하여 발광광도계에서 판독한다. 생성된 신호의 강도는 웰 내에 존재하는 생존가능 세포의 양과 상관된다. 모든 무처리 웰로부터의 신호의 평균을 계산하고 사용하여 처리 웰로부터의 % 생세포를 결정하였다((처리 신호/무처리 신호의 평균)*100 = % 생세포). % 생세포를 농도에 따라 플롯팅하였으며, 절반 최대 반응(EC50) 값을 GraphPad Prism 소프트웨어를 사용하여 4-파라미터 로지스틱 회귀 방정식에 의해 도출하였다.

[0453] 탈-XTEN화된 HER2-XPAT(채워진 원) 및 XTEN화된 HER2-PAT(채워진 정사각형)에 대한 농도-반응 곡선이 각각 도 6c에 나타나 있다.

[0454] 본 명세서에서 시험된 세포주의 HER2 발현 수준은 당업계에 알려져 있다. 예를 들어, 전체적으로 본 명세서에 참고로 포함된 문헌[Hendriks *et al.* (Mol. Cancer Ther. September 1, 2013;12(9):1816-1828)]은 도 1e에서의 다양한 세포의 평균 HER2 수준을 상세히 기재한다(X-축은 세포당 HER2 수용체의 수를 나타냄). BT-474는 “3+”의 상대적으로 높은 HER2 수준(면역조직화학 시험 점수)을 가질 수 있으며; 심근세포는 “2+”의 HER2 수준을 가질 수 있으며; MCF-7은 “1+/0”의 상대적으로 낮은 HER2 수준을 가질 수 있다.

[0455] 실시예 11. XTEN화된 XPAT의 투여에 의해 대상체에서 유도된 종양 퇴행

[0456] 이 실시예는 비히클, 절단 불가능한 XTEN화된 HER2-PAT, 절단 가능한 XTEN화된 HER2-PAT, 및 마스킹되지 않은 HER2-PAT의 투여에 의해 대상체에서 유도된 종양 퇴행을 예시한다. 이들 실험에 사용되는 절단 불가능한 작제물은, 방출 부위가 GASTEP 아미노산(글리신, 알라닌, 세린, 트레오닌, 글루타메이트, 및/또는 프롤린)으로부터 제조되는 유사한 길이의 절단 불가능한 서열로 대체된 것을 제외하고는, 상응하는 절단 가능한 작제물과 동일하다.

[0457] 실시예 11a: 종양 접종 하루 전날에 마우스의 우측 옆구리에 에스트로겐 펠릿(17β-에스트라디올, 60일 방출)을 이식하였다. BT-474 종양 세포를, 종양 발생을 위하여 2×10^7 개의 BT-474/200 µl의 (Matrigel을 함유하는 RPMI

1640(1:1))/마우스의 농도로 각 마우스마다 우측 옆구리 영역에 피하 접종하였다. 종양 세포 접종 일자는 일수 0(D0)으로서 표기하였다.

[0458] 종양이 D8에서 촉진 가능해졌을 때(평균 종양 부피(MTV) = 117 mm^3), PBMC를 1×10^7 개의 PBMC/200 μl 의 RPMI 1640/마우스로 정맥내 이식하였다. 마우스의 한 군에는 PBMC를 주사하지 않고("hPBMC를 갖지 않는" 군), PBMC-주사된 마우스와 병행하여 실험 처리의 나머지를 거쳤다. 평균 종양 부피가 147 mm^3 에 도달하였을 때(D10), 마우스의 "hPBMC를 갖지 않는" 군에 비히클(희석제)(도 7a에서 채워진 정사각형)을 투여하였으며; PBMC-주사된 마우스를 4개의 군에 무작위 배정하고, 비히클(희석제)(도 7a에서 채워진 원), 마스킹되지 않은 이중특이체(도 7a에서 채워진 삼각형), 절단 가능한 XTEN화된 이중특이체(도 7a에서 육각형), 및 절단 불가능한 XTEN화된 이중특이체(도 7a에서 다이아몬드)를 각각 투여하였다. 5개의 모든 군은 15 nmol/Kg의 등물 용량을 제공받았다.

[0459] 도 7a에 예시된 바와 같이, 연구의 종료 시점(D35)까지, 절단 가능한 XTEN화된 HER2-PAT(예를 들어, 표 D에 제시됨) 및 마스킹되지 않은 이중특이체 둘 모두는 대조군(hPBMC와 함께 또는 이것 없이 비히클) 및 절단 불가능한 XTEN화된 이중특이체 대응물과 비교할 때 상당한 항-종양 효능을 입증하였다. 절단 불가능한 XTEN화된 이중특이성 약제물의 임의의 종양 성장 억제에 기여는 XTEN화된 HER2 이중특이체에 대해 관찰된 항-종양 효능이 단백질 분해적 절단에 의해 유도된다는 것을 뒷받침한다.

[0460] **실시예 11b:** 구현된 실험 셋업은 실시예 11a에 기재된 것과 유사하였다. 종양 접종 하루 전날에 마우스의 우측 옆구리에 에스트로겐 펠릿(17β -에스트라디올, 60일 방출)을 이식하였다. BT-474 종양 세포를, 종양 발생을 위하여 2×10^7 개의 BT-474/200 μl 의 (Matrigel을 함유하는 RPMI 1640(1:1))/마우스의 농도로 각 마우스마다 우측 옆구리 영역에 피하 접종하였다. 종양 세포 접종 일자는 일수 0(D0)으로서 표기하였다. 종양이 D8에서 촉진 가능해졌을 때(MTV = 94 mm^3), PBMC를 1×10^7 개의 PBMC/200 μl 의 RPMI 1640/마우스로 정맥내 이식하였다. 마우스의 한 군에는 PBMC를 주사하지 않고("hPBMC를 갖지 않는" 군), PBMC-주사된 마우스와 병행하여 실험 처리의 나머지를 거쳤다. MTV가 444 mm^3 에 도달하였을 때(D20), PBMC 주사된 마우스를 무작위 배정하고, 비히클(희석제) 및 시험 대상물 치료제를 D21에서 모든 군에 대해 단회 용량으로서 전달하였다.

[0461] 도 7b는 대조군 및 절단 불가능한 XTEN화된 이중특이체 대응물과 비교할 때, 단회 용량 후에, 심지어 확립된 큰 종양(예를 들어, 평균 종양 부피(MTV) > 400 mm^3)에서조차도 절단 가능한 XTEN화된 HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨)의 상당한 항-종양 효능을 예시한다. 절단 불가능한 XTEN화된 HER2-PAT에 의해 달성되는 종양 성장 억제에 적절한 수준의 기여는 절단 가능한 XTEN화된 HER2-PAT의 항-종양 효능이 단백질 분해적 절단에 의해 유도된다는 것을 뒷받침한다.

[0462] **실시예 11c:** 실시예 11a 및 실시예 11b는 상대적으로 높은 수준의 HER2를 발현하는 유방암 세포주로부터 발생된 이종이식편을 사용한 반면, 본 실시예에서는, 저수준의 HER2 발현을 특징으로 하는 결직장 이종이식편 모델을 사용하여 종양 퇴행 연구를 수행하였다. 마우스에, 종양 발생을 위하여 5×10^6 개의 HT-55/200 μl 의 (Matrigel을 함유하는 RPMI 1640(1:1))/마우스의 농도로 각 마우스마다 우측 옆구리 영역에 피하 접종하였다. 종양 세포 접종 일자는 일수 0(D0)으로서 표기하였다.

[0463] 종양이 D6에서 촉진 가능해졌을 때(평균 종양 부피(MTV) = 82 mm^3), PBMC를 1×10^7 개의 PBMC/200 μl 의 RPMI 1640/마우스로 정맥내 이식하였다. 마우스의 한 군에는 PBMC를 주사하지 않고("hPBMC를 갖지 않는" 군), PBMC-주사된 마우스와 병행하여 실험 처리의 나머지를 거쳤다. 평균 종양 부피가 130 mm^3 에 도달하였을 때(D10), 마우스의 "hPBMC를 갖지 않는" 군에 비히클(희석제)(도 7c에서 채워진 정사각형)을 투여하였으며; PBMC-주사된 마우스를 5개의 군에 무작위 배정하고, 비히클(희석제)(도 7c에서 채워진 원), 15 nmol/Kg의 마스킹되지 않은 이중특이체(도 7c에서 채워진 삼각형), 15 nmol/Kg의 절단 가능한 XTEN화된 이중특이체(도 7c에서 삼각형), 36 nmol/Kg의 절단 가능한 XTEN화된 이중특이체(도 7c에서 육각형), 및 절단 불가능한 XTEN화된 이중특이체(도 7a에서 다이아몬드)를 각각 투여하였다.

[0464] 도 7c에 예시된 바와 같이, 본 연구의 종료 시점까지, 절단 가능한 XTEN화된 HER2-PAT(예를 들어, 표 D에 제시됨) 및 마스킹되지 않은 이중특이체(15 nmol/Kg 및 36 nmol/Kg 둘 모두에 대해) 둘 모두는 대조군(hPBMC와 함께 또는 이것 없이 비히클) 및 절단 불가능한 XTEN화된 이중특이체 대응물과 비교할 때 상당한 항-종양 효능을 입증하였다. 절단 불가능한 XTEN화된 이중특이성 약제물의 임의의 종양 성장 억제에 기여는 XTEN화된 HER2 이중특

이체에 대해 관찰된 항-종양 효능이 단백질 분해적 절단에 의해 유도된다는 것을 뒷받침한다.

[0465] 추가의 생체내 실험에서는, HER2-XPAT(즉, XTEN화된 또는 마스킹된 HER2-PAT)가 정상 조직에 비하여 종양에서 상당히 더 큰 절단을 보이면서 종양 조직에서 우선적으로 마스킹되지 않는다는 것이 입증되었다. BT-474 종양이 NSG 마우스에서 확립되었다. 마우스에 IR 염료로 부위-특이적으로 표지된 HER2-XPAT를 주사하였다. 2일의 기간 후에, 조직(종양, 뇌, 심장 및 간)을 채취하고, 균질화하고, BT-474의 다양한 조직 내의 마스킹되지 않은 HER2-PAT의 존재를 평가하였다. 또한, 일단 조직을 채취하였으면 HER2-XPAT의 절단/언마스킹이 종양에서 생체내에서 발생하였는지의 여부 또는 그것이 조직의 균질화의 아티팩트(artefact)인지의 여부를 결정하기 위하여, 샘플을 동일한 제조 전에 상이하게 표지된 HER2-XPAT로 스파이킹하였다. 도 7d는 뇌, 심장, 및 간 조직에서 관찰된 절단에 비하여 종양 조직에서 HER2-XPAT의 마스킹되지 않은 PAT로의 우선적인 절단이 있음을 입증한다. 추가로, 도 7d는 또한 균질화 또는 기타 다른 취급의 결과로서 생체외에서와는 대조적으로, 절단이 조직에서 생체내에서 일어났음을 나타낸다. 또한, 신선한 종양 샘플에서 XPAT 절단에 대한 강력한 증거가 있다.

[0466] 실시예 11a 내지 실시예 11c는 절단 가능한 XTEN화된 HER2-PAT가 저수준의 HER2를 발현하는 종양 모델뿐만 아니라 높은 HER2 발현을 특징으로 하는 종양에서도 견고한 종양 퇴행을 유도함을 입증한다. 그러한 바와 같이, 절단 불가능한 XPAT로 처리된 시험 대상체에서는 종양 퇴행이 관찰되지 않는다. 더욱이, 본 명세서에 제시된 데이터는 HER2-XPAT가 종양 미세환경에서, 생체내에서 우선적으로 마스킹되지 않음을 나타낸다. 실시예 11a 내지 실시예 11c에 대한 실험 설계는 하기 실시예 17에 추가로 논의되어 있다.

[0467] 실시예 12. XTEN화된 XPAT의 투여에 의해 대상체에서 유도된 림프구 변연화

[0468] 이 실시예는 XTEN화된 HER2-PAT(예를 들어, 표 6에 제시된 바와 같음)를 투여함으로써, 예를 들어 단회 용량 정맥내(IV) 주입에 의해(예를 들어, 10 ml/kg의 용량 부피로 25 mg/kg으로), 대상체(예를 들어, 암컷 및 수컷 대상체)에서 유도된 림프구 변연화를 예시한다.

[0469] 용량 수준 요건을 충족시키도록 확립된 프로토콜에 따라 관심 XPAT를 희석시킴으로써 시험 대상물 투여 제형을 제조하였다. 시험 대상물(관심 HER2-XPAT) 및 적절한 희석제를 단회-사용 분취물들로서 제공하고, 사용 시까지 -80℃를 유지하도록 설정된 냉동기 내에서 저장하였다. 일단 해동되었으면, 분취물들을 2℃ 내지 8℃에서 저장하고, 재냉동시키지 않았다. 투여 제형을 투여 당일에 제조하였다. 사용 당일에, XPAT 스톱 용액 및 적절한 희석제의 분취물을 실온에서 해동시키고, 적절한 양의 시험 대상물을 희석시켜 적절한 농도를 얻었다. 튜브를 온화하게 여러 번 도치시킴으로써 투여 제형을 혼합하였다. IV 노출 경로를 인간 노출의 후보 경로로서 선택하였다.

[0470] 도 8에 나타난 바와 같이, (바로 아래에 있는 표에 요약된) 림프구의 감소를 포함한, 단회 용량(25 mg/kg) 후의 혈액학적 파라미터의 HER2-XPAT-관련 변화가 투여 후 6시간째에(투여 전 수준의 0.5 내지 0.2배) 관찰되기 시작하여 투여 후 24시간째에(투여 전 수준의 0.27 내지 0.1배) 그리고 48시간째에(투여 전 수준의 0.09 내지 0.36 배) 지속되었다. 투여 후 72시간째에, 림프구 수준은 낮게(투여 전 수준의 0.3 내지 0.1배) 유지되었다.

[0471] [표 14] 혈액학적 검사: HER2-XPAT 투여와 관련된 림프구 변화

파라미터	시점	용량 (25 mg/kg)	
		M	F
림프구 카운트	투여 전	7.22	7.31
	투여 후 6시간째	1.49	3.87
	투여 후 24시간째	0.7	1.98
	투여 후 48시간째	0.67	2.63
	투여 후 72시간째	0.84	2.27

[0472]

[0473] 실시예 13. 대상체에서의 XTEN화된 PAT(XPAT)의 독성 및 약동학적 특성의 평가

[0474] XTEN화된 HER2-PAT(예를 들어, 표 D에 제시됨)의 독성 및 약동학적 특성을 사이노몰거스 원숭이에서 평가하였다. 동물에게 25 mg/kg의 절단 가능한 XTEN화된 HER2-PAT 또는 상응하는 절단 불가능한 XTEN화된 대용물을 1시간에 걸쳐 투여하였다. 혈장에 대한 혈액을 투여 전 및 하기 시점에서의 주입의 종료 후에 수집하였다: 5분, 2시간, 4시간, 6시간, 24시간, 48시간, 96시간, 144시간, 168시간, 및 240시간. 모든 혈액을 시간 +/- 2 분에서 수집하였다. 혈장 샘플을 절단 가능한 및 절단 불가능한 XTEN화된 이중특이성 작제물의 농도에 대해 분석하였다. 포획 대상으로서의 재조합 HER2 및 검출을 위한 XTEN 마스크에 대해 유도된 항체를 사용하여

ECLIA(electrochemiluminescent immunoassay, 전기화학발광 면역검정)에 의해 혈장 약물 농도를 측정하였다. 도 9에 나타난 바와 같이, 사이노몰거스 원숭이에서, HER2-XPAT(예를 들어, 표 D에 제시됨)는 말초 조직에서의 그의 안정성으로 인해 상응하는 절단 불가능한 버전과 유사한 약동학적 프로파일을 나타내었다. 이들 실험에 사용되는 절단 불가능한 작제물은, 방출 부위가 GASTEP 아미노산(글리신, 알라닌, 세린, 트레오닌, 글루타메이트, 및/또는 프롤린)으로부터 제조되는 유사한 길이의 절단 불가능한 서열로 대체되었다는 사실을 제외하고는, 상응하는 절단 가능한 작제물과 동일하다. 2회의 별개의 용량 후에 순환 중에서의 단백질 분해 대사물의 존재를 또한 모니터링하였으며, 이는 총 HER2-XPAT의 백분율로서 도 9b에 나타나 있다. 도 9b에 나타난 바와 같이, 1x-대사물의 존재는 총 HER2-XPAT의 4% 미만이다.

[0475] 실시예 14. XTEN 마스킹은 HER2-PAT 대비 HER2-XPAT의 안전성 여유도를 증가시킨다

[0476] 추가의 데이터는 HER2-XPAT가 사이노몰거스 원숭이에서 우수한 내약성을 나타내고, 이의 존재는 마스킹되지 않은 PAT에 대해 관찰된 것과 대비하여 450배 더 높게 내약성을 나타내는 C_{max}를 제공한다는 것을 보여준다. HER2-XPAT를 단회 용량/동물(용량 2.5 내지 42 mpk)로 그리고 50 mpk로 매주 2회 IV 투여하였다. * 용량 21 mpk 이상에서는, 더 짧은 C-말단 XTEN 마스크를 갖는 HER2-XPAT의 변이체를 사용하였다. 짧은 반감기로 인해 연속 주입에 의해 HER2-PAT를 투여하였다. 재조합 HER2 포획, 및 검출을 위한 XTEN 마스크에 대해 유도된 항체를 사용하여 ECLIA*에 의해 HER2-XPAT의 혈장 농도를 측정하였다. 포획으로서의 a-CD3 scFv에 대해 유도된 a-이디오타입 Ab 및 검출로서의 재조합 HER2를 이용하는 ECLIA에 의해 HER2 PAT에 대한 C_{max} 값을 결정하였다. * ECLIA = 전기화학발광 면역검정. 도 10a는 42 mg/kg의 최대 내약 용량을 나타내며, 실제로는 심지어 50 mg/kg에서조차도 현성 CRS는 관찰되지 않았다. 대조적으로, 도 10b에서는, 마스킹되지 않은 HER2-PAT의 최대 내약 용량이 0.2 mg/kg이다. 도 10c는 마스킹되지 않은 HER2-PAT와 대비하여 (450배 더 높은 내약 C_{max}로의) 마스킹된 HER2-PAT의 혈장 농도를 나타낸다.

[0477] 도 13a 및 도 13b에는, 본 발명의 바람직한 HER2-XPAT의 안전성 프로파일을 뒷받침하는 추가의 증거가 있다. HER2-XPAT 또는 이의 절단 불가능한 대응물, HER2-XPAT-NoClvSite를 25 또는 42 mg/kg의 단회 IV 용량으로서 투여하였다. 포획 대상으로서의 재조합 HER2 및 검출을 위한 XTEN 마스크에 대해 유도된 항체를 사용하여 ECLIA*에 의해 용량 정규화된 혈장 약물 농도를 측정하였다. * ECLIA = 전기화학발광 면역검정. 도 12a에서의 데이터는 HER2-XPAT 포맷과 절단 불가능한 HER2-PAT 포맷 사이의 비슷한 PK를 나타내는데, 이는 프로테아제 방출 부위가, 심지어 높은 용량에서조차도, 사이노몰거스 원숭이의 순환 중에 대체로 안정한 상태로 남아 있음을 입증한다. 도 12b에서는, 단일-절단된 HER2-XPAT(1X-C) 및 HER2-XPAT(1X-N)의 농도를 HER2-XPAT가 투여된 사이노몰거스 원숭이 유래의 혈장에서 측정하였다. 단일-절단된 분자의 재조합 버전으로 제조된 표준물과 함께 항-HER2 scFv를 인식하는 항체를 사용하여 정량적 웨스턴(Quantitative Western)을 수행하였다. 전술된 바와 같은 ECLIA에 의해 측정된 바와 같이, 총 XTEN화된 종의 백분율로서 결과가 표현되어 있다. 도 12b는, 심지어 HER2 XPAT의 높은 용량에서조차도, 하나 또는 둘 모두의 XTEN 마스크가 결여되어 있는 대사물의 매우 제한된 전신 축적이 있음을 나타낸다.

[0478] 실시예 15. HER2-XPAT는 사이토카인 방출 증후군을 유도하지 않는다

[0479] HER2-XPAT의 내약성과 일치되게, 본 실시예는 파일럿 NHP 독성 연구에서 HER2-XPAT는 NHP에서 순환 중에서 최소한의 T 세포 활성화로 이어진 반면, 이의 마스킹되지 않은 대응물은 심지어 훨씬 더 낮은 용량에서조차도 상당한 T 세포 활성화로 이어졌음을 입증한다. T 세포 활성화의 이러한 마스킹과 일치되게, HER2-XPAT의 투여 시에 사이토카인 방출이 또한 이의 마스킹되지 않은 대응물에 대해 관찰된 것에 비해 강하게 감쇠되었다. HER2-XPAT에 대해서는, 심지어 42 mg/kg의 MTD에서조차도 현성 사이토카인 방출 증후군(CRS)이 없었던 반면, 이의 마스킹되지 않은 TCE 대응물은 0.3 mg/kg만큼이나 낮은 용량에서 CRS로 인해 죽음이 야기되었다. 전체적으로, AMX-818은 예상되는 임상적으로 관련된 용량보다 상당히 더 높은 용량에서 NHP 연구에서 우수한 내약성을 나타내었으며, 기타 다른 승인된 HER2-표적화된 작용제는 임상적 독성을 보여주었던 HER2-발현 조직, 예컨대 심장에서 육안적 또는 현미경적 소견이 없었다.

[0480] 따라서, 50 mg/kg에서조차도, HER2-XPAT의 투여는 사이토카인 방출 또는 전신 T 세포 활성화를 유도하지 않았다. 이는 표준 TCE 대비 XPAT에 대해 최소한의 CRS 위험이 있음을 뒷받침한다. 단일-절단된 XPAT 대사물의 단지 1 내지 3%만이 고용량의 HER2-XPAT(25 및 42 mg/kg)가 투여된 NHP 유래의 혈장에서 검출되었다. 이 연구를 위하여, 말초 T 세포 활성화(% CD25⁺)를 HER2-XPAT 처리 후 24시간째에 유세포측정에 의해 평가하였다. 도 11a

및 도 11b는 HER2-PAT 대비 HER2-XPAT의 존재 하에서의 $CD25^+CD4^+$ T 세포(도 11a) 및 $CD25^+CD8^+$ T 세포(도 11b)를 나타낸다.

[0481] 혈장 샘플에 대해 Luminex® Suspension Array System을 사용하여 사이토카인 분석을 수행하였다. 도 11c 내지 도 11e는 HER2-PAT 대비 HER2-XPAT에 따른 혈장 중의 IL-6(도 11c), TNF-a(도 11d) 및 IFN-g(도 11e) 수준을 나타낸다. 제시된 데이터는 각 평가된 용량마다 6 내지 24시간째에 측정된 최대값이다. 추가의 GLP 독성 연구(데이터는 제시되지 않음)에서, NHP에게 31일 기간에 걸쳐 3개의 용량 수준(0.5 mg/kg, 2 mg/kg 및 6 mg/kg)의 AMX-818을 매주 투여하였다. 이들 GLP 독성 연구로부터의 결과는 이전의 파일럿 NHP 연구와 일치하며, 조직병리학적 검사를 포함한 표준 독성 중점에 기초하여 AMX-818 관련 유해 소견은 없었으며, 모든 임상 병리학적 소견은 가역적이었다.

[0482] 또한, 최대 42 mg/kg까지 NHP에서의 AMX-818의 안전성과 일치되게, AMX-818은 활성 대사물의 제한된 전신 축적에 의해 입증된 바와 같이, 프로테아제 억제제가 풍부한 순환 중에서 대체로 안정하다. 건강한 NHP에게 투여되었고 AMX-818로 처리될 대상체가 또한 전신 염증을 가질 수 있기 때문에, AMX-818의 안정성을 암 및 염증성 질병을 갖는 환자뿐만 아니라, 전신 염증을 유도한 NHP로부터 채취된 혈장 샘플에서 생체외에서 분석하였다. 도 12에 나타난 바와 같이, AMX-818을 37°C에서 7일 동안 혈장 샘플과 인큐베이션한 안정성 연구에서, 유사한 AMX-818 안정성이 건강한 NHP, 염증성 NHP, 건강한 인간, 및 암 또는 염증성 질병을 갖는 인간 환자 유래의 혈장 샘플에서도 관찰되었다.

[0483] 이 실험을 위하여, 형광 표지(DyL650)가 탠덤 scFv에 부착된 AMX-818을 37°C에서 7일 동안 지시된 혈장 샘플 중에서 인큐베이션하였다. 이어서, 샘플을 겔 상에서 전개하고, AMX-818의 마스킹되지 않은 활성 형태와 크기가 유사한 대사물을 LI-COR 검출기를 사용하여 정량화하였다. 염증성 질병 인간 샘플은 류마티스성 관절염, 루푸스, 염증성 장 질병, 및 다발성 경화증을 갖는 환자로부터 채취하였다. 암 인간 샘플은 폐, 유방, 및 결장 종양을 갖는 환자로부터 채취하였다. 샘플 크기: 건강한 NHP N = 4, 건강한 인간 N = 4, “염증성” NHP N = 6, “염증성” 인간 N = 27, 암 인간 N = 11.

[0484] 4개의 모든 혈장군에 걸쳐, 활성인 마스킹되지 않은 HER2 TCE와 크기가 유사한 생성물들의 범위는 존재하는 총 AMX-818 중의 단지 대략 2 내지 4%에 불과하였다. 이러한 작은 백분율은 생체내에서의 마스킹되지 않은 TCE의 잠재적인 축적의 과대평가를 반영하는데, 그 이유는, 신장 여과가 그러한 생성물을 순환으로부터 신속히 제거할 것이기 때문이다(NHP에서의 마스킹되지 않은 형태의 반감기는 대략 7시간이다). 이들 데이터는 암 환자에서 AMX-818의 활성인 마스킹되지 않은 형태의 상당한 전신 축적의 제한된 위험을 시사한다.

[0485] 실시예 16. AMX-818 및 818-PAT는 SKOV3 종양 세포에 반응하여 T 세포 상에서의 PD-1 및 CD69의 표면 발현을 유도한다

[0486] 지시된 농도의 시험 대상물과 5:1 이펙터:표적 비로 PBMC와 SKOV3 세포를 48시간 동시-인큐베이션한 후에 유세포측정에 의해 $CD4^+$ 및 $CD8^+$ T 세포 상에서의 표면 PD-1 발현을 평가하였다. $CD4$ 및 $CD8$ T 세포 하위세트 둘 모두에 대해, 818-PAT 및 AMX-818은 표면 PD-1을 발현하는 T 세포의 빈도를 증가시켰으며, 이때 AMX-818 곡선은 818-PAT 대비 대략 2.5 log 이동하였는데, 이는 전구약물의 활성화된 대응물에 비해 전구약물에 의한 상당한 마스킹을 입증한다. AMX-818(PAT)에 의한 T 세포의 최대 활성화가 625 pM 농도에서 달성된 반면, AMX-818에 의한 최대 활성화는 150 내지 600 nM 농도에서 달성되었다.

[0487] 지시된 약물 농도에서 $CD4$ 및 $CD8$ T 세포 상에서의 PD-1의 표면 수준을 비교하는 히스토그램 도표가 도 14a 내지 도 14d에 나타나 있다.

[0488] AMX-818(PAT) 및 전구약물 AMX-818은, 비슷한 정도로, $CD4^+$ 및 $CD8^+$ T-세포 하위세트 둘 모두의 표면 상에서의 CD69 및 PD-1 발현을 유도하였다. 그러나, AMX-818에 대한 용량-반응 곡선은 활성화된 AMX-818(PAT) 대비 평균 400배 넘게 더 높은 값으로 이동하였는데, 이는 AMX-818의 효과적인 기능성 마스킹을 입증한다(도 14a 및 도 14c에 $CD8$ T 세포에 대한 데이터가 제시되어 있음). AMX-818(PAT)에 의한 활성화 마커 CD69 및 억제성 리포터 PD-1의 최대 상향조절이 0.62 nM 농도에서 관찰된 반면, AMX-818에 의한 비슷한 유도는 150 내지 600 nM 농도를 필요로 하였다(도 14b 및 도 14d).

[0489] AMX-818(PAT)은 또한 19.7 pM의 EC_{50} 값으로 SKOV3 종양 세포 상에서의 PD-L1의 표면 발현을 강력하게 유도한 반면, XTEN화된 AMX-818은 PD-L1의 비슷한 빈도 및 수준을 유도하는 데 있어서 650배 덜 강력하였다(도 15a 내지 도 15c 참조). AMX-818에 의한 T 세포 상에서의 PD-1 및 표적 종양 세포 상에서의 PD-L1의 유도는 그의 활성

을 둔화시킬 것으로 예상되며, 향후의 임상 연구에서는 AMX-818에 대한 PD-1 차단 요법의 병용에 대한 이론적 근거를 제공한다.

[0490] AMX-818(PAT)과 AMX-818은 인간 CD4⁺ 및 CD8⁺ T-세포 하위세트 둘 모두에서 비슷한 수준 및 최대 백분율을 유도하였다. 그러나, AMX-818은 AMX-818(PAT)보다 평균 400배 넘게 덜 강력하였다. AMX-818(PAT)은 19.7 pM의 EC₅₀ 값으로 HER2-고발현 SKOV3 종양 세포 상에서의 PD-L1의 표면 발현을 강력하게 유도한 반면, AMX-818은 비슷한 유도에 대해 650배 넘게 덜 강력하였다. AMX-818에 의한 T 세포 상에서의 PD-1 및 표적 종양 세포 상에서의 PD-L1의 유도는 그의 활성을 둔화시킬 것으로 예상되며, PD-1 차단 요법과 AMX-818의 병용에 대한 이론적 근거를 제공한다.

[0491] 실시예 17. XPAT는 살아있는 마우스에 이식된 인간 종양에서 TCE에 대해 마스킹되지 않으며, 아울러 건강한 조직에서는 최소한의 절단이 관찰된다

[0492] 본 실시예는 본 발명의 HER2-XPATs의 강력한 생체내 효능을 요약한다. 항-종양 활성을 평가하기 위하여, 면역손상된 마우스에 관심 표적을 발현하는 종양 세포를 주사하였다. 종양이 충분히 크고 잘 확립되었을 때(100 mm³ 초과), 인간 PBMC를 주사하고, HER2-XPAT 및 다양한 대조 분자의 정맥내 투여를 개시하였다. 이들 연구는 HER2 표적화 XPAT가 종양 퇴행 및 다수의 완전 반응을 유도하였음을 보여주었다. 프로테아제-절단 가능한 링커가 결합되어 있는 AMX-818 변이체는 무활성이었는데, 이는, 링커의 프로테아제 절단이 활성을 유도하였음을 나타낸다.

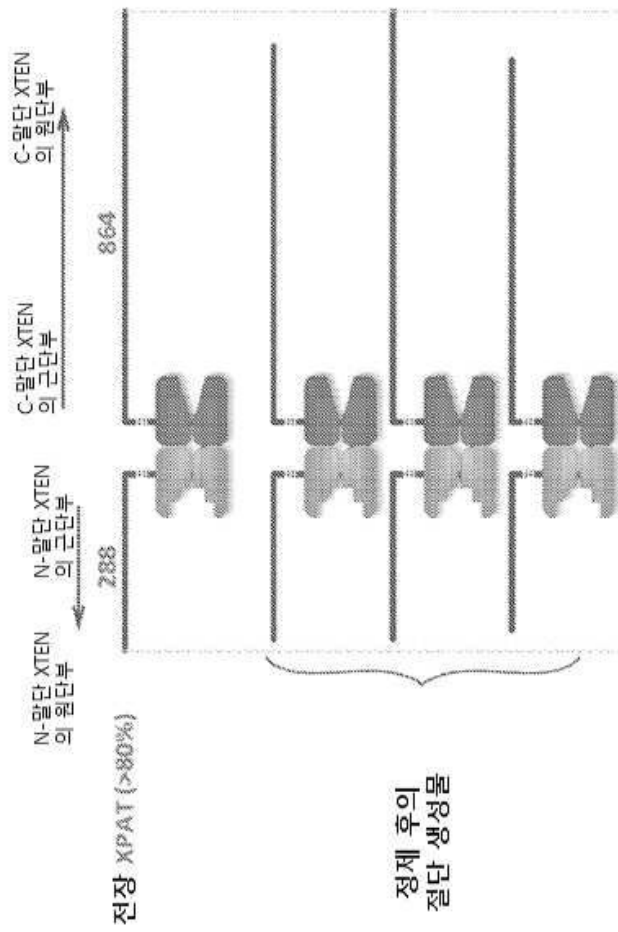
[0493] 더욱이, HER2-XPAT는 생체내에서 안전성 여유도를 증가시켰다. HER2는 건강한 조직에서 비교적 제한된 발현을 갖는다. NHP에 HER2-XPAT뿐만 아니라, 이들의 마스킹되지 않은 TCE 대응물을 주사하였을 때, 내약성을 평가하여 각 분자의 최대 내약 용량을 결정하였다. XPAT 상의 XTEN 마스크는 TCE의 내약성을 상당히 증가시켜, 마스킹되지 않은 HER2 TCE에 대해 관찰된 것과 대비하여 MTD에서 400배 넘게 더 높은 C_{max}를 가능하게 하였다. 프로테아제-절단 가능한 링커가 광범위한 인간 종양에 걸쳐 절단될 수 있다는 증거를 제공하기 위하여, 신선한 인간 종양 샘플뿐만 아니라, 환자-유래 종양 및 이종이식편 종양에서 XPAT 절단을 분석하였다. 신선한 인간 종양 외식편(explant)에서, XPAT는, T 세포를 직접 활성화시키는 양성 대조군(항-CD3 항체)에 의해 유도된 사이토카인 방출과 유사하게, 종양 상주 T 세포로부터의 사이토카인의 프로테아제-절단 가능한 링커-의존성 방출을 유도하였다.

[0494] 종양에서 발생하는 XPAT의 우선적인 언마스킹의 정도를 정량화하기 위하여, XPAT 절단을 살아있는 마우스에서 평가하였다. 형광단 표지된 XPAT를 마우스에 주사하고, 2일 후에 종양 및 건강한 조직을 채취하여 XPAT 및 절단 생성물의 수준을 측정하였다. 살아있는 마우스, 및 조직을 채취한 후에 발생하는 임의의 절단에 대한 대조군에서 발생하는 절단을 특별히 정량화하기 위하여, 본 발명자들은 또한 조직 프로세싱 동안 첨가된 대조 XPAT의 절단을 분석하였다. 9가지 상이한 종양 유형을 갖는 31 마리의 마우스에 걸쳐, 살아있는 마우스의 종양에서는 XPAT의 평균 20%가 마스킹되지 않은 TCE 형태로 절단된 반면, 건강한 조직에서는 XPAT의 최소한의 절단이 관찰되었다. 대조 XPAT의 제한된 내지 전무한 절단에 대한 입증은 주사된 XPAT의 절단이 살아있는 마우스에서는 발생되었지만, 조직 프로세싱 동안에는 그렇지 않았음을 확인시켜 준다. 이 연구 설계 및 데이터는 도 16a 내지 도 16c에 나타나 있다.

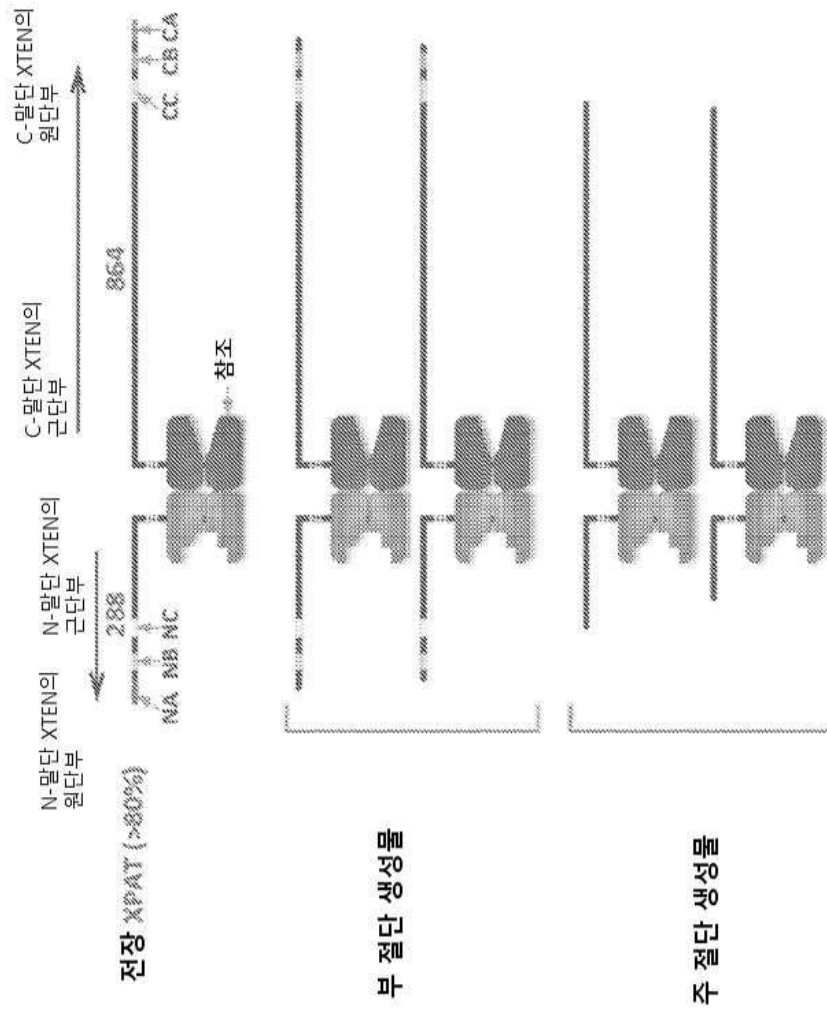
[0495] 본 발명의 바람직한 구현예가 본 명세서에 제시되어 있고 기재되어 있지만, 그러한 구현예가 단지 예로서 제공된다는 것이 당업자에게 명백할 것이다. 본 발명은 본 명세서에 제공되는 구체적인 실시예에 의해 제한되고자 하지 않는다. 본 발명은 상기 언급된 명세서를 참고하여 기재되어 있지만, 본 명세서의 구현예에 대한 설명 및 예시는 제한적인 의미로 해석되고자 하지 않는다. 본 발명을 벗어나지 않고서 당업자에게 많은 변형, 변경, 및 치환이 이제 일어날 것이다. 더욱이, 본 발명의 모든 양태는, 다양한 조건 및 변수에 좌우되는 본 명세서에 제시된 구체적인 묘사, 구성 또는 상대적인 비율로 제한되지 않음이 이해될 것이다. 본 명세서에 기재된 본 발명의 구현예에 대한 다양한 대안이 본 발명을 실시하는 데 사용될 수 있음이 이해되어야 한다. 따라서, 본 발명은 또한 임의의 그러한 대안, 수정, 변형 또는 등가물을 포함하는 것으로 고려된다. 하기 청구범위는 본 발명의 범주를 정의하고 이러한 청구범위 및 이의 등가물의 범주 내에 있는 방법 및 구조는 그것에 의해 포함되는 것으로 의도된다.

도면

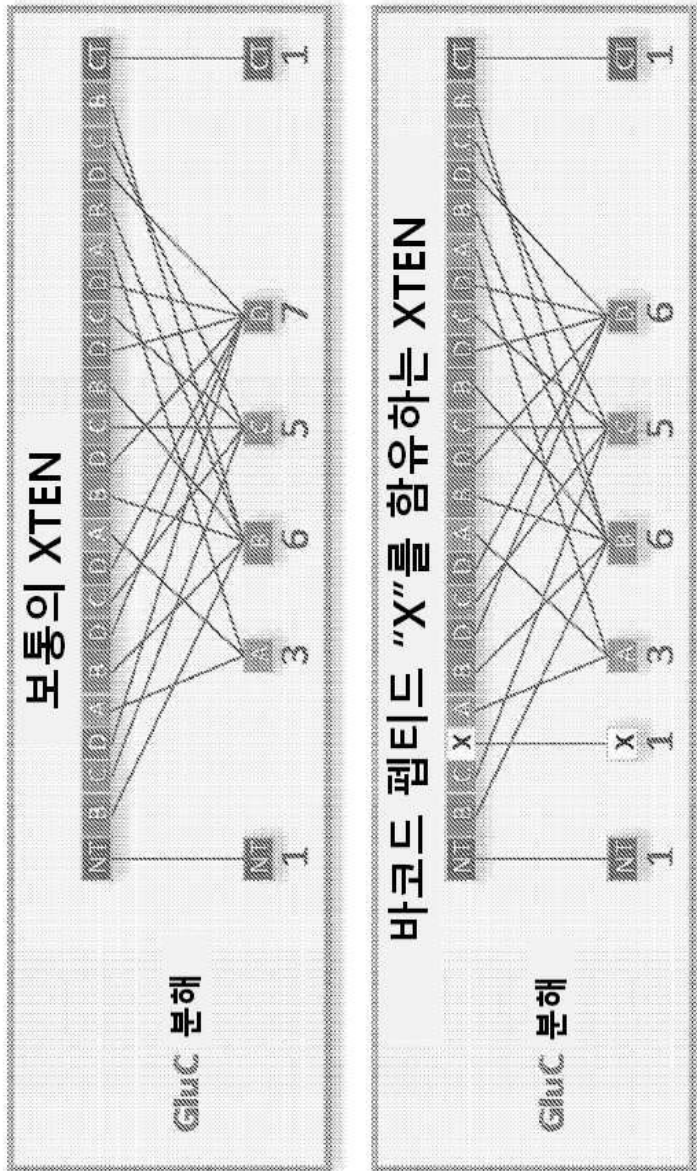
도면1



도면2



도면3



도면4a

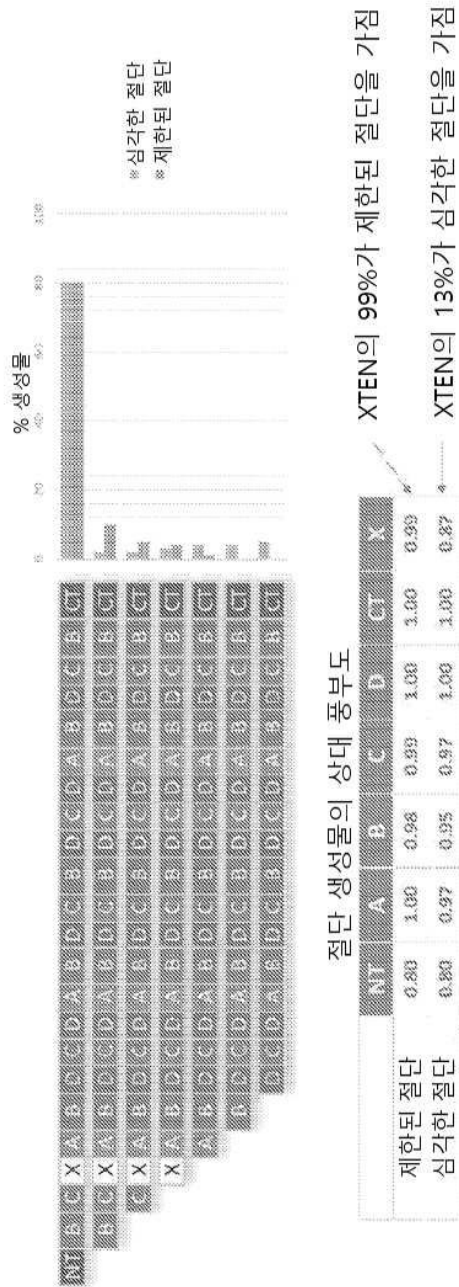
NT	A	B	C	D	CT	X
1	3	6	5	7	1	
	3	6	5	7	1	
	3	5	5	7	1	
	3	5	4	7	1	
	3	5	4	6	1	
	2	4	4	6	1	
	2	3	4	6	1	

NT	A	B	C	D	CT	X
1	3	6	5	6	1	1
	3	6	5	6	1	1
	3	5	5	6	1	1
	3	5	4	6	1	1
	3	5	4	6	1	
	2	4	4	6	1	
	2	3	4	6	1	

바코드 펄티드 존재함
= 제한된 절단

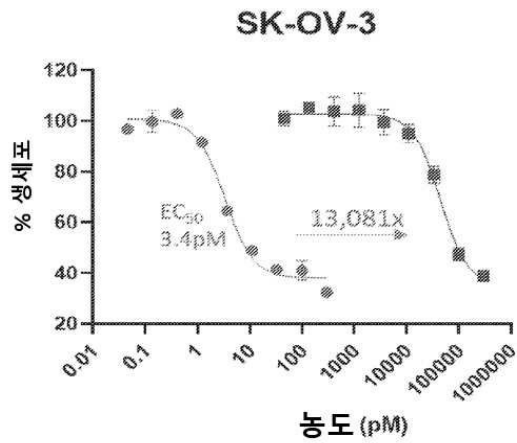
바코드 펄티드 없음
= 심각한 절단

도면4b



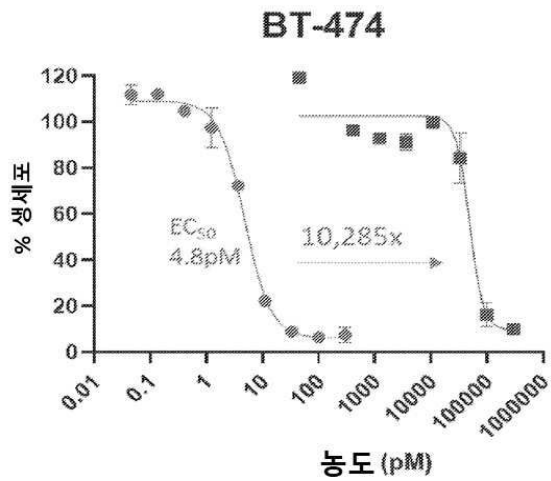
도면5a

- 탈-XTEN화된 이중특이체(마스킹되지 않은, 활성화된)
- XTEN화된 이중특이체(마스킹된)



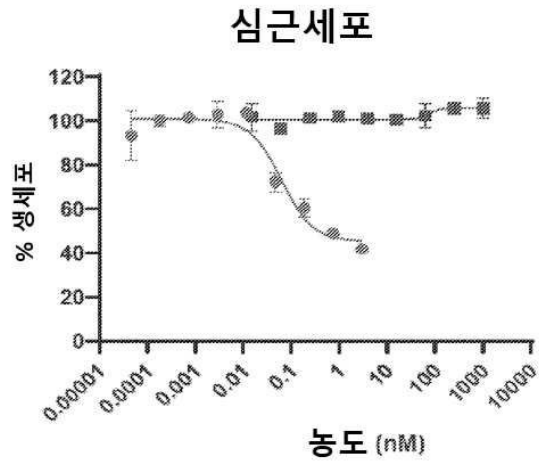
도면5b

- 탈-XTEN화된 이중특이체(마스킹되지 않은, 활성화된)
- XTEN화된 이중특이체(마스킹된)



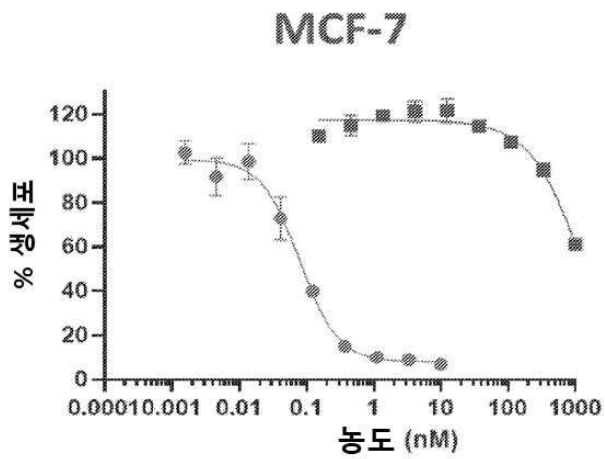
도면6a

- ◆ 탈-XTEN화된 이중특이체(마스킹되지 않은, 활성화된)
- XTEN화된 이중특이체(마스킹된)



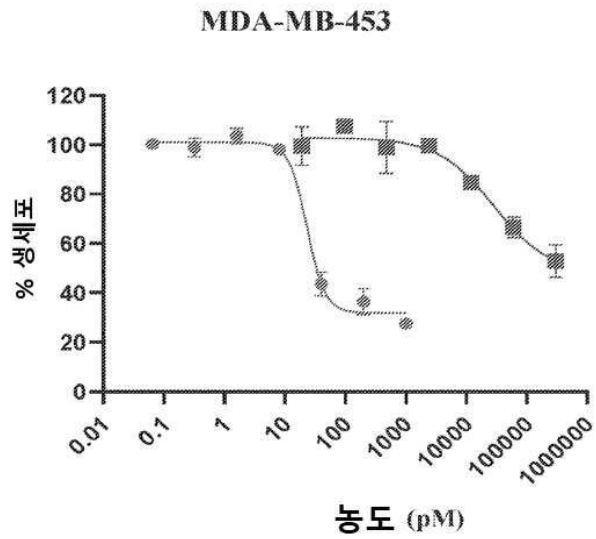
도면6b

- ◆ 탈-XTEN화된 이중특이체(마스킹되지 않은, 활성화된)
- XTEN화된 이중특이체(마스킹된)

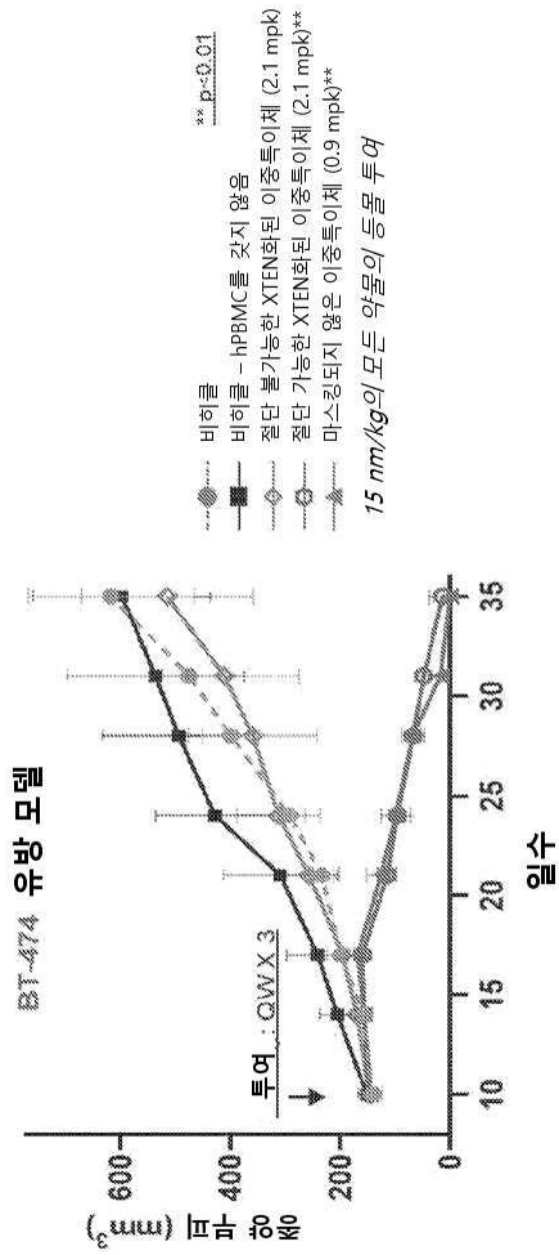


도면6c

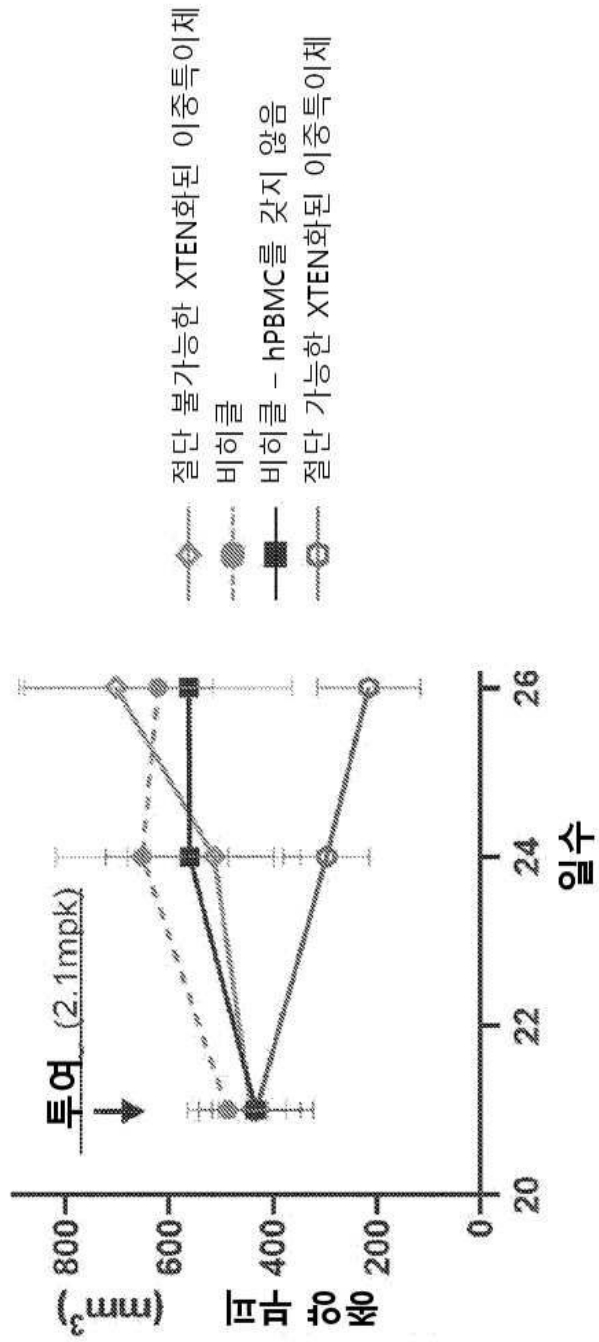
- ◆ 탈-XTEN화된 이중특이체(마스킹되지 않은, 활성화된)
- XTEN화된 이중특이체(마스킹된)



도면7a

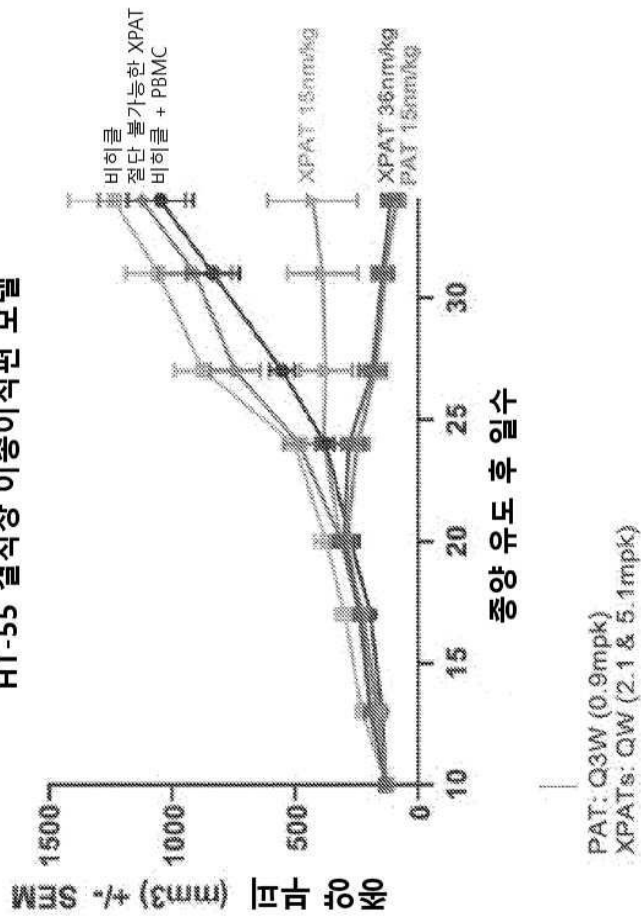


도면7b

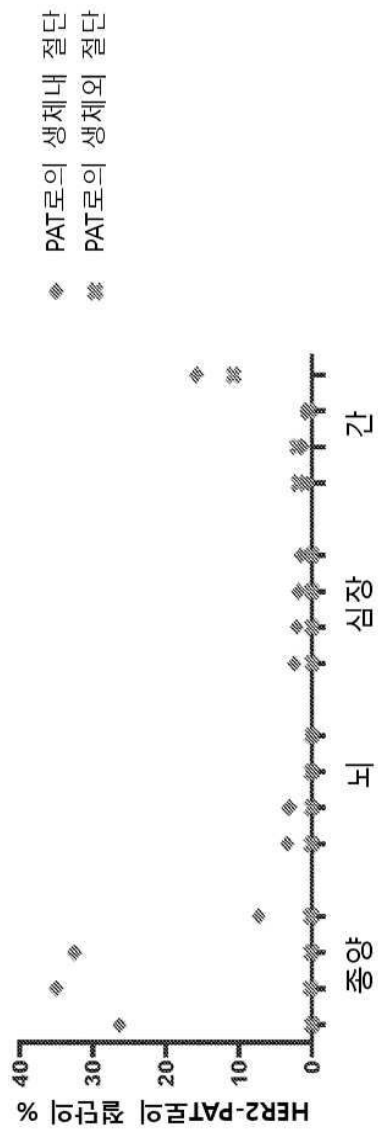


도면7c

HT-55 결직장 이종이식편 모델



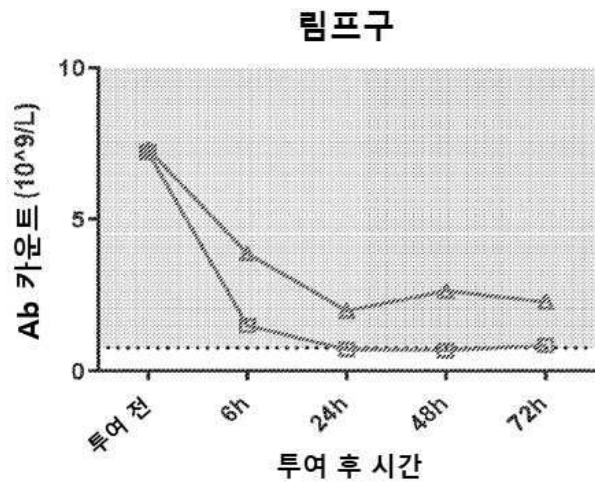
도면7d



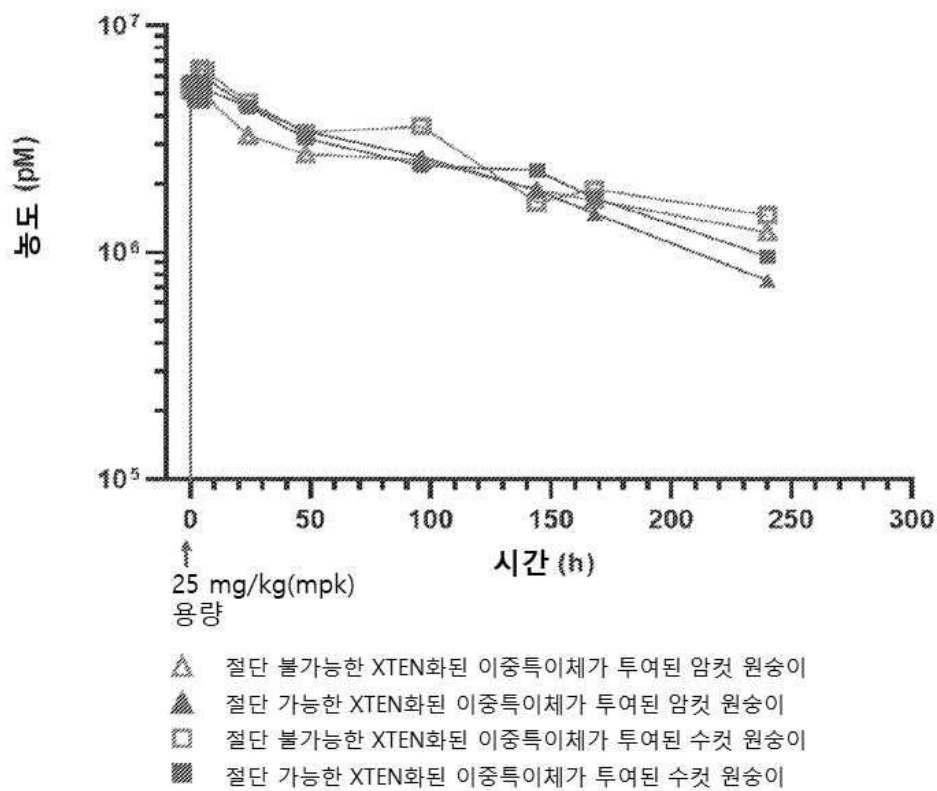
도면8

하기에 대한 XTEN화된(마스킹된)
이중특이체의 단위 용량 i.v. (25 mpk):

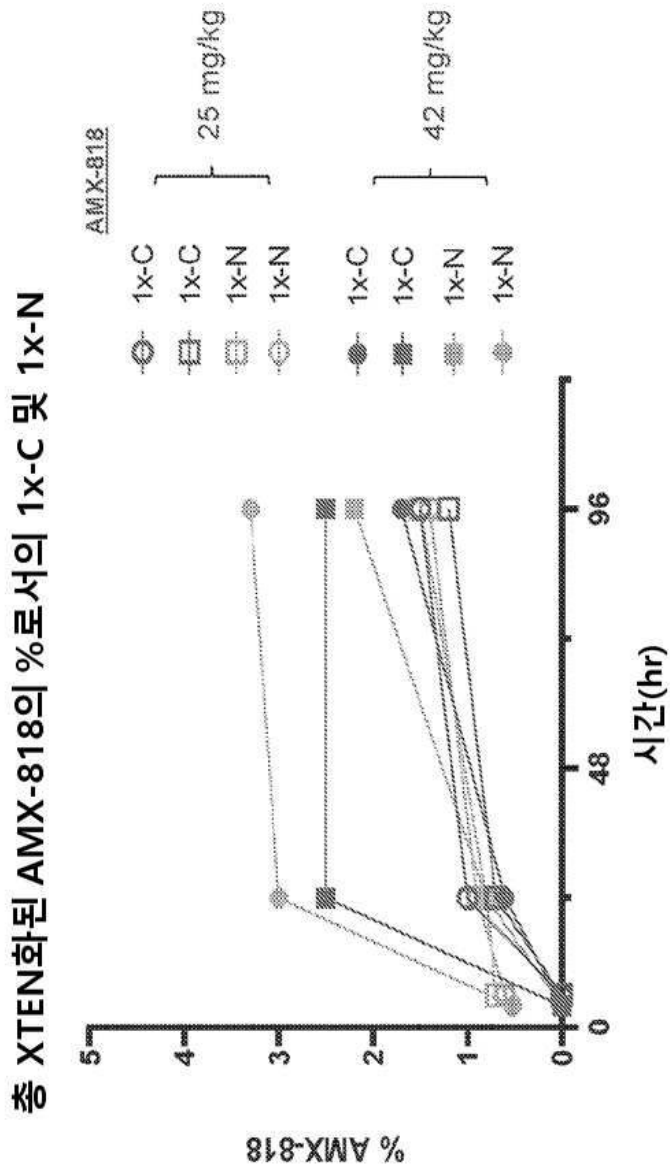
-  암컷 원숭이
-  수컷 원숭이



도면9a



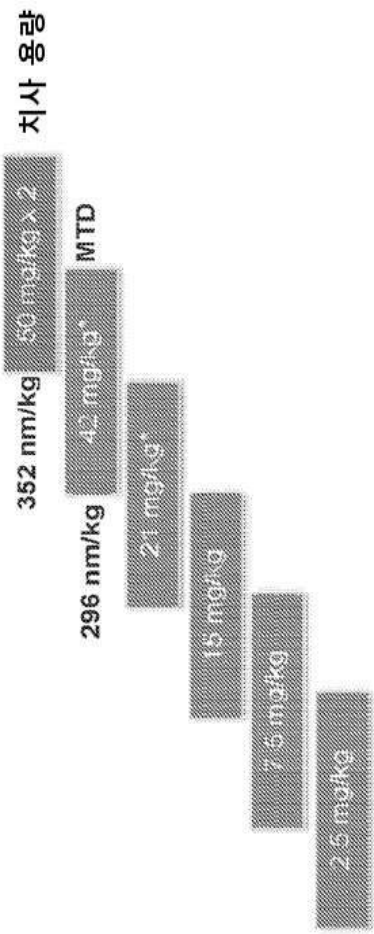
도면9b



무시할 만한 수준의 AMX-818(PAT): 0.06-0.1%

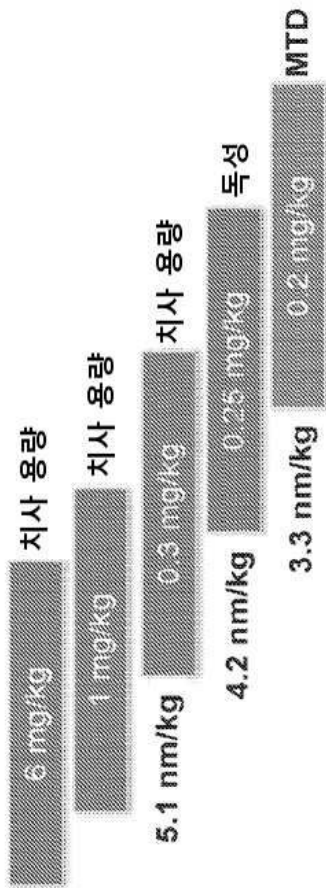
도면10a

HER2-XPAT MTD는 사이노에서 42 mg/kg임



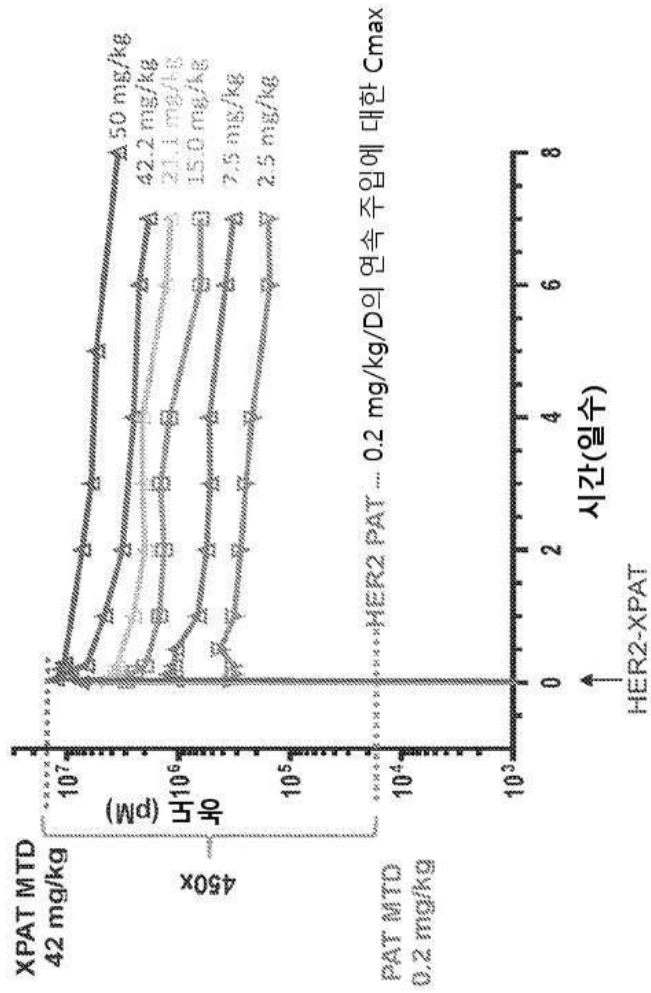
도면10b

HER2-PAT MTD는 사이노에서 0.2 mg/kg/D임

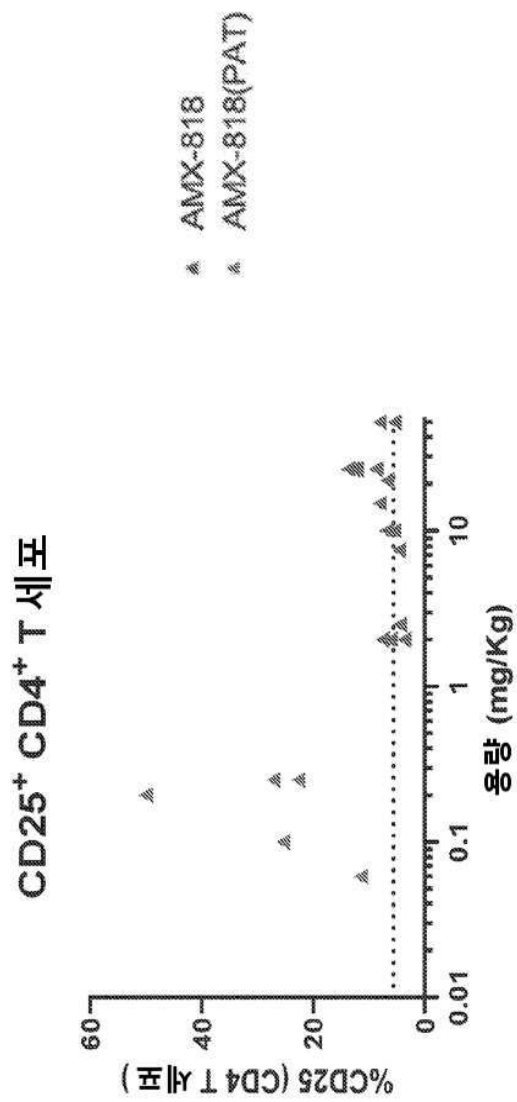


도면10c

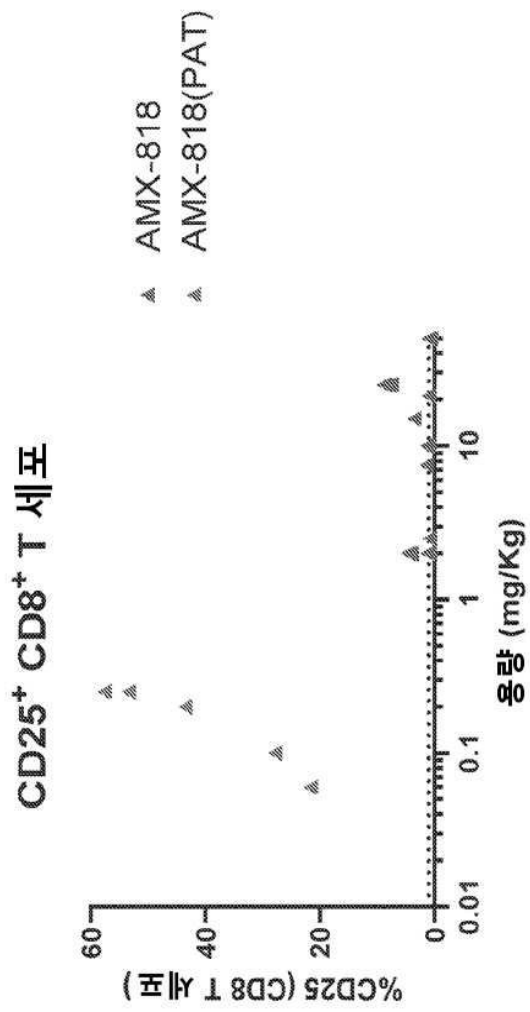
사이노롤거스 원숭이에서의 혈장 농도



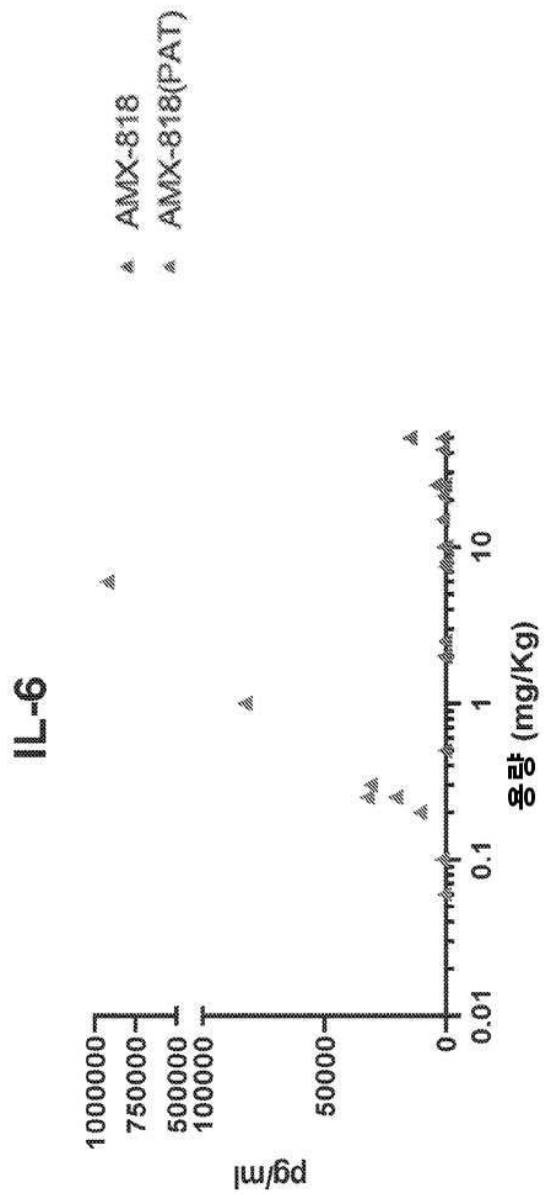
도면11a



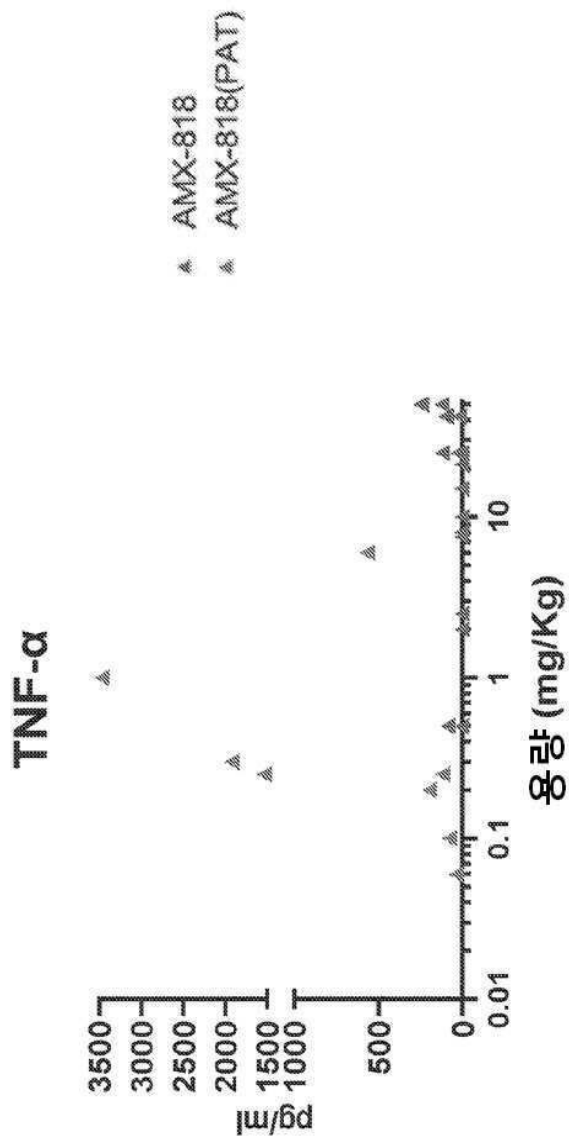
도면11b



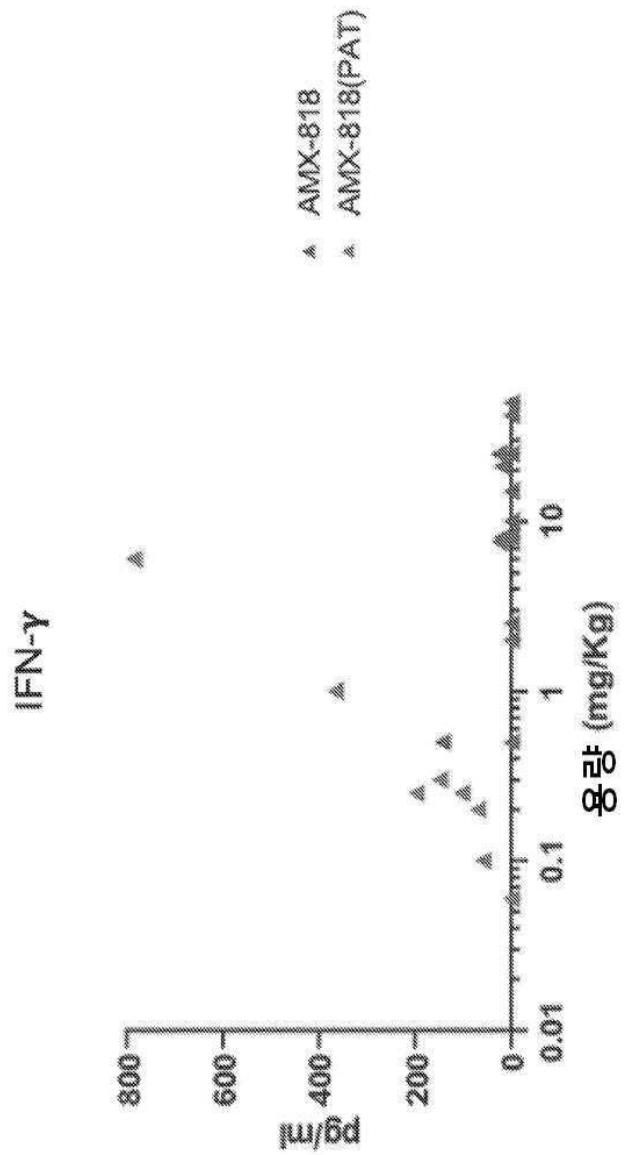
도면11c



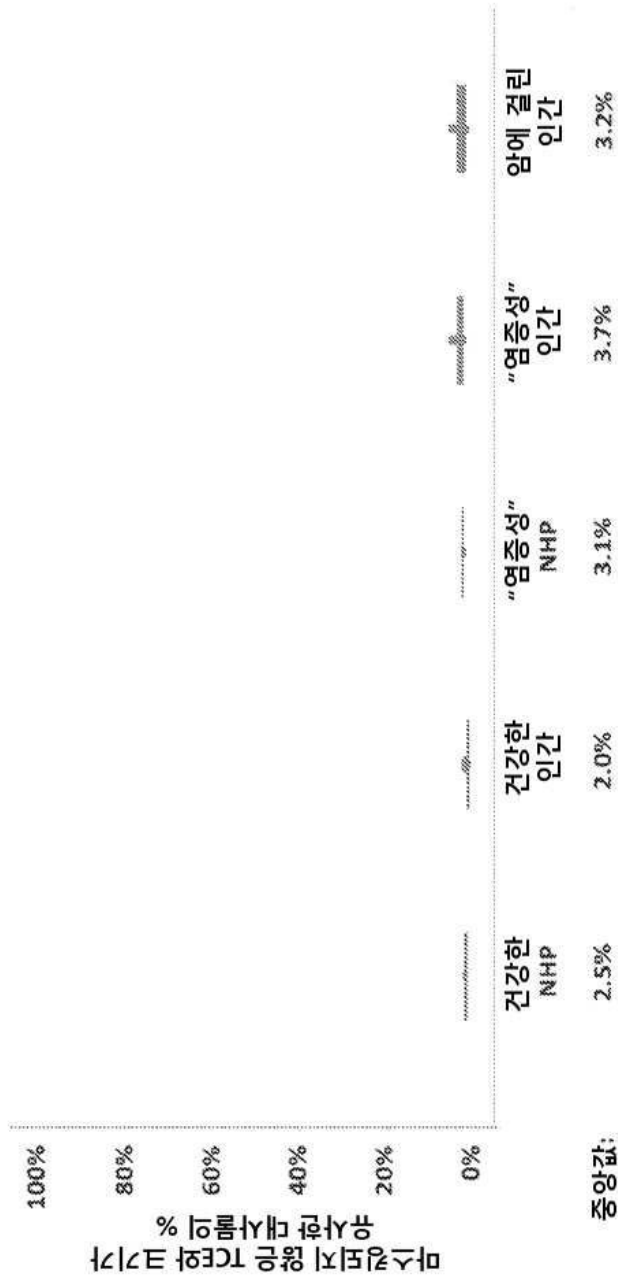
도면11d



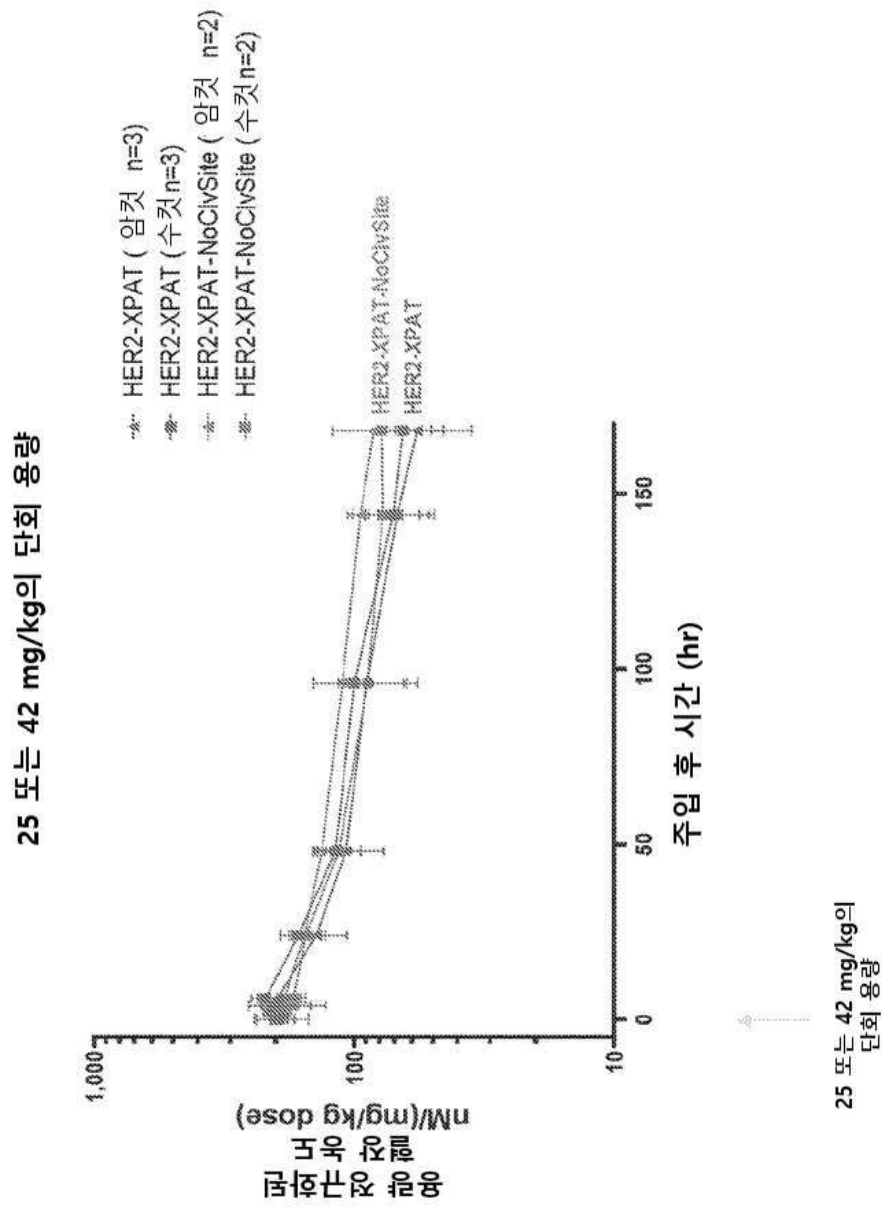
도면11e



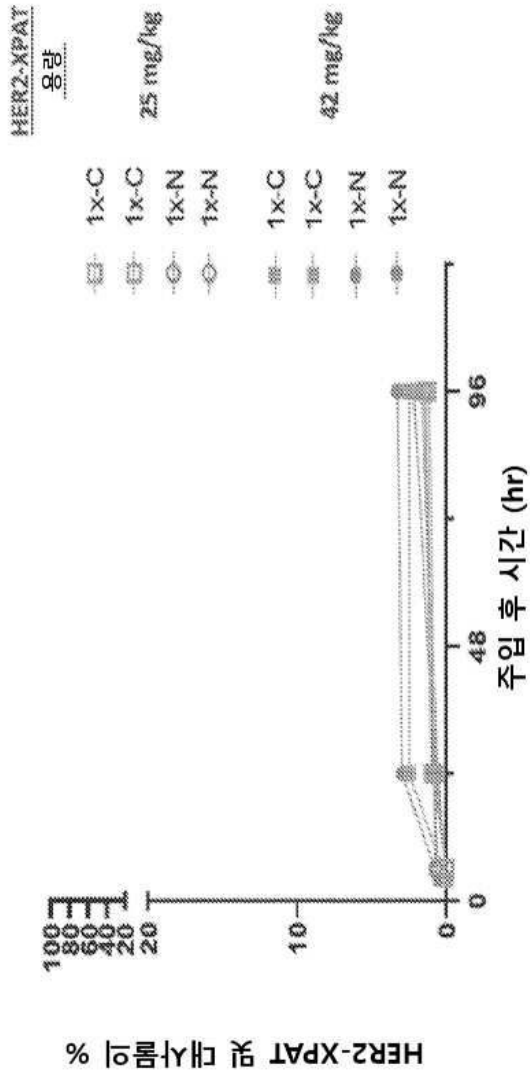
도면12



도면13a



도면13b



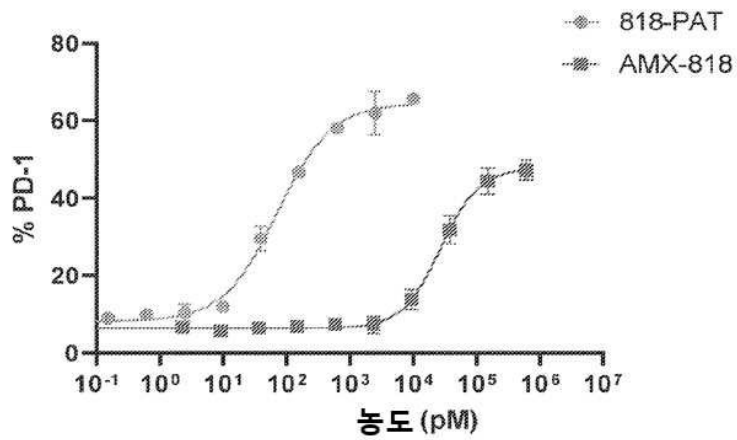
활성 HER2-TCE의 수준(양쪽 마스크가 제거됨):

따라서, 전체의 0.1% 미만은 그래프 상에 나타나 있지 않음

* 1x-C 및 1x-N: 단지 C-말단 또는 N-말단 XTEN 마스크만을 프로세싱하는 분자

도면14a

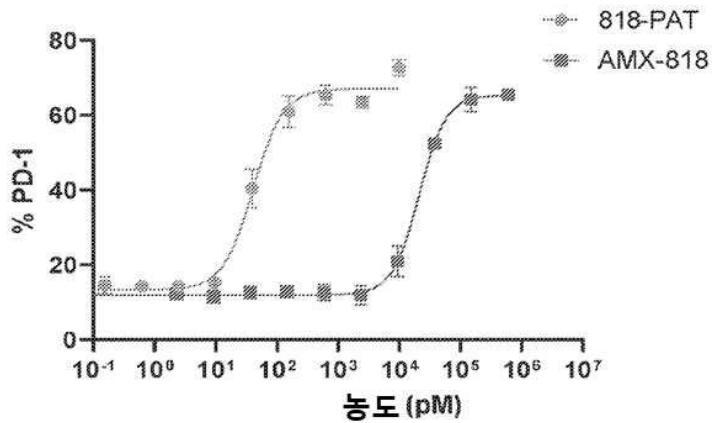
CD4+ T 세포 상에서의 표면 PD1
공여자 276; E:T 비 = 5:1



	818-PAT	AMX-818
EC50	71.74	27072

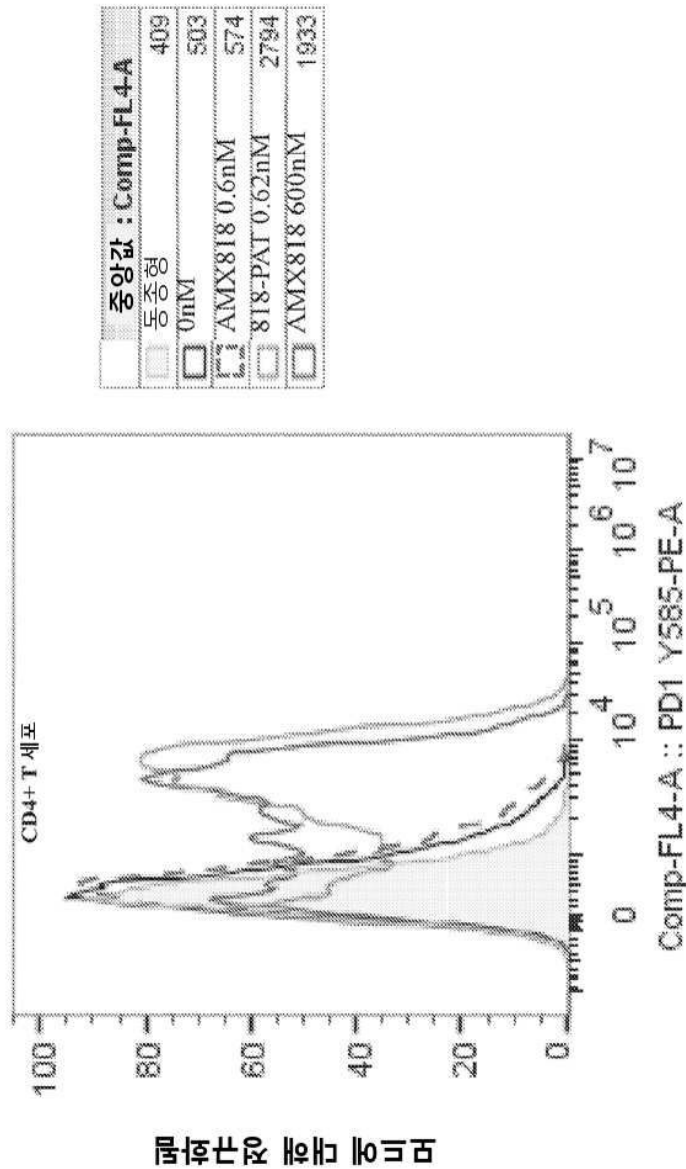
도면14b

CD8+ T 세포 상에서의 표면 PD1
공여자 276; E:T 비 = 5:1

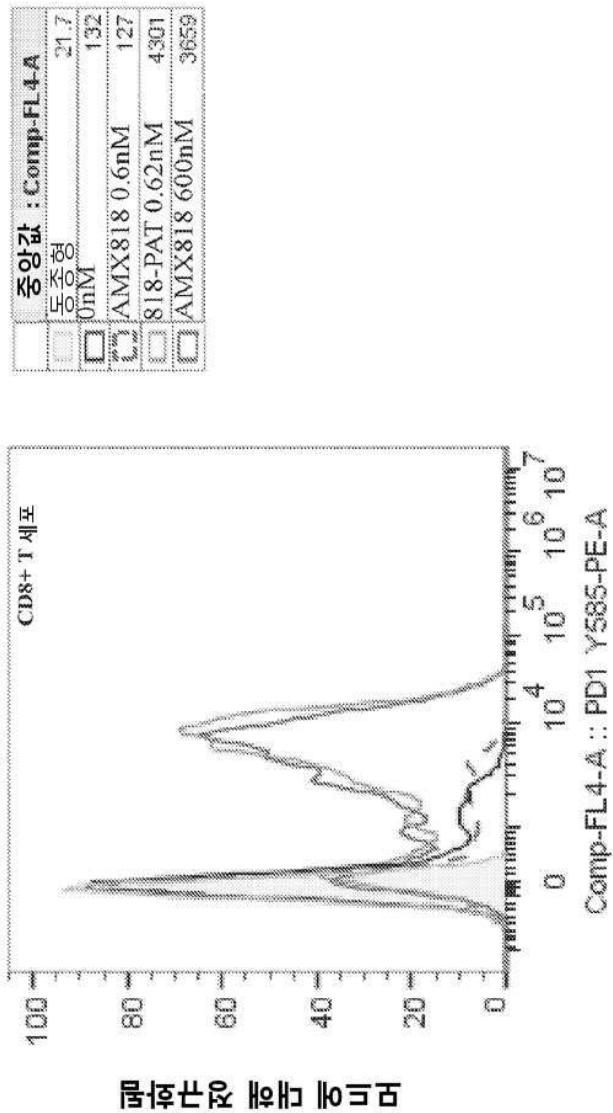


	818-PAT	AMX-818
EC50	40.59	21171

도면14c

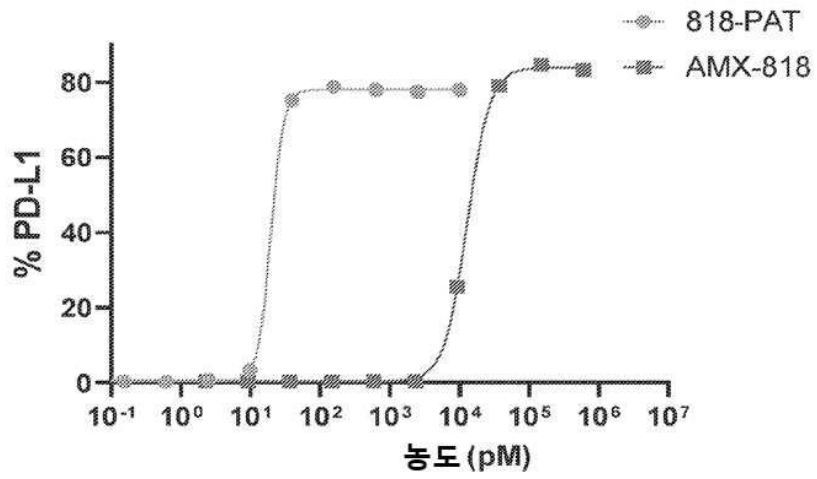


도면14d



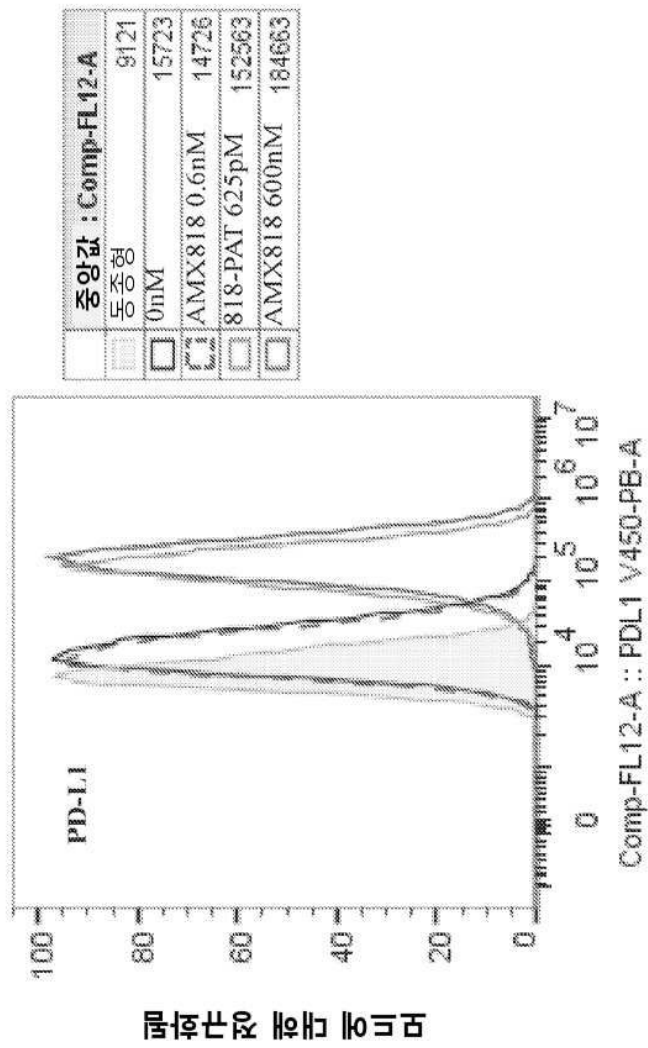
도면15a

SKOV3 종양 세포 상에서의 표면 PD-L1
공여자 276; E:T 비 = 5:1



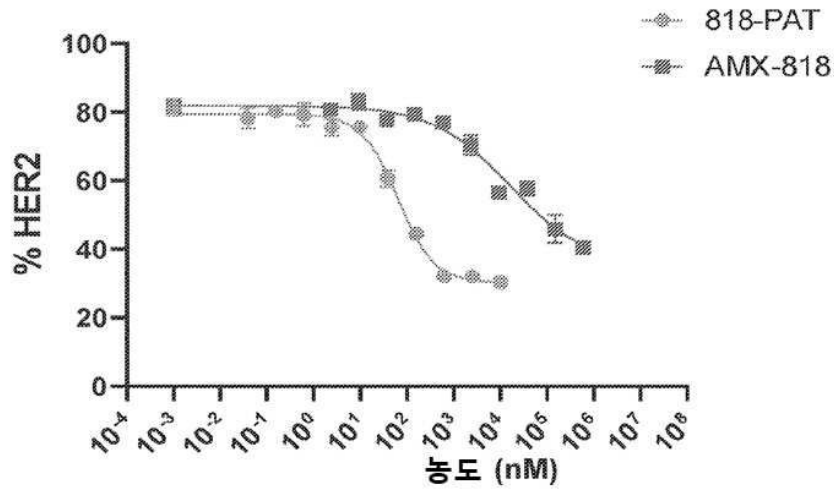
	818-PAT	AMX-818
EC50	19.56	12876

도면15b



도면15c

SKOV3 종양 세포 상에서의 표면 HER2
공여자 276; E:T 비 = 5:1

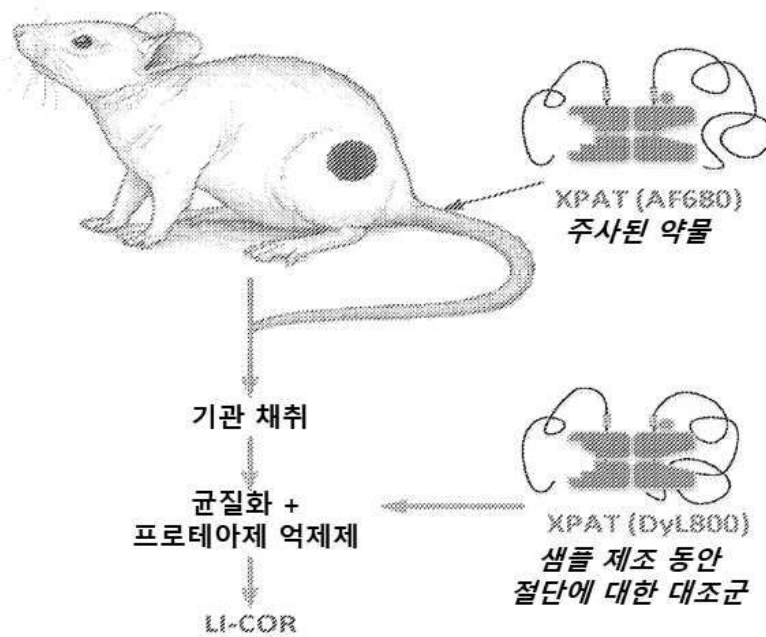


	818-PAT	AMX-818
EC50	63.59	16244

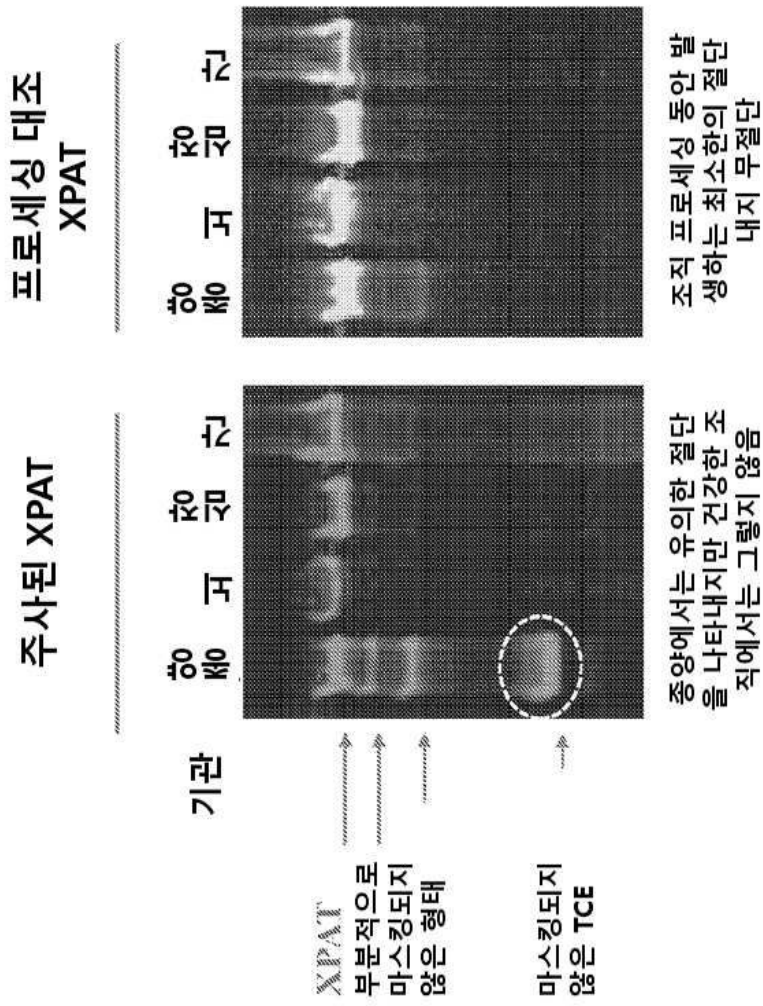
도면16a

XPAT의 생체내 절단에 접근하기 위한
실험 설계

종양-보유 마우스

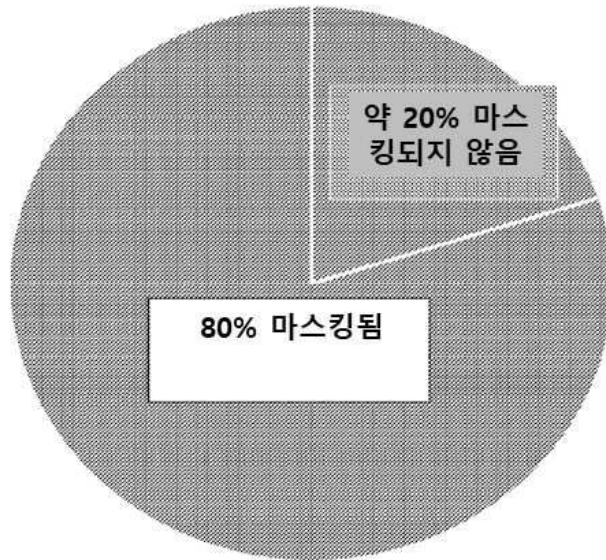


도면16b



도면16c

① 평균적으로, 종양에서 XPAT의 20%가 제2일까지 활성화됨



CRC, 유방, 위를 포함한 9가지 종양 유형에 걸쳐 N=31 마리수의 마우스

서열 목록

SEQUENCE LISTING

<110> Amunix Pharmaceuticals Inc.

Schellenberger, Volker

Johansen, Eric

Henkensiefken, Angela

McClory, James

MacCann, Darragh

Kuhn, Phillipp

Frenzel, Andre

To, Milton

Fox, Michael

<120> HER-2 TARGETED BISPECIFIC COMPOSITIONS AND METHODS FOR MAKING AND USING THE SAME

<130> 20-1832-WO

<150> 63/196408

<151> 2021-06-03

<150> 63/166857

<151> 2021-03-26

<150> 63/108783

<151> 2020-11-02

<150> 63/077503

<151> 2020-09-11

<150> 63/044301

<151> 2020-06-25

<160> 8022

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1

Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn

1 5 10

<210> 2

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 2

Arg Ser Ser Asn Gly Glu Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn

1 5 10

<210> 3

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 3
 Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn
 1 5 10

<210> 4

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 4

Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro

1 5

<210> 5

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 5

Gly Thr Ile Lys Arg Ala Pro

1 5

<210> 6

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 6

Ala Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe

1 5 10

<210> 7

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe

1 5 10

<210> 8

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8

Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met Asn

1 5 10

<210> 9

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 9

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Asp

<210> 10

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 10

His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala His

1 5 10

<210> 11

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 11

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 12

<211> 2024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 12

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

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

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro Leu Gly Gly Arg Ala Asp Asn His Glu Pro
290 295 300

Pro Glu Leu Gly Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
305 310 315 320

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
325 330 335

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala
340 345 350

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
355 360 365

Tyr Ser Ala Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
370 375 380

Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
385 390 395 400

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro
405 410 415

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
420 425 430

Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser

435 440 445
 Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 450 455 460
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 465 470 475 480

 Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln
 485 490 495
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Asn
 500 505 510
 Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser
 515 520 525
 Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
 530 535 540

 Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly Gly Asp Gly
 545 550 555 560
 Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
 565 570 575
 Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 580 585 590
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly
 595 600 605

 Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 610 615 620
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly
 625 630 635 640
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu
 645 650 655
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala
 660 665 670

 Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 675 680 685

Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro
690 695 700

Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly
705 710 715 720

Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
725 730 735

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr
740 745 750

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
755 760 765

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
770 775 780

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
785 790 795 800

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
805 810 815

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe
820 825 830

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala
835 840 845

Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Gly Gly Arg Ala Asp Asn His Glu
850 855 860

Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala
865 870 875 880

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
885 890 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
900 905 910

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
915 920 925

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

930	935	940	
Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	
945	950	955	960
Gly Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Ser Glu Pro	
	965	970	975
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr	
	980	985	990
Ser Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	
	995	1000	1005
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser	
	1010	1015	1020
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser	
	1025	1030	1035
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly	
	1040	1045	1050
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro	
	1055	1060	1065
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser	
	1070	1075	1080
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala	
	1085	1090	1095
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser	
	1100	1105	1110
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro	
	1115	1120	1125
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser	
	1130	1135	1140
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala	
	1145	1150	1155
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser	
	1160	1165	1170

Thr Glu	Glu Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro
1175			1180			1185	
Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser Glu	Thr Pro	Gly Thr	Ser
1190			1195			1200	
Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro
1205			1210			1215	
Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro	Ser Glu	Gly
1220			1225			1230	
Ser Ala	Pro Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser Ala	Pro
1235			1240			1245	
Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro	Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Thr	Ser
1250			1255			1260	
Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser Ala	Pro Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro
1265			1270			1275	
Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro Thr	Ser
1280			1285			1290	
Thr Glu	Glu Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser Ala	Pro
1295			1300			1305	
Gly Thr	Ser Glu	Ser Ala	Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly Ser	Glu
1310			1315			1320	
Pro Ala	Thr Ser	Gly Ser	Glu Thr	Pro Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala
1325			1330			1335	
Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser
1340			1345			1350	
Glu Thr	Pro Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro
1355			1360			1365	
Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro	Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Thr	Ser
1370			1375			1380	
Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Ser Pro	Ala Gly	Ser
1385			1390			1395	
Pro Thr	Ser Thr	Glu Glu	Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro Thr	Ser

1400	1405	1410
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu		
1415	1420	1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser		
1430	1435	1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala		
1445	1450	1455
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser		
1460	1465	1470
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro		
1475	1480	1485
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser		
1490	1495	1500
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro		
1505	1510	1515
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser		
1520	1525	1530
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro		
1535	1540	1545
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser		
1550	1555	1560
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser		
1565	1570	1575
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser		
1580	1585	1590
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro		
1595	1600	1605
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser		
1610	1615	1620
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala		
1625	1630	1635

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1640 1645 1650

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1655 1660 1665

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1670 1675 1680

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1685 1690 1695

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1700 1705 1710

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1715 1720 1725

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1745 1750 1755

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1760 1765 1770

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1775 1780 1785

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1790 1795 1800

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1805 1810 1815

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1820 1825 1830

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Glu Thr
1835 1840 1845

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1850 1855 1860

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 1895 1900 1905
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 1910 1915 1920
 Ala Thr Glu Ser Pro Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 1925 1930 1935
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 1940 1945 1950

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Ala Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 1955 1960 1965
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 1970 1975 1980
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 1985 1990 1995
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 2000 2005 2010

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser
 2015 2020

<210> 13

<211> 1452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 13

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro

130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

275 280 285
Pro Gly Gly Ser Ala Pro Ala Ser Thr Arg Gly Glu Asn Ala Gly Pro

290 295 300
Ala Gly Leu Glu Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
305 310 315 320
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
325 330 335
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly
340 345 350
Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

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

420 425 430
Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser
435 440 445
Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
450 455 460
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
465 470 475 480
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln

485 490 495
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser
500 505 510
Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Phe Thr Leu Ser
515 520 525

Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
530 535 540

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser

545 550 555 560

Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
565 570 575

Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val
580 585 590

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala
595 600 605

Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln

610 615 620

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr
625 630 635 640

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr
645 650 655

Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu
660 665 670

Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val

675 680 685

Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly
690 695 700

Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu
705 710 715 720

Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser
725 730 735

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

740 745 750

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
755 760 765

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

770 775 780
 Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val
 785 790 795 800
 Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

 805 810 815
 Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala
 820 825 830
 His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu
 835 840 845
 Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Thr Arg Gly Glu Asn Ala Gly Pro
 850 855 860
 Ala Gly Leu Glu Ala Pro Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

 865 870 875 880
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 885 890 895
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 900 905 910
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 915 920 925
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

 930 935 940
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 945 950 955 960
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 965 970 975
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 980 985 990
 Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

 995 1000 1005
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1010 1015 1020

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr		
1025	1030	1035
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser		
1040	1045	1050
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
1055	1060	1065
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu		
1070	1075	1080
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1085	1090	1095
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser		
1100	1105	1110
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly		
1115	1120	1125
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro		
1130	1135	1140
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala		
1145	1150	1155
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser		
1160	1165	1170
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
1175	1180	1185
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly		
1190	1195	1200
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1205	1210	1215
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser		
1220	1225	1230
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser		
1235	1240	1245
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly		

1250 1255 1260
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 1265 1270 1275
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
 1280 1285 1290
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1295 1300 1305
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1310 1315 1320
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 1325 1330 1335
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 1340 1345 1350
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1355 1360 1365
 Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 1370 1375 1380
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 1385 1390 1395
 Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 1400 1405 1410
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1415 1420 1425
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 1430 1435 1440
 Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu Ala
 1445 1450

<210> 14

<211> 1446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 14

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Thr Glu Pro Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro
130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

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

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Thr Pro
290 295 300

Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
305 310 315 320

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
325 330 335

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly
340 345 350

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
355 360 365

Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly
370 375 380

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
385 390 395 400

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr
405 410 415

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
420 425 430

Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser
435 440 445

Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu Val Gln Ser
450 455 460

Gly Val Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys
465 470 475 480

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln

485	490	495	
Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser			
500	505	510	
Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr			
515	520	525	
Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu Lys Ser Leu Gln			
530	535	540	
Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser			
545	550	555	560
Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser			
565	570	575	
Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val			
580	585	590	
Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala			
595	600	605	
Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln			
610	615	620	
Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr			
625	630	635	640
Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr			
645	650	655	
Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu			
660	665	670	
Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val			
675	680	685	
Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly			
690	695	700	
Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu			
705	710	715	720
Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser			
725	730	735	

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala
 740 745 750
 Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
 755 760 765
 Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 770 775 780

 Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val
 785 790 795 800
 Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
 805 810 815
 Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala
 820 825 830
 His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu
 835 840 845

 Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Thr Pro
 850 855 860
 Ala Gly Leu Thr Gly Pro Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
 865 870 875 880
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 885 890 895
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 900 905 910

 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 915 920 925
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 930 935 940
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 945 950 955 960
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 965 970 975

 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

980						985						990					
Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro		
995						1000						1005					
Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser			
1010						1015						1020					
Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala			
1025						1030						1035					
Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser			
1040						1045						1050					
Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro			
1055						1060						1065					
Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser			
1070						1075						1080					
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro			
1085						1090						1095					
Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu			
1100						1105						1110					
Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu			
1115						1120						1125					
Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Ser	Pro			
1130						1135						1140					
Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala			
1145						1150						1155					
Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly			
1160						1165						1170					
Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro			
1175						1180						1185					
Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser			
1190						1195						1200					
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr			
1205						1210						1215					

Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1220	1225	1230	
Ser Gly	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1235	1240	1245	
Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Thr Ser
1250	1255	1260	
Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr
1265	1270	1275	
Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1280	1285	1290	
Ser Gly	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu
1295	1300	1305	
Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Thr Ser
1310	1315	1320	
Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1325	1330	1335	
Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1340	1345	1350	
Ser Gly	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1355	1360	1365	
Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Ser Glu
1370	1375	1380	
Ser Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1385	1390	1395	
Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1400	1405	1410	
Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1415	1420	1425	
Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser
1430	1435	1440	
Glu Ser	Ala		
1445			

<210> 15

<211> 1447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 15

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser Glu Ser

1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

20 25 30

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

35 40 45

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

50 55 60

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser Gly Ser

65 70 75 80

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

145 150 155 160

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

165 170 175

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

180 185 190

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

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

Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly
 450 455 460
 Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser
 465 470 475 480
 Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro
 485 490 495
 Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Asn Gly Tyr
 500 505 510

 Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ala Asp
 515 520 525
 Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu
 530 535 540
 Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly Gly Asp Gly Phe Tyr
 545 550 555 560
 Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly
 565 570 575

 Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser
 580 585 590
 Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val
 595 600 605
 Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala
 610 615 620
 Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro
 625 630 635 640

 Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu Thr Leu
 645 650 655
 Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp
 660 665 670
 Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 675 680 685
 Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu

690

695

700

Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val

705 710 715 720

Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu

725 730 735

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met

740 745 750

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg

755 760 765

Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

770 775 780

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr

785 790 795 800

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

805 810 815

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr

820 825 830

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu Ala

835 840 845

Ala Ser Ala Ser Gly Leu Phe Gly Arg Asn Asp Asn His Glu Pro Leu

850 855 860

Glu Leu Gly Gly Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

865 870 875 880

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

885 890 895

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

900 905 910

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

915 920 925

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

930 935 940

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
945 950 955 960

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
965 970 975

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
980 985 990

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
995 1000 1005

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1010 1015 1020

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1025 1030 1035

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1040 1045 1050

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1055 1060 1065

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1070 1075 1080

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1085 1090 1095

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
1100 1105 1110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1115 1120 1125

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1130 1135 1140

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1145 1150 1155

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1160 1165 1170

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1175	1180	1185
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser		
1190	1195	1200
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro		
1205	1210	1215
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro		
1220	1225	1230
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala		
1235	1240	1245
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser		
1250	1255	1260
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro		
1265	1270	1275
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro		
1280	1285	1290
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro		
1295	1300	1305
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu		
1310	1315	1320
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro		
1325	1330	1335
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu		
1340	1345	1350
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr		
1355	1360	1365
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser		
1370	1375	1380
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro		
1385	1390	1395
Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu		
1400	1405	1410

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 1415 1420 1425
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1430 1435 1440

Ser Ala Pro Gly
 1445

<210> 16

<211> 1452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 16

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 50 55 60
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
 65 70 75 80
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 85 90 95
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 130 135 140
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

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

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro Arg Thr Gly Arg Thr Gly Glu Ser Ala Asn
290 295 300

Glu Thr Pro Ala Gly Leu Gly Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
305 310 315 320

Pro Gly Thr Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu
325 330 335

Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val
340 345 350

Ser Ile Gly Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg
355 360 365

Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro Ala Arg
370 375 380

Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser
385 390 395 400

Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile

405 410 415
 Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala
 420 425 430

 Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr
 435 440 445
 Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu
 450 455 460
 Val Gln Ser Gly Val Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val
 465 470 475 480
 Ser Cys Lys Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp
 485 490 495

 Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn
 500 505 510
 Pro Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val
 515 520 525
 Thr Leu Thr Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu Lys
 530 535 540
 Ser Leu Gln Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu
 545 550 555 560

 Gly Pro Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
 565 570 575
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
 580 585 590
 Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser
 595 600 605
 Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys
 610 615 620

 Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala
 625 630 635 640
 Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
 645 650 655

Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr
660 665 670

Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
675 680 685

Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu
690 695 700

Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly
705 710 715 720

Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro
725 730 735

Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn
740 745 750

Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu
755 760 765

Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr
770 775 780

Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
785 790 795 800

Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala
805 810 815

Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser
820 825 830

Trp Phe Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly
835 840 845

Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Thr Gly Arg Thr Gly Glu
850 855 860

Ser Ala Asn Glu Thr Pro Ala Gly Leu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Thr
865 870 875 880

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
885 890 895

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

900	905	910	
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala			
915	920	925	
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser			
930	935	940	
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser			
945	950	955	960
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly			
965	970	975	
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser			
980	985	990	
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser			
995	1000	1005	
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser			
1010	1015	1020	
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly			
1025	1030	1035	
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu			
1040	1045	1050	
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro			
1055	1060	1065	
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser			
1070	1075	1080	
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly			
1085	1090	1095	
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr			
1100	1105	1110	
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser			
1115	1120	1125	
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser			
1130	1135	1140	

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1145	1150	1155
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr
1160	1165	1170
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
1175	1180	1185
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1190	1195	1200
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1205	1210	1215
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Glu
1220	1225	1230
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
1235	1240	1245
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1250	1255	1260
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1265	1270	1275
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Pro Ala
1280	1285	1290
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
1295	1300	1305
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
1310	1315	1320
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1325	1330	1335
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu
1340	1345	1350
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
1355	1360	1365
Gly Ser Thr Glu Thr Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser

1370 1375 1380
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 1385 1390 1395
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 1400 1405 1410
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 1415 1420 1425

 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 1430 1435 1440
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 1445 1450
 <210> 17
 <211> 1446
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 17
 Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 35 40 45
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 50 55 60
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
 65 70 75 80
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

 85 90 95
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 100 105 110
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 130 135 140
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 165 170 175
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 245 250 255
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 260 265 270
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

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

 340 345 350
 Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 355 360 365

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

610 615 620
 Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr
 625 630 635 640
 Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr
 645 650 655
 Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu

 660 665 670
 Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
 675 680 685
 Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly
 690 695 700
 Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu
 705 710 715 720
 Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

 725 730 735
 Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala
 740 745 750
 Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
 755 760 765
 Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 770 775 780
 Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

 785 790 795 800
 Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
 805 810 815
 Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala
 820 825 830
 Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu
 835 840 845
 Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu Pro

 850 855 860

Leu Glu Leu Gly Ala Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
 865 870 875 880
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 885 890 895
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 900 905 910
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 915 920 925
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 930 935 940
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 945 950 955 960
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 965 970 975
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 980 985 990
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 995 1000 1005
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 1010 1015 1020
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 1025 1030 1035
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
 1040 1045 1050
 Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 1055 1060 1065
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 1070 1075 1080
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 1085 1090 1095
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1100	1105	1110
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu
1115	1120	1125
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Ser Pro
1130	1135	1140
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1145	1150	1155
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly

1160	1165	1170
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1175	1180	1185
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser
1190	1195	1200
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr
1205	1210	1215
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu

1220	1225	1230
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1235	1240	1245
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Thr Ser
1250	1255	1260
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr
1265	1270	1275
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu

1280	1285	1290
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu
1295	1300	1305
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Thr Ser
1310	1315	1320
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1325	1330	1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1340 1345 1350

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1355 1360 1365

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

1370 1375 1380

Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1400 1405 1410

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1415 1420 1425

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1430 1435 1440

Glu Ser Ala

1445

<210> 18

<211> 2307

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 18

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

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

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

595 600 605
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

610 615 620
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

660 665 670
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

675 680 685
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

690 695 700
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

725 730 735
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Gly Pro Pro Thr Leu Thr Ala Pro

865 870 875 880

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln

885 890 895

Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr

900 905 910

Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln Gln

915 920 925

Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Phe Leu

930 935 940

Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser Gly Thr Asp

945 950 955 960

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr

965 970 975

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro Thr Phe Gly Gln Gly Thr

980 985 990

Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr

995 1000 1005

Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro

1010 1015 1020

Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu

1025 1030 1035

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

1040 1045 1050

Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro

1055 1060 1065
 Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Asn Gly
 1070 1075 1080
 Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser

1085 1090 1095
 Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu
 1100 1105 1110
 Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly Gly
 1115 1120 1125
 Asp Gly Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
 1130 1135 1140
 Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu

1145 1150 1155
 Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys
 1160 1165 1170
 Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp
 1175 1180 1185
 Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
 1190 1195 1200
 Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser

1205 1210 1215
 Ser Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro
 1220 1225 1230
 Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn Leu
 1235 1240 1245
 Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr
 1250 1255 1260
 Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr

1265 1270 1275
 Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln
 1280 1285 1290

Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu
 1295 1300 1305
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala
 1310 1315 1320
 Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 1325 1330 1335
 Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
 1340 1345 1350
 Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
 1355 1360 1365
 Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
 1370 1375 1380
 Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr
 1385 1390 1395
 Val Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
 1400 1405 1410
 Ser Ser Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Gly
 1415 1420 1425
 Arg Ala Ala Asn Thr Gly Pro Pro Thr Leu Thr Ala Pro Pro Gly
 1430 1435 1440
 Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 1445 1450 1455
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 1460 1465 1470
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 1475 1480 1485
 Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 1490 1495 1500
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 1505 1510 1515
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1520 1525 1530
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 1535 1540 1545
 Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
 1550 1555 1560
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1565 1570 1575
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 1580 1585 1590
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 1595 1600 1605
 Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 1610 1615 1620
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1625 1630 1635
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 1640 1645 1650
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 1655 1660 1665
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 1670 1675 1680
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1685 1690 1695
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 1700 1705 1710
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 1715 1720 1725
 Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
 1730 1735 1740
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1745 1750 1755

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1760	1765	1770
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1775	1780	1785
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1790	1795	1800
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr
1805	1810	1815
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
1820	1825	1830
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1835	1840	1845
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
1850	1855	1860
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu
1865	1870	1875
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
1880	1885	1890
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1895	1900	1905
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly
1910	1915	1920
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr
1925	1930	1935
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1940	1945	1950
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
1955	1960	1965
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
1970	1975	1980
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Glu

1985	1990	1995
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
2000	2005	2010
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
2015	2020	2025
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
2030	2035	2040
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro		
2045	2050	2055
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
2060	2065	2070
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
2075	2080	2085
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly		
2090	2095	2100
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro		
2105	2110	2115
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
2120	2125	2130
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
2135	2140	2145
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly		
2150	2155	2160
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu		
2165	2170	2175
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
2180	2185	2190
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
2195	2200	2205
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
2210	2215	2220

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

2225

2230

2235

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2240

2245

2250

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser

2255

2260

2265

Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

2270

2275

2280

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

2285

2290

2295

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2300

2305

<210> 19

<211> 1449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 19

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

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

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
355 360 365

Tyr Ser Ala Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
370 375 380

Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
385 390 395 400

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro
405 410 415

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
420 425 430

Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser
435 440 445

Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
450 455 460

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
465 470 475 480

Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln
485 490 495

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Asn
500 505 510

Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser
515 520 525

Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
530 535 540

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly Gly Asp Gly
545 550 555 560

Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
565 570 575

Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
580 585 590

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly

595 Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 610 615 620
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly
 625 630 635 640
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 645 650 655
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala
 660 665 670

 Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 675 680 685
 Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro
 690 695 700
 Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly
 705 710 715 720
 Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 725 730 735

 Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr
 740 745 750
 Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 755 760 765
 Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 770 775 780
 Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 785 790 795 800

 Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 805 810 815
 Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe
 820 825 830
 Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala
 835 840 845

Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Gly Arg Ser Thr Asn Ala Gly
850 855 860

Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
865 870 875 880
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
885 890 895
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
900 905 910
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
915 920 925

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
930 935 940
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
945 950 955 960
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
965 970 975
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
980 985 990

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
995 1000 1005
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1010 1015 1020
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
1025 1030 1035
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1040 1045 1050

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1055 1060 1065
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1070 1075 1080
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1085	1090	1095
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly		
1100	1105	1110
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala		
1115	1120	1125
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
1130	1135	1140
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1145	1150	1155
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
1160	1165	1170
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu		
1175	1180	1185
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser		
1190	1195	1200
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1205	1210	1215
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1220	1225	1230
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu		
1235	1240	1245
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser		
1250	1255	1260
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1265	1270	1275
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly		
1280	1285	1290
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr		
1295	1300	1305
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
1310	1315	1320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1325 1330 1335

Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1340 1345 1350

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1355 1360 1365

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1370 1375 1380

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1385 1390 1395

Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1400 1405 1410

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1415 1420 1425

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1430 1435 1440

Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1445

<210> 20

<211> 2304

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 20

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
35 40 45

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
100 105 110

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
165 170 175

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190

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

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
225 230 235 240

Gly Ser Thr Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
245 250 255

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
260 265 270

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
275 280 285

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
290 295 300

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

305 310 315 320
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 325 330 335

 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 340 345 350
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 355 360 365
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 370 375 380
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 385 390 395 400

 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 405 410 415
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 420 425 430
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 435 440 445
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 450 455 460

 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 465 470 475 480
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 485 490 495
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 500 505 510
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 515 520 525

 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 530 535 540
 Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 545 550 555 560

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
565 570 575

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
580 585 590

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
595 600 605

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
610 615 620

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
625 630 635 640

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
645 650 655

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
660 665 670

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
675 680 685

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
690 695 700

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
705 710 715 720

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
725 730 735

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
740 745 750

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
755 760 765

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
770 775 780

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
785 790 795 800

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

805 810 815
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 820 825 830
 Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 835 840 845

 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 850 855 860
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 865 870 875 880
 Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 885 890 895
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 900 905 910

 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 915 920 925
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 930 935 940
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 945 950 955 960
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 965 970 975

 Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 980 985 990
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 995 1000 1005
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1010 1015 1020
 Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 1025 1030 1035

 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 1040 1045 1050

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

1280	1285	1290
Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly	Glu Thr Thr Gly Gly	Ser Ala Glu
1295	1300	1305
Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly	Gln Val Gln Leu Val	Gln Ser Gly
1310	1315	1320
Val Glu Val Lys Lys Pro Gly	Ala Ser Val Lys Val	Ser Cys Lys
1325	1330	1335
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr	Asp Tyr Thr Met Asp	Trp Val Arg
1340	1345	1350
Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu	Glu Trp Met Ala Asp	Val Asn Pro
1355	1360	1365
Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr	Asn Gln Arg Phe Lys	Gly Arg Val
1370	1375	1380
Thr Leu Thr Thr Asp Ser Ser	Thr Thr Thr Ala Tyr	Met Glu Leu
1385	1390	1395
Lys Ser Leu Gln Phe Asp Asp	Thr Ala Val Tyr Tyr	Cys Ala Arg
1400	1405	1410
Asn Leu Gly Pro Ser Phe Tyr	Phe Asp Tyr Trp Gly	Gln Gly Thr
1415	1420	1425
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly	Gly Gly Ser Glu Leu	Val Val Thr
1430	1435	1440
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val	Ser Pro Gly Gly Thr	Val Thr Leu
1445	1450	1455
Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly	Ala Val Thr Ser Ser	Asn Tyr Ala
1460	1465	1470
Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro	Gly Gln Ala Pro Arg	Gly Leu Ile
1475	1480	1485
Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala	Pro Gly Thr Pro Ala	Arg Phe Ser
1490	1495	1500
Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys	Ala Ala Leu Thr Leu	Ser Gly Val
1505	1510	1515

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

1745	1750	1755
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu		
1760	1765	1770
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser		
1775	1780	1785
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1790	1795	1800
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1805	1810	1815
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu		
1820	1825	1830
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
1835	1840	1845
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1850	1855	1860
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
1865	1870	1875
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr		
1880	1885	1890
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
1895	1900	1905
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1910	1915	1920
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1925	1930	1935
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
1940	1945	1950
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
1955	1960	1965
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1970	1975	1980

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1985 1990 1995

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
2000 2005 2010

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
2015 2020 2025

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2030 2035 2040

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
2045 2050 2055

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
2060 2065 2070

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
2075 2080 2085

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
2090 2095 2100

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
2105 2110 2115

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
2120 2125 2130

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
2135 2140 2145

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2150 2155 2160

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2165 2170 2175

Thr Ser Glu Ser Ala Ser Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
2180 2185 2190

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
2195 2200 2205

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2210 2215 2220
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 2225 2230 2235

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
 2240 2245 2250
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 2255 2260 2265
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 2270 2275 2280
 Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 2285 2290 2295

Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 2300

<210> 21

<211> 2023

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 21

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 1 5 10 15
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 20 25 30
 Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 50 55 60
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 65 70 75 80
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 85 90 95
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

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

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

595 600 605
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 625 630 635 640
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 645 650 655
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 660 665 670
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 690 695 700
 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 705 710 715 720
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 725 730 735
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 755 760 765
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
 770 775 780
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 785 790 795 800
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
 820 825 830
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 850 855 860
 Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Glu Gly Ala Thr Ser Ala Gly Ala
 865 870 875 880

Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Asp Ile Gln
 885 890 895
 Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val
 900 905 910
 Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala Val Ala Trp
 915 920 925
 Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala
 930 935 940

Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
 945 950 955 960
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe
 965 970 975
 Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro Thr Phe Gly
 980 985 990
 Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly
 995 1000 1005

Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu
 1010 1015 1020
 Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
 1025 1030 1035
 Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 1040 1045 1050
 Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg
 1055 1060 1065

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro
 1070 1075 1080
 Thr Asn Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

1085	1090	1095
Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met		
1100	1105	1110
Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg		
1115	1120	1125
Trp Gly Gly Asp Gly Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly		
1130	1135	1140
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val		
1145	1150	1155
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr		
1160	1165	1170
Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr		
1175	1180	1185
Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu		
1190	1195	1200
Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe		
1205	1210	1215
Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly		
1220	1225	1230
Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr		
1235	1240	1245
Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu		
1250	1255	1260
Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly		
1265	1270	1275
Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly		
1280	1285	1290
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly		
1295	1300	1305
Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn		
1310	1315	1320

Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val	Arg Gln Ala Pro Gly	Lys Gly Leu
1325	1330	1335
Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg	Ser Lys Tyr Asn Asn	Tyr Ala Thr
1340	1345	1350
Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys	Asp Arg Phe Thr Ile	Ser Arg Asp
1355	1360	1365
Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr	Leu Gln Met Asn Asn	Leu Lys Thr
1370	1375	1380
Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr	Cys Val Arg His Gly	Asn Phe Gly
1385	1390	1395
Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe	Ala Tyr Trp Gly Gln	Gly Thr Leu
1400	1405	1410
Val Thr Val Ser Ser Gly Thr	Ala Glu Ala Ala Ser	Ala Ser Gly
1415	1420	1425
Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu	Ala Glu Gly Ala Thr	Ser Ala Gly
1430	1435	1440
Ala Thr Gly Pro Gly Ser Glu	Thr Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1445	1450	1455
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1460	1465	1470
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1475	1480	1485
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Ser Pro
1490	1495	1500
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
1505	1510	1515
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1520	1525	1530
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1535	1540	1545
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser

1550	1555	1560
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr
1565	1570	1575
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1580	1585	1590
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1595	1600	1605
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser
1610	1615	1620
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1625	1630	1635
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1640	1645	1650
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro
1655	1660	1665
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser
1670	1675	1680
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
1685	1690	1695
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1700	1705	1710
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1715	1720	1725
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser
1730	1735	1740
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1745	1750	1755
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1760	1765	1770
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1775	1780	1785

Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser
1790	1795	1800	
Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr
1805	1810	1815	
Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1820	1825	1830	
Ser Gly	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1835	1840	1845	
Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Pro
1850	1855	1860	
Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1865	1870	1875	
Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser
1880	1885	1890	
Thr Glu	Glu Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1895	1900	1905	
Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser
1910	1915	1920	
Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr
1925	1930	1935	
Ser Gly	Ser Thr Glu Thr Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1940	1945	1950	
Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro
1955	1960	1965	
Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser
1970	1975	1980	
Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1985	1990	1995	
Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
2000	2005	2010	
Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser	
2015	2020		

<210> 22

<211> 1736

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 22

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro

130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

 245 250 255
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 260 265 270
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 275 280 285
 Pro Gly Gly Ser Ala Pro Ala Ser Gly Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro
 290 295 300
 Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

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

 370 375 380
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 385 390 395 400
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
 420 425 430
 Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser

 435 440 445

Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
450 455 460

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
465 470 475 480

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln
485 490 495

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser

500 505 510

Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Phe Thr Leu Ser
515 520 525

Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
530 535 540

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser
545 550 555 560

Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

565 570 575

Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val
580 585 590

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala
595 600 605

Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln
610 615 620

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr

625 630 635 640

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr
645 650 655

Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu
660 665 670

Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
675 680 685

Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly

690 695 700
 Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu
 705 710 715 720
 Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser
 725 730 735
 Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala
 740 745 750
 Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

 755 760 765
 Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 770 775 780
 Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val
 785 790 795 800
 Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
 805 810 815
 Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala

 820 825 830
 His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu
 835 840 845
 Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Gly Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro
 850 855 860
 Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 865 870 875 880
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

 885 890 895
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 900 905 910
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 915 920 925
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 930 935 940

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

945 950 955 960

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

965 970 975

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

980 985 990

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

995 1000 1005

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1010 1015 1020

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1025 1030 1035

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1055 1060 1065

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1070 1075 1080

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1085 1090 1095

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1100 1105 1110

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1115 1120 1125

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1130 1135 1140

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1145 1150 1155

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1160 1165 1170

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1175 1180 1185
 Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1190 1195 1200
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1205 1210 1215
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1220 1225 1230
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1235 1240 1245
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1250 1255 1260
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1265 1270 1275
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1280 1285 1290
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1295 1300 1305
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1310 1315 1320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1325 1330 1335
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1340 1345 1350
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1355 1360 1365
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1370 1375 1380
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1385 1390 1395
 Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

1400 1405 1410

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser		
1415	1420	1425
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu		
1430	1435	1440
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1445	1450	1455
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr		
1460	1465	1470
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala		
1475	1480	1485
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro		
1490	1495	1500
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala		
1505	1510	1515
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr		
1520	1525	1530
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala		
1535	1540	1545
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro		
1550	1555	1560
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu		
1565	1570	1575
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr		
1580	1585	1590
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
1595	1600	1605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro		
1610	1615	1620
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1625	1630	1635
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser		

1640 1645 1650
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 1655 1660 1665
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1670 1675 1680
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 1685 1690 1695
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 1700 1705 1710
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 1715 1720 1725
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 1730 1735

<210> 23

<211> 1745

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 23

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 35 40 45
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
 65 70 75 80
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 85 90 95
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro

130 135 140
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

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

210 215 220
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

245 250 255
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

260 265 270
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

275 280 285
Pro Gly Gly Ser Ala Pro Gly Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu Pro

290 295 300
Leu Glu Leu Gly Ala Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

305 310 315 320
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

325 330 335
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala

340 345 350

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
355 360 365

Tyr Ser Ala Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
370 375 380

Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
385 390 395 400

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro
405 410 415

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
420 425 430

Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser
435 440 445

Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
450 455 460

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
465 470 475 480

Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln
485 490 495

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Asn
500 505 510

Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser
515 520 525

Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
530 535 540

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly Gly Asp Gly
545 550 555 560

Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
565 570 575

Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
580 585 590

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly

595 600 605
 Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 610 615 620
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly

 625 630 635 640
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu
 645 650 655
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala
 660 665 670
 Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 675 680 685
 Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro

 690 695 700
 Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly
 705 710 715 720
 Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 725 730 735
 Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr
 740 745 750
 Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

 755 760 765
 Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 770 775 780
 Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 785 790 795 800
 Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 805 810 815
 Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe

 820 825 830
 Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala
 835 840 845

Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu
 850 855 860
 Pro Leu Glu Leu Gly Ala Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 865 870 875 880
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 885 890 895
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
 900 905 910
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 915 920 925
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 930 935 940
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 945 950 955 960
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 965 970 975
 Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 980 985 990
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 995 1000 1005
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 1010 1015 1020
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 1025 1030 1035
 Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 1040 1045 1050
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 1055 1060 1065
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 1070 1075 1080
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1085	1090	1095
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
1100	1105	1110
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
1115	1120	1125
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		

1130	1135	1140
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1145	1150	1155
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly		
1160	1165	1170
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro		
1175	1180	1185
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		

1190	1195	1200
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1205	1210	1215
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1220	1225	1230
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
1235	1240	1245
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		

1250	1255	1260
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1265	1270	1275
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly		
1280	1285	1290
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu		
1295	1300	1305
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser		

1310	1315	1320

Gly Ser	Glu Thr	Pro Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser
1325			1330			1335	
Gly Pro	Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser Glu	Thr Pro	Gly
1340			1345			1350	
Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Thr Ser	Thr
1355			1360			1365	
Glu Pro	Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Thr	Ser Glu	Ser Ala	Thr
1370			1375			1380	
Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Ser Pro	Ala Gly	Ser Pro	Thr Ser	Thr
1385			1390			1395	
Glu Glu	Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro Thr	Ser Thr	Glu Glu	Gly
1400			1405			1410	
Ser Pro	Ala Gly	Ser Pro	Thr Ser	Thr Glu	Glu Gly	Thr Ser	Glu
1415			1420			1425	
Ser Ala	Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro	Ser
1430			1435			1440	
Glu Gly	Ser Ala	Pro Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser
1445			1450			1455	
Gly Pro	Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser Glu	Thr Pro	Gly
1460			1465			1470	
Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Ser Glu	Pro
1475			1480			1485	
Ala Thr	Ser Gly	Ser Glu	Thr Pro	Gly Thr	Ser Glu	Ser Ala	Thr
1490			1495			1500	
Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser
1505			1510			1515	
Ala Pro	Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro Thr	Ser Thr	Glu Glu	Gly
1520			1525			1530	
Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Ser Glu	Pro
1535			1540			1545	
Ala Thr	Ser Gly	Ser Glu	Thr Pro	Gly Thr	Ser Glu	Ser Ala	Thr

1550 1555 1560
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1565 1570 1575
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
1580 1585 1590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1595 1600 1605
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1610 1615 1620
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Phe Thr Ala Asx Thr Ser Glu Ser Ala
1625 1630 1635
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Pro
1640 1645 1650
Thr Glu Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1655 1660 1665
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1670 1675 1680
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro
1685 1690 1695
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1700 1705 1710
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1715 1720 1725
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro

1730 1735 1740
Glu Ala

1745

<210> 24

<211> 2304

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 24

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
20 25 30
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
35 40 45
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
85 90 95
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
100 105 110
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
115 120 125
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
130 135 140
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
165 170 175
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
195 200 205
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
210 215 220
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
225 230 235 240

Gly Ser Thr Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 245 250 255
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 260 265 270
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 275 280 285
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 290 295 300
 Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 305 310 315 320
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 325 330 335
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 340 345 350
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 355 360 365
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 370 375 380
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 385 390 395 400
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 405 410 415
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 420 425 430
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 435 440 445
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 450 455 460
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 465 470 475 480
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

485 490 495
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 500 505 510
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 515 520 525
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 530 535 540
 Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

 545 550 555 560
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 565 570 575
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 580 585 590
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 595 600 605
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

 610 615 620
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 625 630 635 640
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 645 650 655
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 660 665 670
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

 675 680 685
 Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 690 695 700
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 705 710 715 720
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 725 730 735

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

740 745 750

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

755 760 765

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

770 775 780

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

785 790 795 800

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

805 810 815

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

820 825 830

Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

835 840 845

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

850 855 860

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

865 870 875 880

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

885 890 895

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

900 905 910

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

915 920 925

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

930 935 940

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

945 950 955 960

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

980 985 990
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

995 1000 1005
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1010 1015 1020
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1025 1030 1035
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1040 1045 1050
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1055 1060 1065
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1070 1075 1080
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1085 1090 1095
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1100 1105 1110
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1115 1120 1125
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1130 1135 1140
Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser Ala Ser Gly Arg Ala Ala
1145 1150 1155
Asn Glu Thr Pro Pro Gly Leu Thr Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser
1160 1165 1170
Glu Thr Pro Gly Thr Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr

1175 1180 1185
Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys Ala
1190 1195 1200
Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
1205 1210 1215

Gly Gln	Ala Pro Arg Leu Leu	Ile Tyr Ser Ala Ser	Tyr Arg Tyr
1220	1225	1230	
Ser Gly	Val Pro Ala Arg Phe	Ser Gly Ser Gly Ser	Gly Thr Asp
1235	1240	1245	
Phe Thr	Leu Thr Ile Ser Ser	Leu Glu Pro Glu Asp	Phe Ala Val
1250	1255	1260	
Tyr Tyr	Cys Gln Gln Tyr Tyr	Ile Tyr Pro Tyr Thr	Phe Gly Gln
1265	1270	1275	
Gly Thr	Lys Val Glu Ile Lys	Gly Ala Thr Pro Pro	Glu Thr Gly
1280	1285	1290	
Ala Glu	Thr Glu Ser Pro Gly	Glu Thr Thr Gly Gly	Ser Ala Glu
1295	1300	1305	
Ser Glu	Pro Pro Gly Glu Gly	Gln Val Gln Leu Val	Gln Ser Gly
1310	1315	1320	
Val Glu	Val Lys Lys Pro Gly	Ala Ser Val Lys Val	Ser Cys Lys
1325	1330	1335	
Ala Ser	Gly Phe Thr Phe Thr	Asp Tyr Thr Met Asp	Trp Val Arg
1340	1345	1350	
Gln Ala	Pro Gly Gln Gly Leu	Glu Trp Met Ala Asp	Val Asn Pro
1355	1360	1365	
Asn Ser	Gly Gly Ser Ile Tyr	Asn Gln Arg Phe Lys	Gly Arg Val
1370	1375	1380	
Thr Leu	Thr Thr Asp Ser Ser	Thr Thr Thr Ala Tyr	Met Glu Leu
1385	1390	1395	
Lys Ser	Leu Gln Phe Asp Asp	Thr Ala Val Tyr Tyr	Cys Ala Arg
1400	1405	1410	
Asn Leu	Gly Pro Ser Phe Tyr	Phe Asp Tyr Trp Gly	Gln Gly Thr
1415	1420	1425	
Leu Val	Thr Val Ser Ser Gly	Gly Gly Ser Glu Leu	Val Val Thr
1430	1435	1440	
Gln Glu	Pro Ser Leu Thr Val	Ser Pro Gly Gly Thr	Val Thr Leu

1445 1450 1455
 Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala
 1460 1465 1470
 Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile

1475 1480 1485
 Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser
 1490 1495 1500
 Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
 1505 1510 1515
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro
 1520 1525 1530
 Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

1535 1540 1545
 Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu
 1550 1555 1560
 Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu
 1565 1570 1575
 Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly
 1580 1585 1590
 Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr

1595 1600 1605
 Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu
 1610 1615 1620
 Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr
 1625 1630 1635
 Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp
 1640 1645 1650
 Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu

1655 1660 1665
 Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn
 1670 1675 1680

Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val		
1685	1690	1695
Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala		
1700	1705	1710
Ser Gly Arg Ala Ala Asn Glu Thr Pro Pro Gly Leu Thr Gly Ala		
1715	1720	1725
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
1730	1735	1740
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
1745	1750	1755
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
1760	1765	1770
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
1775	1780	1785
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1790	1795	1800
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1805	1810	1815
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr		
1820	1825	1830
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
1835	1840	1845
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu		
1850	1855	1860
Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1865	1870	1875
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu		
1880	1885	1890
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
1895	1900	1905
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		

1910	1915	1920
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1925	1930	1935
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Glu
1940	1945	1950
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser

1955	1960	1965
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1970	1975	1980
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1985	1990	1995
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr
2000	2005	2010
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser

2015	2020	2025
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
2030	2035	2040
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
2045	2050	2055
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro
2060	2065	2070
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr

2075	2080	2085
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu
2090	2095	2100
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
2105	2110	2115
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu
2120	2125	2130
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro

2135	2140	2145

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 2150 2155 2160
 Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
 2165 2170 2175
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 2180 2185 2190
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2195 2200 2205
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr
 2210 2215 2220
 Glu Thr Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 2225 2230 2235
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 2240 2245 2250
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2255 2260 2265
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 2270 2275 2280
 Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 2285 2290 2295
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 2300

<210> 25

<211> 2016

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 25

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 35 40 45
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 50 55 60
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 65 70 75 80
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 85 90 95
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
 100 105 110
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Ser Pro
 115 120 125
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

 130 135 140
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
 145 150 155 160
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 165 170 175
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 180 185 190
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

 195 200 205
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 210 215 220
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 225 230 235 240
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 245 250 255
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

 325 330 335
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 370 375 380
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 405 410 415
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 420 425 430
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 465 470 475 480
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

 515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 785 790 795 800
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 805 810 815
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
 820 825 830
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 835 840 845
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 850 855 860
 Ala Ser Gly Arg Ser Thr Asn Ala Gly Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro
 865 870 875 880
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Glu Ile Val Leu Thr Gln
 885 890 895
 Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser

 900 905 910
 Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly Val Ala Trp Tyr Gln Gln
 915 920 925
 Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg
 930 935 940
 Tyr Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
 945 950 955 960
 Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr

 965 970 975
 Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr
 980 985 990
 Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr
 995 1000 1005
 Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro
 1010 1015 1020

Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Val Glu Val

1025 1030 1035

Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly

1040 1045 1050

Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro

1055 1060 1065

Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser Gly

1070 1075 1080

Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr

1085 1090 1095

Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu Lys Ser Leu

1100 1105 1110

Gln Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly

1115 1120 1125

Pro Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

1130 1135 1140

Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro

1145 1150 1155

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg

1160 1165 1170

Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val

1175 1180 1185

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

1190 1195 1200

Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser

1205 1210 1215

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu

1220 1225 1230

Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp

1235 1240 1245

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro

1250 1255 1260
Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly

1265 1270 1275
Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu

1280 1285 1290
Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

1295 1300 1305
Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met

1310 1315 1320
Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

1325 1330 1335
Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

1340 1345 1350
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn

1355 1360 1365
Thr Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala

1370 1375 1380
Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val

1385 1390 1395
Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser

1400 1405 1410
Ser Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Gly Arg

1415 1420 1425
Ser Thr Asn Ala Gly Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro Gly Ser Glu

1430 1435 1440
Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1445 1450 1455
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1460 1465 1470
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1475 1480 1485

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
1490	1495	1500
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu
1520	1525	1530
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
1535	1540	1545
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1550	1555	1560
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly
1565	1570	1575
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr
1580	1585	1590
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1595	1600	1605
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1610	1615	1620
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
1625	1630	1635
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro
1640	1645	1650
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1655	1660	1665
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1670	1675	1680
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1685	1690	1695
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr
1700	1705	1710
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser

1715 1720 1725
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 1730 1735 1740
 Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1745 1750 1755
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 1760 1765 1770
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 1775 1780 1785
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 1790 1795 1800
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1805 1810 1815
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 1820 1825 1830
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 1835 1840 1845
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 1850 1855 1860
 Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1865 1870 1875
 Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 1880 1885 1890
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 1895 1900 1905
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 1910 1915 1920
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Glu Thr Gly

1925 1930 1935
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 1940 1945 1950

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1955 1960 1965

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1970 1975 1980

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
1985 1990 1995

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
2000 2005 2010

Ala Thr Ser
2015

<210> 26

<211> 1454

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 26

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

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

370 375 380
 Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser
 385 390 395 400
 Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile

 405 410 415
 Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala
 420 425 430
 Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr
 435 440 445
 Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu
 450 455 460
 Val Gln Ser Gly Val Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val

 465 470 475 480
 Ser Cys Lys Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp
 485 490 495
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn
 500 505 510
 Pro Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val
 515 520 525
 Thr Leu Thr Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu Lys

 530 535 540
 Ser Leu Gln Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu
 545 550 555 560
 Gly Pro Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
 565 570 575
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
 580 585 590
 Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser

 595 600 605
 Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys
 610 615 620

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala
 625 630 635 640
 Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala
 645 650 655
 Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
 660 665 670
 Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
 675 680 685
 Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu
 690 695 700
 Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly
 705 710 715 720
 Glu Gly Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro
 725 730 735
 Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn
 740 745 750
 Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu
 755 760 765
 Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr
 770 775 780
 Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
 785 790 795 800
 Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala
 805 810 815
 Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser
 820 825 830
 Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly
 835 840 845
 Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Thr Gly Arg Thr Gly Glu
 850 855 860
 Ser Ala Asn Glu Thr Pro Ala Gly Leu Gly Gly Pro Pro Gly Ser Pro

865 870 875 880
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 885 890 895
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 900 905 910
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

 915 920 925
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 930 935 940
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
945 950 955 960
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 965 970 975
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

 980 985 990
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 995 1000 1005
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 1010 1015 1020
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
 1025 1030 1035
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 1040 1045 1050
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 1055 1060 1065
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 1070 1075 1080
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 1085 1090 1095
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

 1100 1105 1110

Ser Thr	Glu Glu Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1115	1120	1125	
Glu Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1130	1135	1140	
Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu
1145	1150	1155	
Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1160	1165	1170	
Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr
1175	1180	1185	
Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser
1190	1195	1200	
Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1205	1210	1215	
Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1220	1225	1230	
Gly Ser	Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1235	1240	1245	
Glu Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser
1250	1255	1260	
Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1265	1270	1275	
Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr
1280	1285	1290	
Ser Thr	Glu Glu Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1295	1300	1305	
Glu Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr
1310	1315	1320	
Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1325	1330	1335	
Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro

1340 1345 1350
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 1355 1360 1365
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
 1370 1375 1380
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
 1385 1390 1395
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu

1400 1405 1410
 Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 1415 1420 1425
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 1430 1435 1440
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 1445 1450

<210> 27

<211> 1744

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 27

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 35 40 45
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
 65 70 75 80
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly
 340 345 350
 Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 355 360 365
 Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 370 375 380

 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 385 390 395 400
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
 420 425 430
 Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser
 435 440 445

 Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 450 455 460
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 465 470 475 480
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln
 485 490 495
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser
 500 505 510

 Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Phe Thr Leu Ser
 515 520 525
 Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
 530 535 540
 Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser
 545 550 555 560
 Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 565 570 575

 Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val

580 585 590
 Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala
 595 600 605
 Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln
 610 615 620
 Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr
 625 630 635 640

 Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr
 645 650 655
 Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu
 660 665 670
 Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
 675 680 685
 Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly
 690 695 700

 Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu
 705 710 715 720
 Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
 725 730 735
 Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala
 740 745 750
 Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
 755 760 765

 Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 770 775 780
 Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
 785 790 795 800
 Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
 805 810 815
 Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala
 820 825 830

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu
 835 840 845
 Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Phe Gly Arg Asn Asp Asn His Glu Pro
 850 855 860
 Leu Glu Leu Gly Gly Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 865 870 875 880
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 885 890 895

 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 900 905 910
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 915 920 925
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 930 935 940
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
 945 950 955 960

 Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
 965 970 975
 Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
 980 985 990
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 995 1000 1005
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 1010 1015 1020

 Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 1025 1030 1035
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 1040 1045 1050
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 1055 1060 1065
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1070	1075	1080
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1085	1090	1095
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr
1100	1105	1110
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr Glu
1115	1120	1125
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1130	1135	1140
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1145	1150	1155
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1160	1165	1170
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala
1175	1180	1185
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1190	1195	1200
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala
1205	1210	1215
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr
1220	1225	1230
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr Glu
1235	1240	1245
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1250	1255	1260
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala
1265	1270	1275
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1280	1285	1290
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1295	1300	1305

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1310 1315 1320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1325 1330 1335

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1340 1345 1350

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1355 1360 1365

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1370 1375 1380

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1385 1390 1395

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
1400 1405 1410

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1415 1420 1425

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1430 1435 1440

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1445 1450 1455

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1460 1465 1470

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1475 1480 1485

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1490 1495 1500

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1505 1510 1515

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1520 1525 1530

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1535 1540 1545
 Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1550 1555 1560

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 1565 1570 1575
 Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 1580 1585 1590
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 1595 1600 1605
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1610 1615 1620

Glu Ser Gly Pro Gly Phe Thr Ala Asx Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 1625 1630 1635
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Pro Thr
 1640 1645 1650
 Glu Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 1655 1660 1665
 Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
 1670 1675 1680

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser
 1685 1690 1695
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 1700 1705 1710
 Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 1715 1720 1725
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu
 1730 1735 1740

Ala

<210> 28

<211> 2030

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 28

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro

130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn
290 295 300

Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
305 310 315 320

Pro Gly Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala
325 330 335

Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val
340 345 350

Asn Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys
355 360 365

Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg
370 375 380

Phe Ser Gly Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser
385 390 395 400

Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr
405 410 415

Thr Pro Pro Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala
420 425 430

Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr
435 440 445

Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu
450 455 460

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu

465 470 475 480
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp
 485 490 495

 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr
 500 505 510
 Pro Thr Asn Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
 515 520 525
 Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn
 530 535 540
 Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly
 545 550 555 560

 Gly Asp Gly Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
 565 570 575
 Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro
 580 585 590
 Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser
 595 600 605
 Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln
 610 615 620

 Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg
 625 630 635 640
 Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
 645 650 655
 Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr
 660 665 670
 Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
 675 680 685

 Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr
 690 695 700
 Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro
 705 710 715 720

Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln
725 730 735

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
740 745 750

Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
755 760 765

Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr
770 775 780

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
785 790 795 800

Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
805 810 815

Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val
820 825 830

Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
835 840 845

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
850 855 860

Glu Ala Ala Asn Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ser Ala Gly
865 870 875 880

Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
885 890 895

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
900 905 910

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
915 920 925

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
930 935 940

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
945 950 955 960

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

965					970					975					
Thr	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser
980					985					990					
Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala
995					1000					1005					
Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	
1010					1015					1020					
Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	
1025					1030					1035					
Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	
1040					1045					1050					
Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	
1055					1060					1065					
Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	
1070					1075					1080					
Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	
1085					1090					1095					
Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	
1100					1105					1110					
Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	
1115					1120					1125					
Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	
1130					1135					1140					
Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	
1145					1150					1155					
Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Pro	
1160					1165					1170					
Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	
1175					1180					1185					
Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	
1190					1195					1200					

Glu Thr	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1205	1210	1215	
Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser
1220	1225	1230	
Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
1235	1240	1245	
Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1250	1255	1260	
Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1265	1270	1275	
Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Ser Pro
1280	1285	1290	
Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
1295	1300	1305	
Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1310	1315	1320	
Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro
1325	1330	1335	
Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Glu
1340	1345	1350	
Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1355	1360	1365	
Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1370	1375	1380	
Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1385	1390	1395	
Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Ser Pro
1400	1405	1410	
Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1415	1420	1425	
Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu

1430	1435	1440
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1445	1450	1455
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Glu
1460	1465	1470
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1475	1480	1485
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser
1490	1495	1500
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1505	1510	1515
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Ser Pro
1520	1525	1530
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1535	1540	1545
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser
1550	1555	1560
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1565	1570	1575
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Ser Pro
1580	1585	1590
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
1595	1600	1605
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1610	1615	1620
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1625	1630	1635
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Glu
1640	1645	1650
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr
1655	1660	1665

Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser
1670	1675	1680	
Thr Glu	Glu Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1685	1690	1695	
Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Ser Glu
1700	1705	1710	
Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1715	1720	1725	
Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1730	1735	1740	
Ser Ala	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu
1745	1750	1755	
Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser
1760	1765	1770	
Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1775	1780	1785	
Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1790	1795	1800	
Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1805	1810	1815	
Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Glu
1820	1825	1830	
Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr
1835	1840	1845	
Ser Gly	Ser Thr Glu Thr Pro	Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr
1850	1855	1860	
Ser Thr	Glu Glu Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1865	1870	1875	
Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr
1880	1885	1890	
Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Ser	Pro Ala Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1910 1915 1920

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ala Thr Glu Ser Pro Glu Gly Ser Ala

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Ala Glu

1955 1960 1965

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1970 1975 1980

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1985 1990 1995

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2000 2005 2010

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser

2015 2020 2025

Ala Ser

2030

<210> 29

<211> 1450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 29

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser Glu Ser

1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

20 25 30

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

35 40 45

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 50 55 60
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser Gly Ser
 65 70 75 80
 Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 85 90 95
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 100 105 110

 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
 115 120 125
 Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 130 135 140
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 145 150 155 160
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 165 170 175

 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 180 185 190
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 195 200 205
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
 210 215 220
 Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 225 230 235 240

 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 245 250 255
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 260 265 270
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 275 280 285
 Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Ala Asn Ala Thr

290 295 300
 Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 305 310 315 320
 Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val
 325 330 335
 Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile
 340 345 350
 Gly Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu
 355 360 365

 Ile Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser
 370 375 380
 Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln
 385 390 395 400
 Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro
 405 410 415
 Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro
 420 425 430

 Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly
 435 440 445
 Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu
 450 455 460
 Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
 465 470 475 480
 Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg
 485 490 495

 Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro Asn
 500 505 510
 Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Phe Thr Leu
 515 520 525
 Ser Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu
 530 535 540

Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro
545 550 555 560

Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
565 570 575

Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
580 585 590

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly
595 600 605

Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
610 615 620

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly
625 630 635 640

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu
645 650 655

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala
660 665 670

Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
675 680 685

Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro
690 695 700

Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly
705 710 715 720

Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
725 730 735

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr
740 745 750

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
755 760 765

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
770 775 780

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

785 790 795 800
Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
805 810 815

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe
820 825 830
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala
835 840 845
Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Ala
850 855 860
Asn Ala Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Thr Pro Glu Ser Gly Pro
865 870 875 880

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
885 890 895
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
900 905 910
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
915 920 925
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
930 935 940

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
945 950 955 960
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
965 970 975
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
980 985 990
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
995 1000 1005

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1010 1015 1020
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1025 1030 1035

Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala
1040	1045	1050	
Thr Ser	Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1055	1060	1065	
Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr
1070	1075	1080	
Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Thr
1085	1090	1095	
Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1100	1105	1110	
Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr
1115	1120	1125	
Ser Thr	Glu Glu Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1130	1135	1140	
Glu Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1145	1150	1155	
Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu
1160	1165	1170	
Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1175	1180	1185	
Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr
1190	1195	1200	
Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser
1205	1210	1215	
Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1220	1225	1230	
Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1235	1240	1245	
Gly Ser	Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1250	1255	1260	
Glu Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser

1265 1270 1275
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 1280 1285 1290
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 1295 1300 1305

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 1310 1315 1320
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 1325 1330 1335
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 1340 1345 1350
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1355 1360 1365

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 1370 1375 1380
 Pro Gly Ser Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
 1385 1390 1395
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
 1400 1405 1410
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 1415 1420 1425

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 1430 1435 1440
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 1445 1450

<210> 30

<211> 2022

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 30

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 20 25 30

 Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 35 40 45
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 50 55 60
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 65 70 75 80
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 85 90 95

 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
 100 105 110
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 115 120 125
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 130 135 140
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
 145 150 155 160

 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 165 170 175
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 180 185 190
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 195 200 205
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 210 215 220

 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 225 230 235 240
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 275 280 285

 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 325 330 335
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350

 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 370 375 380
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 405 410 415

 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 420 425 430
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 465 470 475 480

 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 515 520 525
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
 530 535 540

 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 545 550 555 560
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 565 570 575
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 580 585 590
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 595 600 605

 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 610 615 620
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 625 630 635 640
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 645 650 655
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 660 665 670

 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 675 680 685
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 690 695 700
 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 705 710 715 720
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 725 730 735

 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
770 775 780
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
805 810 815
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
820 825 830
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
850 855 860

Thr Thr Ala Arg Ala Gly Ser Ala Glu Asn Leu Ser Pro Ser Gly Leu
865 870 875 880
Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Asp Ile Gln
885 890 895
Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val
900 905 910
Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly Val Ala Trp
915 920 925

Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala
930 935 940
Ser Tyr Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
945 950 955 960
Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe
965 970 975
Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly
980 985 990

Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly

995	1000	1005
Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly	Glu Thr Thr Gly Gly	Ser Ala Glu
1010	1015	1020
Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly	Glu Val Gln Leu Val	Glu Ser Gly
1025	1030	1035
Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly	Gly Ser Leu Arg Leu	Ser Cys Ala
1040	1045	1050
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr	Asp Tyr Thr Met Asp	Trp Val Arg
1055	1060	1065
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu	Glu Trp Val Ala Asp	Val Asn Pro
1070	1075	1080
Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr	Asn Gln Arg Phe Lys	Gly Arg Phe
1085	1090	1095
Thr Leu Ser Val Asp Arg Ser	Lys Asn Thr Leu Tyr	Leu Gln Met
1100	1105	1110
Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp	Thr Ala Val Tyr Tyr	Cys Ala Arg
1115	1120	1125
Asn Leu Gly Pro Ser Phe Tyr	Phe Asp Tyr Trp Gly	Gln Gly Thr
1130	1135	1140
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly	Gly Gly Ser Glu Leu	Val Val Thr
1145	1150	1155
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val	Ser Pro Gly Gly Thr	Val Thr Leu
1160	1165	1170
Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly	Ala Val Thr Ser Ser	Asn Tyr Ala
1175	1180	1185
Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro	Gly Gln Ala Pro Arg	Gly Leu Ile
1190	1195	1200
Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala	Pro Gly Thr Pro Ala	Arg Phe Ser
1205	1210	1215
Gly Ser Ser Leu Gly Gly Lys	Ala Ala Leu Thr Leu	Ser Gly Val
1220	1225	1230

Gln Pro	Glu Asp	Glu Ala	Val Tyr	Tyr Tyr	Cys Ala	Leu Trp	Tyr Pro
1235			1240			1245	
Asn Leu	Trp Val	Phe Gly	Gly Gly	Gly Thr	Lys Leu	Thr Val	Leu Gly
1250			1255			1260	
Ala Thr	Pro Pro	Glu Thr	Gly Ala	Glu Thr	Glu Ser	Pro Gly	Glu
1265			1270			1275	
Thr Thr	Gly Gly	Ser Ala	Glu Ser	Glu Pro	Pro Gly	Glu Gly	Glu
1280			1285			1290	
Val Gln	Leu Gln	Glu Ser	Gly Gly	Gly Ile	Val Gln	Pro Gly	Gly
1295			1300			1305	
Ser Leu	Lys Leu	Ser Cys	Ala Ala	Ser Gly	Phe Thr	Phe Asn	Thr
1310			1315			1320	
Tyr Ala	Met Asn	Trp Val	Arg Gln	Ala Pro	Gly Lys	Gly Leu	Glu
1325			1330			1335	
Trp Val	Ala Arg	Ile Arg	Ser Lys	Tyr Asn	Asn Tyr	Ala Thr	Tyr
1340			1345			1350	
Tyr Ala	Asp Ser	Val Lys	Asp Arg	Phe Thr	Ile Ser	Arg Asp	Asp
1355			1360			1365	
Ser Lys	Asn Thr	Val Tyr	Leu Gln	Met Asn	Asn Leu	Lys Thr	Glu
1370			1375			1380	
Asp Thr	Ala Val	Tyr Tyr	Cys Val	Arg His	Glu Asn	Phe Gly	Asn
1385			1390			1395	
Ser Tyr	Val Ser	Trp Phe	Ala His	Trp Gly	Gln Gly	Thr Leu	Val
1400			1405			1410	
Thr Val	Ser Ser	Gly Thr	Ala Glu	Ala Ala	Ser Ala	Ser Gly	Thr
1415			1420			1425	
Thr Ala	Arg Ala	Gly Ser	Ala Glu	Asn Leu	Ser Pro	Ser Gly	Leu
1430			1435			1440	
Thr Gly	Pro Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro	Ser
1445			1450			1455	
Glu Gly	Ser Ala	Pro Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser

1460	1465	1470
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1475	1480	1485
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro		
1490	1495	1500
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
1505	1510	1515
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1520	1525	1530
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
1535	1540	1545
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala		
1550	1555	1560
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
1565	1570	1575
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu		
1580	1585	1590
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
1595	1600	1605
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
1610	1615	1620
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
1625	1630	1635
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1640	1645	1650
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1655	1660	1665
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala		
1670	1675	1680
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
1685	1690	1695

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1700 1705 1710

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
1715 1720 1725

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1730 1735 1740

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1745 1750 1755

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1760 1765 1770

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1775 1780 1785

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1790 1795 1800

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1805 1810 1815

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1820 1825 1830

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1835 1840 1845

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1850 1855 1860

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1865 1870 1875

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
1880 1885 1890

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Ser Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1895 1900 1905

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1910 1915 1920

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1925				1930				1935						
Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu
1940				1945				1950						
Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly
1955				1960				1965						
Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Ser	Pro	Ala
1970				1975				1980						
Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser
1985				1990				1995						
Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser
2000				2005				2010						

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Gly Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 850 855 860
 Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Glu Gly Ala Thr Ser Ala Gly Ala

 865 870 875 880
 Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Asp Ile Gln
 885 890 895
 Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val
 900 905 910
 Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly Val Ala Trp
 915 920 925
 Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala

 930 935 940
 Ser Tyr Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
 945 950 955 960
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe
 965 970 975
 Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly
 980 985 990
 Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly

 995 1000 1005
 Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu
 1010 1015 1020
 Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
 1025 1030 1035
 Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 1040 1045 1050
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg

 1055 1060 1065
 Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro
 1070 1075 1080

Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr	Asn Gln Arg Phe Lys	Gly Arg Phe
1085	1090	1095
Thr Leu Ser Val Asp Arg Ser	Lys Asn Thr Leu Tyr	Leu Gln Met
1100	1105	1110
Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp	Thr Ala Val Tyr Tyr	Cys Ala Arg
1115	1120	1125
Asn Leu Gly Pro Ser Phe Tyr	Phe Asp Tyr Trp Gly	Gln Gly Thr
1130	1135	1140
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly	Gly Gly Ser Glu Leu	Val Val Thr
1145	1150	1155
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val	Ser Pro Gly Gly Thr	Val Thr Leu
1160	1165	1170
Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly	Ala Val Thr Thr Ser	Asn Tyr Ala
1175	1180	1185
Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro	Gly Gln Ala Pro Arg	Gly Leu Ile
1190	1195	1200
Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala	Pro Gly Thr Pro Ala	Arg Phe Ser
1205	1210	1215
Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys	Ala Ala Leu Thr Leu	Ser Gly Val
1220	1225	1230
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu	Tyr Tyr Cys Ala Leu	Trp Tyr Ser
1235	1240	1245
Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly	Gly Thr Lys Leu Thr	Val Leu Gly
1250	1255	1260
Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly	Ala Glu Thr Glu Ser	Pro Gly Glu
1265	1270	1275
Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu	Ser Glu Pro Pro Gly	Glu Gly Glu
1280	1285	1290
Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly	Gly Gly Leu Val Gln	Pro Gly Gly
1295	1300	1305
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala	Ala Ser Gly Phe Thr	Phe Asn Thr

1310	1315	1320
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg	Gln Ala Pro Gly Lys	Gly Leu Glu
1325	1330	1335
Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser	Lys Tyr Asn Asn Tyr	Ala Thr Tyr
1340	1345	1350
Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp	Arg Phe Thr Ile Ser	Arg Asp Asp

1355	1360	1365
Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu	Gln Met Asn Asn Leu	Lys Thr Glu
1370	1375	1380
Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys	Val Arg His Gly Asn	Phe Gly Asn
1385	1390	1395
Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala	Tyr Trp Gly Gln Gly	Thr Leu Val
1400	1405	1410
Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala	Glu Ala Ala Ser Ala	Ser Gly Thr

1415	1420	1425
Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala	Glu Gly Ala Thr Ser	Ala Gly Ala
1430	1435	1440
Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1445	1450	1455
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Thr
1460	1465	1470
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Ser	Pro Ala Gly

1475	1480	1485
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1490	1495	1500
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala
1505	1510	1515
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser
1520	1525	1530
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Ser	Glu Pro Ala

1535	1540	1545

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr		
1550	1555	1560
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1565	1570	1575
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr		
1580	1585	1590
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly		
1595	1600	1605
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu		
1610	1615	1620
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala		
1625	1630	1635
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr		
1640	1645	1650
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
1655	1660	1665
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly		
1670	1675	1680
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala		
1685	1690	1695
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr		
1700	1705	1710
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
1715	1720	1725
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr		
1730	1735	1740
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1745	1750	1755
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr		
1760	1765	1770
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu		

1775	1780	1785
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu		
1790	1795	1800
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala		
1805	1810	1815
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr		
1820	1825	1830
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu		
1835	1840	1845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr		
1850	1855	1860
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala		
1865	1870	1875
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser		
1880	1885	1890
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
1895	1900	1905
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly		
1910	1915	1920
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1925	1930	1935
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr		
1940	1945	1950
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly		
1955	1960	1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr		
1970	1975	1980
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu		
1985	1990	1995
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr		
2000	2005	2010

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2015 2020 2025

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2030 2035 2040

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

2075 2080 2085

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2090 2095 2100

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2105 2110 2115

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

2135 2140 2145

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2150 2155 2160

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2180 2185 2190

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2195 2200 2205

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2210 2215 2220

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2225 2230 2235

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

2240 2245 2250
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr

2255 2260 2265
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2270 2275 2280
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2285 2290 2295
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2300 2305 2310

<210> 32

<211> 1751

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 32

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro
130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

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

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Arg Ser Gly Glu Gly Ala Asn
290 295 300

Ala Thr Pro Ser Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
305 310 315 320

Pro Gly Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala
325 330 335

Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val
340 345 350

Asn Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys
355 360 365

Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg

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

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg
625 630 635 640

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
645 650 655

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
660 665 670

Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
675 680 685

Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr
690 695 700

Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro
705 710 715 720

Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
725 730 735

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
740 745 750

Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
755 760 765

Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr
770 775 780

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
785 790 795 800

Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
805 810 815

Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val
820 825 830

Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
835 840 845

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Pro Thr Gly Arg Ser Gly
850 855 860

Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Ser Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

865				870				875				880			
Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala
				885				890				895			
Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser
				900				905				910			
Ala	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr
				915				920				925			
Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro
				930				935				940			
Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser
945				950				955				960			
Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser
				965				970				975			
Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser
				980				985				990			
Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser
				995				1000				1005			
Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	
1010				1015				1020							
Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	
1025				1030				1035							
Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	
1040				1045				1050							
Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	
1055				1060				1065							
Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	
1070				1075				1080							
Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	
1085				1090				1095							
Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	
1100				1105				1110							

Gly Ser	Glu Thr	Pro Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser
1115			1120			1125	
Ala Pro	Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro	Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly
1130			1135			1140	
Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Thr Ser	Glu
1145			1150			1155	
Ser Ala	Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro
1160			1165			1170	
Thr Ser	Thr Glu	Glu Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser
1175			1180			1185	
Gly Pro	Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser Glu	Thr Pro	Gly
1190			1195			1200	
Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Thr Ser	Thr
1205			1210			1215	
Glu Pro	Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro	Ser
1220			1225			1230	
Glu Gly	Ser Ala	Pro Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser
1235			1240			1245	
Ala Pro	Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro	Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly
1250			1255			1260	
Thr Ser	Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser Ala	Pro Gly	Thr Ser	Thr
1265			1270			1275	
Glu Pro	Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro
1280			1285			1290	
Thr Ser	Thr Glu	Glu Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser
1295			1300			1305	
Ala Pro	Gly Thr	Ser Glu	Ser Ala	Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly
1310			1315			1320	
Ser Glu	Pro Ala	Thr Ser	Gly Ser	Ser Glu	Thr Pro	Gly Thr	Ser
1325			1330			1335	
Ser Ala	Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser

1340	1345	1350
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1355	1360	1365
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1370	1375	1380
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala		
1385	1390	1395
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
1400	1405	1410
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
1415	1420	1425
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
1430	1435	1440
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu		
1445	1450	1455
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser		
1460	1465	1470
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1475	1480	1485
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
1490	1495	1500
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr		
1505	1510	1515
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
1520	1525	1530
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1535	1540	1545
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
1550	1555	1560
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala		
1565	1570	1575

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 1580 1585 1590
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 1595 1600 1605
 Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 1610 1615 1620

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Phe Thr Ala
 1625 1630 1635
 Asx Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 1640 1645 1650
 Pro Ala Thr Ser Gly Pro Thr Glu Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 1655 1660 1665
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 1670 1675 1680

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 1685 1690 1695
 Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
 1700 1705 1710
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 1715 1720 1725
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1730 1735 1740

Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu Ala
 1745 1750

<210> 33

<211> 1447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 33

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
 1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 35 40 45

 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 50 55 60
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
 65 70 75 80
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 85 90 95
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 100 105 110

 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 130 135 140
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 165 170 175

 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240

 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 245 250 255
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

260 265 270
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 275 280 285
 Pro Gly Gly Ser Ala Pro Leu Gly Gly Arg Ala Asp Asn His Glu Pro
 290 295 300

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

 Tyr Ser Ala Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 370 375 380
 Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 385 390 395 400
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro
 405 410 415
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
 420 425 430

 Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser
 435 440 445
 Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 450 455 460
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 465 470 475 480
 Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln
 485 490 495

 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Asn
 500 505 510

Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser
515 520 525

Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
530 535 540

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly Gly Asp Gly
545 550 555 560

Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
565 570 575

Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
580 585 590

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly
595 600 605

Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
610 615 620

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly
625 630 635 640

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
645 650 655

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
660 665 670

Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
675 680 685

Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro
690 695 700

Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly
705 710 715 720

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly
725 730 735

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr
740 745 750

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

755	760	765	
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp			
770	775	780	
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr			
785	790	795	800
Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr			
805	810	815	
Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe			
820	825	830	
Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala			
835	840	845	
Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Gly Gly Arg Ala Asp Asn His Glu			
850	855	860	
Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser			
865	870	875	880
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro			
885	890	895	
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly			
900	905	910	
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser			
915	920	925	
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser			
930	935	940	
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala			
945	950	955	960
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser			
965	970	975	
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser			
980	985	990	
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala			
995	1000	1005	

Pro Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	
1010					1015					1020				
Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser
1025					1030					1035				
Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly
1040					1045					1050				
Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly
1055					1060					1065				
Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr
1070					1075					1080				
Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu
1085					1090					1095				
Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro
1100					1105					1110				
Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu
1115					1120					1125				
Glu	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Ser
1130					1135					1140				
Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser
1145					1150					1155				
Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu
1160					1165					1170				
Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly
1175					1180					1185				
Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr
1190					1195					1200				
Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala
1205					1210					1215				
Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro
1220					1225					1230				
Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala

1235	1240	1245
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1250	1255	1260
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala
1265	1270	1275
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1280	1285	1290
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1295	1300	1305
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1310	1315	1320
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1325	1330	1335
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1340	1345	1350
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1355	1360	1365
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Ser
1370	1375	1380
Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Ser	Pro Ala Gly
1385	1390	1395
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1400	1405	1410
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala
1415	1420	1425
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr
1430	1435	1440
Ser Glu Ser Ala		
1445		
<210> 34		
<211> 1453		

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 34

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

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

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
465 470 475 480

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln
485 490 495

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser
500 505 510

Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Phe Thr Leu Ser
515 520 525

Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
530 535 540

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser
545 550 555 560

Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
565 570 575

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
580 585 590

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly
595 600 605

Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
610 615 620

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly
625 630 635 640

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
645 650 655

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
660 665 670

Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
675 680 685

Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro
690 695 700

Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly

705 710 715 720
 Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly
 725 730 735

 Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr
 740 745 750
 Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 755 760 765
 Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 770 775 780
 Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 785 790 795 800

 Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 805 810 815
 Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe
 820 825 830
 Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala
 835 840 845
 Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Thr
 850 855 860

 Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 865 870 875 880
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 885 890 895
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 900 905 910
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 915 920 925

 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 930 935 940
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 945 950 955 960

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

965

970

975

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

980

985

990

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

995

1000

1005

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1010

1015

1020

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1025

1030

1035

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1040

1045

1050

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1055

1060

1065

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1070

1075

1080

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1085

1090

1095

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1100

1105

1110

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1115

1120

1125

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1130

1135

1140

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1145

1150

1155

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1160

1165

1170

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1175

1180

1185

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1190	1195	1200
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1205	1210	1215
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1220	1225	1230
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Glu
1235	1240	1245
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
1250	1255	1260
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1265	1270	1275
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
1280	1285	1290
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Thr
1295	1300	1305
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1310	1315	1320
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1325	1330	1335
Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1340	1345	1350
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Ser Glu Pro
1355	1360	1365
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
1370	1375	1380
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1385	1390	1395
Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1400	1405	1410
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Thr Ser Glu
1415	1420	1425

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1430 1435 1440

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu Ala
1445 1450

<210> 35

<211> 1452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 35

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

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

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro Gly Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu Pro
290 295 300

Leu Glu Leu Gly Ala Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
305 310 315 320

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
325 330 335

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly
340 345 350

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
355 360 365

Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly
370 375 380

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
385 390 395 400

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr
405 410 415

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro

420 425 430
Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser

435 440 445
Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu Val Gln Ser

450 455 460
Gly Val Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys

465 470 475 480
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln

485 490 495
Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser

500 505 510
Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr

515 520 525
Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu Lys Ser Leu Gln

530 535 540
Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser

545 550 555 560
Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

565 570 575
Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val

580 585 590
Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala

595 600 605
Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln

610 615 620
Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr

625 630 635 640
Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu Thr

645 650 655
Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu

660 665 670

Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
 675 680 685
 Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly
 690 695 700
 Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu

 705 710 715 720
 Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
 725 730 735
 Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala
 740 745 750
 Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
 755 760 765
 Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

 770 775 780
 Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
 785 790 795 800
 Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
 805 810 815
 Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala
 820 825 830
 Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu

 835 840 845
 Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu Pro
 850 855 860
 Leu Glu Leu Gly Ala Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 865 870 875 880
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 885 890 895
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

 900 905 910
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

915 920 925
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 930 935 940
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 945 950 955 960
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

 965 970 975
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 980 985 990
 Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
 995 1000 1005
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1010 1015 1020
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

 1025 1030 1035
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 1040 1045 1050
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 1055 1060 1065
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 1070 1075 1080
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

 1085 1090 1095
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
 1100 1105 1110
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
 1115 1120 1125
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1130 1135 1140
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

 1145 1150 1155

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser		
1160	1165	1170
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
1175	1180	1185
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly		
1190	1195	1200
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1205	1210	1215
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser		
1220	1225	1230
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser		
1235	1240	1245
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly		
1250	1255	1260
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1265	1270	1275
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser		
1280	1285	1290
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu		
1295	1300	1305
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro		
1310	1315	1320
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly		
1325	1330	1335
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser		
1340	1345	1350
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala		
1355	1360	1365
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr		
1370	1375	1380
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala		

1385 1390 1395
Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1400 1405 1410
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1415 1420 1425
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1430 1435 1440
Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu Ala
1445 1450

<210> 36

<211> 2593

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 36

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 20 25 30
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 85 90 95
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
 100 105 110
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Ser Pro

115 120 125
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
 145 150 155 160
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 165 170 175
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 195 200 205
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 210 215 220
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 225 230 235 240
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 275 280 285
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 325 330 335
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 405 410 415
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 420 425 430
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 465 470 475 480
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 515 520 525
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
 530 535 540
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 545 550 555 560
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 565 570 575
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 580 585 590
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 595 600 605
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 610 615 620
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 645 650 655
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 660 665 670
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 675 680 685
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

 690 695 700
 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 705 710 715 720
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 725 730 735
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 740 745 750
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

 755 760 765
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
 770 775 780
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 785 790 795 800
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 805 810 815
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

 820 825 830
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 835 840 845
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 850 855 860
 Ala Ser Gly Arg Ala Ala Asn Glu Thr Pro Pro Gly Leu Thr Gly Ala
 865 870 875 880

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

885 890 895

Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser

900 905 910

Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly Val Ala Trp Tyr Gln Gln

915 920 925

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg

930 935 940

Tyr Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

945 950 955 960

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

965 970 975

Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr

980 985 990

Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr

995 1000 1005

Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro

1010 1015 1020

Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Val Glu Val

1025 1030 1035

Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly

1040 1045 1050

Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro

1055 1060 1065

Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser Gly

1070 1075 1080

Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr

1085 1090 1095

Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu Lys Ser Leu

1100 1105 1110

Gln Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly

1115 1120 1125
Pro Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

1130 1135 1140
Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro

1145 1150 1155
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg

1160 1165 1170
Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val

1175 1180 1185
Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

1190 1195 1200
Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser

1205 1210 1215
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu

1220 1225 1230
Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp

1235 1240 1245
Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro

1250 1255 1260
Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly

1265 1270 1275
Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu

1280 1285 1290
Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

1295 1300 1305
Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met

1310 1315 1320
Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

1325 1330 1335
Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

1340 1345 1350

Ser Val	Lys Asp Arg Phe Thr	Ile Ser Arg Asp Asp	Ser Lys Asn
1355	1360	1365	
Thr Val	Tyr Leu Gln Met Asn	Asn Leu Lys Thr Glu	Asp Thr Ala
1370	1375	1380	
Val Tyr	Tyr Cys Val Arg His	Glu Asn Phe Gly Asn	Ser Tyr Val
1385	1390	1395	
Ser Trp	Phe Ala His Trp Gly	Gln Gly Thr Leu Val	Thr Val Ser
1400	1405	1410	
Ser Gly	Thr Ala Glu Ala Ala	Ser Ala Ser Gly Ala	Ser Gly Arg
1415	1420	1425	
Ala Ala	Asn Glu Thr Pro Pro	Gly Leu Thr Gly Ala	Ser Ala Gly
1430	1435	1440	
Ser Pro	Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
1445	1450	1455	
Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr
1460	1465	1470	
Glu Pro	Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
1475	1480	1485	
Thr Ser	Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1490	1495	1500	
Ala Pro	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1505	1510	1515	
Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro
1520	1525	1530	
Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
1535	1540	1545	
Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
1550	1555	1560	
Glu Glu	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1565	1570	1575	
Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr

1580 1585 1590
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 1595 1600 1605
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1610 1615 1620
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 1625 1630 1635
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 1640 1645 1650
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 1655 1660 1665
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1670 1675 1680
 Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 1685 1690 1695
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 1700 1705 1710
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 1715 1720 1725
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1730 1735 1740
 Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 1745 1750 1755
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 1760 1765 1770
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 1775 1780 1785
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1790 1795 1800
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 1805 1810 1815

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
1820	1825	1830
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
1835	1840	1845
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
1850	1855	1860
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
1865	1870	1875
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro		
1880	1885	1890
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
1895	1900	1905
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu		
1910	1915	1920
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
1925	1930	1935
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu		
1940	1945	1950
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
1955	1960	1965
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
1970	1975	1980
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly		
1985	1990	1995
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr		
2000	2005	2010
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
2015	2020	2025
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu		
2030	2035	2040
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		

2045	2050	2055
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu		
2060	2065	2070
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
2075	2080	2085
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
2090	2095	2100
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
2105	2110	2115
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu		
2120	2125	2130
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
2135	2140	2145
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
2150	2155	2160
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
2165	2170	2175
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu		
2180	2185	2190
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
2195	2200	2205
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu		
2210	2215	2220
Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
2225	2230	2235
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr		
2240	2245	2250
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
2255	2260	2265
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu		
2270	2275	2280

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
2285	2290	2295
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Ser Pro Ala
2300	2305	2310
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
2315	2320	2325
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
2330	2335	2340
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
2345	2350	2355
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr
2360	2365	2370
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
2375	2380	2385
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu
2390	2395	2400
Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Thr	Glu Thr Pro
2405	2410	2415
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Thr Ser
2420	2425	2430
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
2435	2440	2445
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
2450	2455	2460
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu
2465	2470	2475
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ala
2480	2485	2490
Thr Glu Ser Pro Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
2495	2500	2505
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly

2510 2515 2520
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Ala Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 2525 2530 2535
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 2540 2545 2550
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 2555 2560 2565
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2570 2575 2580
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser
 2585 2590

<210> 37

<211> 2881

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 37

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 1 5 10 15
 Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 35 40 45
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 50 55 60
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 65 70 75 80
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
 85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 100 105 110
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

115 120 125
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 130 135 140
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 145 150 155 160

 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 165 170 175
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 180 185 190
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 195 200 205
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 210 215 220

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 225 230 235 240
 Gly Ser Thr Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 245 250 255
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 260 265 270
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 275 280 285

 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 290 295 300
 Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 305 310 315 320
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 325 330 335
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 340 345 350

 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 355 360 365

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
370 375 380

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
385 390 395 400

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
405 410 415

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
420 425 430

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
435 440 445

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
450 455 460

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
465 470 475 480

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
485 490 495

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
500 505 510

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
515 520 525

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
530 535 540

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
545 550 555 560

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
565 570 575

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
580 585 590

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
595 600 605

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

610 615 620
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 625 630 635 640
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 645 650 655
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 660 665 670

 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 675 680 685
 Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 690 695 700
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 705 710 715 720
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 725 730 735

 Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 740 745 750
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 755 760 765
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 770 775 780
 Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
 785 790 795 800

 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 805 810 815
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 820 825 830
 Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 835 840 845
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 850 855 860

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
865 870 875 880
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
885 890 895
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
900 905 910
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
915 920 925

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
930 935 940
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
945 950 955 960
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
965 970 975
Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
980 985 990

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
995 1000 1005
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1010 1015 1020
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1025 1030 1035
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1040 1045 1050

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1055 1060 1065
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1070 1075 1080
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1085 1090 1095
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1100	1105	1110
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
1115	1120	1125
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu
1130	1135	1140
Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser	Ala Ser Glu Ser Gly	Arg Ala Ala
1145	1150	1155
Asn Thr Gly Pro Pro Thr Leu	Thr Ala Pro Ala Thr	Ser Gly Ser
1160	1165	1170
Glu Thr Pro Gly Thr Asp Ile	Gln Met Thr Gln Ser	Pro Ser Ser
1175	1180	1185
Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp	Arg Val Thr Ile Thr	Cys Lys Ala
1190	1195	1200
Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly	Val Ala Trp Tyr Gln	Gln Lys Pro
1205	1210	1215
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu	Ile Tyr Ser Ala Ser	Tyr Arg Tyr
1220	1225	1230
Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe	Ser Gly Ser Gly Ser	Gly Thr Asp
1235	1240	1245
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser	Leu Gln Pro Glu Asp	Phe Ala Thr
1250	1255	1260
Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr	Ile Tyr Pro Tyr Thr	Phe Gly Gln
1265	1270	1275
Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys	Gly Ala Thr Pro Pro	Glu Thr Gly
1280	1285	1290
Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly	Glu Thr Thr Gly Gly	Ser Ala Glu
1295	1300	1305
Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly	Glu Val Gln Leu Val	Glu Ser Gly
1310	1315	1320
Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly	Gly Ser Leu Arg Leu	Ser Cys Ala
1325	1330	1335

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg
1340 1345 1350

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro
1355 1360 1365

Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Phe
1370 1375 1380

Thr Leu Ser Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met
1385 1390 1395

Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
1400 1405 1410

Asn Leu Gly Pro Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
1415 1420 1425

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr
1430 1435 1440

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
1445 1450 1455

Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala
1460 1465 1470

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile
1475 1480 1485

Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser
1490 1495 1500

Gly Ser Ser Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
1505 1510 1515

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro
1520 1525 1530

Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
1535 1540 1545

Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu
1550 1555 1560

Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu

1565	1570	1575
Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly		
1580	1585	1590
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr		
1595	1600	1605
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu		
1610	1615	1620
Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr		
1625	1630	1635
Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp		
1640	1645	1650
Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu		
1655	1660	1665
Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn		
1670	1675	1680
Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val		
1685	1690	1695
Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu		
1700	1705	1710
Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Gly Pro Pro Thr Leu Thr Ala Pro		
1715	1720	1725
Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
1730	1735	1740
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
1745	1750	1755
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala		
1760	1765	1770
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
1775	1780	1785
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1790	1795	1800

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1805	1810	1815
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Ser Glu Pro
1820	1825	1830
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
1835	1840	1845
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1850	1855	1860
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1865	1870	1875
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Ser Pro Ala
1880	1885	1890
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
1895	1900	1905
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1910	1915	1920
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1925	1930	1935
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu
1940	1945	1950
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
1955	1960	1965
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1970	1975	1980
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1985	1990	1995
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Glu
2000	2005	2010
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
2015	2020	2025
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser

2030	2035	2040
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
2045	2050	2055
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr		
2060	2065	2070
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
2075	2080	2085
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
2090	2095	2100
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
2105	2110	2115
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
2120	2125	2130
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
2135	2140	2145
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
2150	2155	2160
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
2165	2170	2175
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu		
2180	2185	2190
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser		
2195	2200	2205
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
2210	2215	2220
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
2225	2230	2235
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala		
2240	2245	2250
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
2255	2260	2265

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
2270	2275	2280
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
2285	2290	2295
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu
2300	2305	2310
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
2315	2320	2325
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
2330	2335	2340
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly
2345	2350	2355
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr
2360	2365	2370
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
2375	2380	2385
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
2390	2395	2400
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly
2405	2410	2415
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Pro Ala
2420	2425	2430
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
2435	2440	2445
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
2450	2455	2460
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
2465	2470	2475
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Glu
2480	2485	2490
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser

2495	2500	2505
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu
2510	2515	2520
Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
2525	2530	2535
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr
2540	2545	2550
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
2555	2560	2565
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
2570	2575	2580
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
2585	2590	2595
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Glu
2600	2605	2610
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
2615	2620	2625
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
2630	2635	2640
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
2645	2650	2655
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Glu
2660	2665	2670
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
2675	2680	2685
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Thr
2690	2695	2700
Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu
2705	2710	2715
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser
2720	2725	2730

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 2735 2740 2745
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 2750 2755 2760
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 2765 2770 2775
 Gly Thr Ala Thr Glu Ser Pro Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 2780 2785 2790

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 2795 2800 2805
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Ala Glu Ser Ala Thr Pro
 2810 2815 2820
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 2825 2830 2835
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 2840 2845 2850

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 2855 2860 2865
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser
 2870 2875 2880

<210> 38

<211> 1446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 38

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Thr Glu Pro Ser
 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro
130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

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

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro Ala Ser Gly Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro

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

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

 405 410 415
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
 420 425 430
 Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser
 435 440 445
 Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu Val Gln Ser
 450 455 460
 Gly Val Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys

 465 470 475 480
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln
 485 490 495
 Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser
 500 505 510
 Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr
 515 520 525
 Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu Lys Ser Leu Gln

 530 535 540

Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser
 545 550 555 560
 Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 565 570 575
 Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val
 580 585 590
 Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala
 595 600 605
 Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln
 610 615 620
 Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr
 625 630 635 640
 Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr
 645 650 655
 Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu
 660 665 670
 Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
 675 680 685
 Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly
 690 695 700
 Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu
 705 710 715 720
 Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
 725 730 735
 Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala
 740 745 750
 Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
 755 760 765
 Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 770 775 780
 Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

785	790										795					800				
Tyr	Leu	Gln	Met	Asn	Asn	Leu	Lys	Thr	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr					
				805					810					815						
Cys	Val	Arg	His	Gly	Asn	Phe	Gly	Asn	Ser	Tyr	Val	Ser	Trp	Phe	Ala					
				820					825					830						
Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Thr	Ala	Glu					
				835					840					845						
Ala	Ala	Ser	Ala	Ser	Gly	Ala	Ser	Gly	Arg	Gly	Thr	Asn	Ala	Gly	Pro					
				850					855					860						
Ala	Gly	Leu	Thr	Gly	Pro	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu					
865				870					875					880						
Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu					
				885					890					895						
Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly					
				900					905					910						
Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala					
				915					920					925						
Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly					
930				935					940											
Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly					
945				950					955					960						
Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser					
				965					970					975						
Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser					
				980					985					990						
Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly					
995				1000					1005											
Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu						
1010				1015					1020											
Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser						
1025				1030					1035											

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1040

1045

1050

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1055

1060

1065

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1070

1075

1080

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1085

1090

1095

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1100

1105

1110

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1115

1120

1125

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1130

1135

1140

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1145

1150

1155

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1160

1165

1170

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1175

1180

1185

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1190

1195

1200

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1205

1210

1215

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1220

1225

1230

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1235

1240

1245

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1250

1255

1260

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1265 1270 1275
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1280 1285 1290
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1295 1300 1305
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1310 1315 1320
Ser Ala Ser Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1325 1330 1335
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1340 1345 1350
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1355 1360 1365
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1370 1375 1380
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1385 1390 1395
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1400 1405 1410
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1415 1420 1425
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

1430 1435 1440
Ser Ala Thr

1445

<210> 39

<211> 2024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 39

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro

130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

245 250 255
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

260 265 270
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

275 280 285
Pro Gly Gly Ser Ala Pro Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Thr Pro

290 295 300
Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

305 310 315 320
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

325 330 335
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala

340 345 350
Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

355 360 365
Tyr Ser Ala Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

370 375 380
Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

385 390 395 400
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro

405 410 415
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro

420 425 430
Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser

435 440 445
Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

450 455 460
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala

465 470 475 480
Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln

485 490 495

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Asn
500 505 510

Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser
515 520 525

Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
530 535 540

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly Gly Asp Gly
545 550 555 560

Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
565 570 575

Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
580 585 590

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly
595 600 605

Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
610 615 620

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly
625 630 635 640

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
645 650 655

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
660 665 670

Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
675 680 685

Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro
690 695 700

Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly
705 710 715 720

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly
725 730 735

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

740 745 750
 Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 755 760 765
 Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

 770 775 780
 Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 785 790 795 800
 Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 805 810 815
 Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe
 820 825 830
 Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala

 835 840 845
 Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Thr
 850 855 860
 Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala
 865 870 875 880
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 885 890 895
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

 900 905 910
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
 915 920 925
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 930 935 940
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 945 950 955 960
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

 965 970 975
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 980 985 990

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
995	1000	1005
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser
1010	1015	1020
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1025	1030	1035
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1040	1045	1050
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1055	1060	1065
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser
1070	1075	1080
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1085	1090	1095
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser
1100	1105	1110
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1115	1120	1125
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser
1130	1135	1140
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1145	1150	1155
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser
1160	1165	1170
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1175	1180	1185
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser
1190	1195	1200
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
1205	1210	1215
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly

1220	1225	1230
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1235	1240	1245
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser
1250	1255	1260
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro
1265	1270	1275
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser
1280	1285	1290
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro
1295	1300	1305
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Glu
1310	1315	1320
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1325	1330	1335
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser
1340	1345	1350
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1355	1360	1365
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser
1370	1375	1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser
1385	1390	1395
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser
1400	1405	1410
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu
1415	1420	1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser
1430	1435	1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala
1445	1450	1455

Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser
1460			1465			1470	
Glu Thr	Pro Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro
1475			1480			1485	
Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser Glu	Thr Pro	Gly Thr	Ser
1490			1495			1500	
Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro
1505			1510			1515	
Ser Glu	Gly Ser	Ala Pro	Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro Thr	Ser
1520			1525			1530	
Thr Glu	Glu Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro
1535			1540			1545	
Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser Glu	Thr Pro	Gly Thr	Ser
1550			1555			1560	
Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Ser Pro	Ala Gly	Ser
1565			1570			1575	
Pro Thr	Ser Thr	Glu Glu	Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro Thr	Ser
1580			1585			1590	
Thr Glu	Glu Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser Ala	Pro
1595			1600			1605	
Gly Thr	Ser Glu	Ser Ala	Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly Thr	Ser
1610			1615			1620	
Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu	Ser Gly	Pro Gly	Thr Ser	Glu Ser	Ala
1625			1630			1635	
Thr Pro	Glu Ser	Gly Pro	Gly Ser	Glu Pro	Ala Thr	Ser Gly	Ser
1640			1645			1650	
Glu Thr	Pro Gly	Ser Glu	Pro Ala	Thr Ser	Gly Ser	Glu Thr	Pro
1655			1660			1665	
Gly Ser	Pro Ala	Gly Ser	Pro Thr	Ser Thr	Glu Glu	Gly Thr	Ser
1670			1675			1680	
Thr Glu	Pro Ser	Glu Gly	Ser Ala	Pro Gly	Thr Ser	Thr Glu	Pro

1685	1690	1695
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser
1700	1705	1710
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro
1715	1720	1725
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Ser Pro
1730	1735	1740
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly Thr Ser	Glu Ser Ala

1745	1750	1755
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly
1760	1765	1770
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu
1775	1780	1785
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser
1790	1795	1800
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala

1805	1810	1815
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser
1820	1825	1830
Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Thr Glu Thr
1835	1840	1845
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1850	1855	1860
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu

1865	1870	1875
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1880	1885	1890
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1895	1900	1905
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr
1910	1915	1920

Ala Thr Glu Ser Pro Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1925

1930

1935

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1940

1945

1950

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Ala Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1955

1960

1965

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1970

1975

1980

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1985

1990

1995

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2000

2005

2010

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser

2015

2020

<210> 40

<211> 1744

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 40

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1

5

10

15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20

25

30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35

40

45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50

55

60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65

70

75

80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 100 105 110
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 130 135 140

 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 165 170 175
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 245 250 255
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 260 265 270

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

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

 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
 420 425 430
 Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser
 435 440 445
 Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 450 455 460

 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 465 470 475 480
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg Gln
 485 490 495
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser
 500 505 510
 Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Phe Thr Leu Ser
 515 520 525

 Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
 530 535 540
 Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser
 545 550 555 560
 Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 565 570 575
 Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val

580						585						590											
Ser	Pro	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Leu	Thr	Cys	Arg	Ser	Ser	Thr	Gly	Ala								
595						600						605											
Val	Thr	Thr	Ser	Asn	Tyr	Ala	Asn	Trp	Val	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Gln								
610						615						620											
Ala	Pro	Arg	Gly	Leu	Ile	Gly	Gly	Thr	Asn	Lys	Arg	Ala	Pro	Gly	Thr								
625						630						635						640					
Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Ser	Leu	Gly	Gly	Ser	Ala	Ala	Leu	Thr								
645						650						655											
Leu	Ser	Gly	Val	Gln	Pro	Glu	Asp	Glu	Ala	Glu	Tyr	Tyr	Cys	Ala	Leu								
660						665						670											
Trp	Tyr	Ser	Asn	Leu	Trp	Val	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val								
675						680						685											
Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Pro	Glu	Thr	Gly	Ala	Glu	Thr	Glu	Ser	Pro	Gly								
690						695						700											
Glu	Thr	Thr	Gly	Gly	Ser	Ala	Glu	Ser	Glu	Pro	Pro	Gly	Glu	Gly	Glu								
705						710						715						720					
Val	Gln	Leu	Gln	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser								
725						730						735											
Leu	Lys	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Asn	Thr	Tyr	Ala								
740						745						750											
Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Ala								
755						760						765											
Arg	Ile	Arg	Ser	Lys	Tyr	Asn	Asn	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Asp	Ser								
770						775						780											
Val	Lys	Asp	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Ser	Lys	Asn	Thr	Ala								
785						790						795						800					
Tyr	Leu	Gln	Met	Asn	Asn	Leu	Lys	Thr	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr								
805						810						815											
Cys	Val	Arg	His	Gly	Asn	Phe	Gly	Asn	Ser	Tyr	Val	Ser	Trp	Phe	Ala								
820						825						830											

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu
835 840 845

Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Thr Arg Gly Glu Asn Ala Gly Pro
850 855 860

Ala Gly Leu Glu Ala Pro Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
865 870 875 880

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
885 890 895

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
900 905 910

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
915 920 925

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
930 935 940

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
945 950 955 960

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
965 970 975

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
980 985 990

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
995 1000 1005

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1010 1015 1020

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1025 1030 1035

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1055 1060 1065

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1070	1075	1080
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1085	1090	1095
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr
1100	1105	1110
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr Glu
1115	1120	1125
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1130	1135	1140
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1145	1150	1155
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1160	1165	1170
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala
1175	1180	1185
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1190	1195	1200
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala
1205	1210	1215
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr
1220	1225	1230
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr Glu
1235	1240	1245
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1250	1255	1260
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala
1265	1270	1275
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1280	1285	1290
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1295	1300	1305

Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly
1310	1315	1320	
Ser Glu	Thr Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1325	1330	1335	
Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr
1340	1345	1350	
Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu
1355	1360	1365	
Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1370	1375	1380	
Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1385	1390	1395	
Glu Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Ser
1400	1405	1410	
Pro Ala	Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Glu Ser
1415	1420	1425	
Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1430	1435	1440	
Gly Ser	Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1445	1450	1455	
Pro Gly	Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr
1460	1465	1470	
Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala
1475	1480	1485	
Thr Ser	Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1490	1495	1500	
Glu Ser	Gly Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala
1505	1510	1515	
Pro Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1520	1525	1530	
Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala

1535	1540	1545
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1550	1555	1560
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1565	1570	1575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1580	1585	1590
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1595	1600	1605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1610	1615	1620
Glu Ser Gly Pro Gly Phe Thr	Ala Asx Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1625	1630	1635

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Pro Thr
1640	1645	1650
Glu Ser Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly
1655	1660	1665
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Thr
1670	1675	1680
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Glu Ser	Thr Pro Ser
1685	1690	1695

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu
1700	1705	1710
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1715	1720	1725
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Glu Pro Glu
1730	1735	1740

Ala

<210> 41

<211> 2024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 41

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

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

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 225 230 235 240
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 245 250 255
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 275 280 285
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 325 330 335
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 370 375 380
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 405 410 415
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 420 425 430
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

 515 520 525
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
 530 535 540
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 545 550 555 560
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 565 570 575
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

 580 585 590
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 595 600 605
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 610 615 620
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 625 630 635 640
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

 645 650 655
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 660 665 670
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 675 680 685
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 690 695 700
 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

 705 710 715 720

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

965	970	975
Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly		
980	985	990
Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly		
995	1000	1005
Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu		
1010	1015	1020
Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly		
1025	1030	1035
Val Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys		
1040	1045	1050
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg		
1055	1060	1065
Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn Pro		
1070	1075	1080
Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val		
1085	1090	1095
Thr Leu Thr Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu		
1100	1105	1110
Lys Ser Leu Gln Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg		
1115	1120	1125
Asn Leu Gly Pro Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr		
1130	1135	1140
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr		
1145	1150	1155
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu		
1160	1165	1170
Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala		
1175	1180	1185
Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile		
1190	1195	1200

Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser

1205

1210

1215

Gly Ser Ser Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

1220

1225

1230

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro

1235

1240

1245

Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

1250

1255

1260

Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu

1265

1270

1275

Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu

1280

1285

1290

Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly

1295

1300

1305

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr

1310

1315

1320

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu

1325

1330

1335

Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr

1340

1345

1350

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp

1355

1360

1365

Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu

1370

1375

1380

Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn

1385

1390

1395

Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

1400

1405

1410

Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Pro

1415

1420

1425

Thr Gly Arg Ser Gly Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Ser Gly Leu

1430 1435 1440
Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1445 1450 1455
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1460 1465 1470
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1475 1480 1485
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1490 1495 1500
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1505 1510 1515
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1520 1525 1530
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1535 1540 1545
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1550 1555 1560
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1565 1570 1575
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1580 1585 1590
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1595 1600 1605
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1610 1615 1620
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1625 1630 1635
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1640 1645 1650
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1655 1660 1665

Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr
1670	1675	1680	
Ser Thr	Glu Glu Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1685	1690	1695	
Glu Gly	Ser Pro Ala Gly Ser	Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr
1700	1705	1710	
Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu
1715	1720	1725	
Pro Ser	Glu Gly Ser Ala Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1730	1735	1740	
Glu Ser	Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr
1745	1750	1755	
Pro Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser
1760	1765	1770	
Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1775	1780	1785	
Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu
1790	1795	1800	
Gly Ser	Ala Pro Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1805	1810	1815	
Glu Gly	Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser
1820	1825	1830	
Glu Pro	Ala Thr Ser Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Glu Ser
1835	1840	1845	
Ala Thr	Pro Glu Ser Gly Pro	Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr
1850	1855	1860	
Ser Thr	Glu Glu Gly Ser Pro	Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu
1865	1870	1875	
Glu Gly	Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr
1880	1885	1890	
Ser Glu	Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Glu Ser

1895 1900 1905
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1910 1915 1920
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
 1940 1945 1950
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
 1955 1960 1965
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu
 1970 1975 1980
 Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 2000 2005 2010
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 2015 2020

<210> 42

<211> 1456

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 42

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser Glu Ser
 1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 20 25 30
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 35 40 45
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 50 55 60
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser Gly Ser

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

Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val
325 330 335

Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile
340 345 350

Gly Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu
355 360 365

Ile Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser
370 375 380

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln
385 390 395 400

Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro
405 410 415

Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro
420 425 430

Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly
435 440 445

Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu
450 455 460

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
465 470 475 480

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp Val Arg
485 490 495

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Asp Val Asn Pro Asn
500 505 510

Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Phe Thr Leu
515 520 525

Ser Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu
530 535 540

Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu Gly Pro
545 550 555 560

Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser

565 570 575
 Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 580 585 590

 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly
 595 600 605
 Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 610 615 620
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly
 625 630 635 640
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 645 650 655

 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 660 665 670
 Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 675 680 685
 Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro
 690 695 700
 Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly
 705 710 715 720

 Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly
 725 730 735
 Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr
 740 745 750
 Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 755 760 765
 Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 770 775 780

 Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 785 790 795 800
 Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 805 810 815

Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe

820 825 830

Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala

835 840 845

Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Thr Gly Arg Thr Gly Glu Ser Ala

850 855 860

Asn Glu Thr Pro Ala Gly Leu Gly Gly Pro Pro Gly Ser Pro Ala Gly

865 870 875 880

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

885 890 895

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

900 905 910

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

915 920 925

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

930 935 940

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

945 950 955 960

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

965 970 975

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

980 985 990

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

995 1000 1005

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1010 1015 1020

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1025 1030 1035

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1040 1045 1050

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1055	1060	1065
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Thr Ser Thr
1070	1075	1080
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1085	1090	1095
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
1100	1105	1110
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
1115	1120	1125
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Glu
1130	1135	1140
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
1145	1150	1155
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1160	1165	1170
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly
1175	1180	1185
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro
1190	1195	1200
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1205	1210	1215
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1220	1225	1230
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr Ser Thr	Glu Glu Gly
1235	1240	1245
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro
1250	1255	1260
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1265	1270	1275
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser	Pro Ala Gly Ser Pro	Thr Ser Thr
1280	1285	1290

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
 1295 1300 1305
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 1310 1315 1320
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 1325 1330 1335

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 1340 1345 1350
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 1355 1360 1365
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
 1370 1375 1380
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 1385 1390 1395

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser
 1400 1405 1410
 Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 1415 1420 1425
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 1430 1435 1440
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu Ala
 1445 1450 1455

<210>

43

<211> 1743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 43

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 35 40 45
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 50 55 60
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
 65 70 75 80
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 85 90 95
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 100 105 110
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 130 135 140
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 165 170 175
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 245 250 255
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 260 265 270
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

275 280 285
 Pro Gly Gly Ser Ala Pro Thr Thr Ala Arg Ala Gly Ser Ala Glu Asn
 290 295 300
 Leu Ser Pro Ser Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

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

 370 375 380
 Phe Ser Gly Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser
 385 390 395 400
 Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr
 405 410 415
 Thr Pro Pro Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala
 420 425 430
 Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr

 435 440 445
 Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu
 450 455 460
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu
 465 470 475 480
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp
 485 490 495
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr

 500 505 510
 Pro Thr Asn Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
 515 520 525

Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn
530 535 540

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly
545 550 555 560

Gly Asp Gly Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
565 570 575

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro
580 585 590

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser
595 600 605

Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln
610 615 620

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg
625 630 635 640

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
645 650 655

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
660 665 670

Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
675 680 685

Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr
690 695 700

Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro
705 710 715 720

Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
725 730 735

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
740 745 750

Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
755 760 765

Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr

770 775 780
 Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
 785 790 795 800
 Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
 805 810 815
 Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val

 820 825 830
 Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 835 840 845
 Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Ala Arg Ala Gly
 850 855 860
 Ser Ala Glu Asn Leu Ser Pro Ser Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser
 865 870 875 880
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

 885 890 895
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 900 905 910
 Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 915 920 925
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 930 935 940
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

 945 950 955 960
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
 965 970 975
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 980 985 990
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 995 1000 1005
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

 1010 1015 1020

Thr Ser	Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser	Ala Pro Gly	Ser Pro Ala
1025		1030		1035
Gly Ser	Pro Thr Ser Thr	Glu Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro Ser
1040		1045		1050
Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1055		1060		1065
Ala Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
1070		1075		1080
Thr Ser	Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser	Ala Pro Gly	Thr Ser Glu
1085		1090		1095
Ser Ala	Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly	Ser Glu Pro	Ala Thr Ser
1100		1105		1110
Gly Ser	Glu Thr Pro Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1115		1120		1125
Ala Pro	Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser	Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1130		1135		1140
Thr Ser	Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser	Gly Pro Gly	Thr Ser Glu
1145		1150		1155
Ser Ala	Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly	Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
1160		1165		1170
Thr Ser	Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Glu Ser	Ala Thr	Pro Glu Ser
1175		1180		1185
Gly Pro	Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser	Gly Ser Glu	Thr Pro Gly
1190		1195		1200
Thr Ser	Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser	Gly Pro Gly	Thr Ser Thr
1205		1210		1215
Glu Pro	Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly	Thr Ser	Glu Pro Ser
1220		1225		1230
Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr	Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1235		1240		1245
Ala Pro	Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser	Glu Gly Ser	Ala Pro Gly

1250	1255	1260
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
1265	1270	1275
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
1280	1285	1290
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
1295	1300	1305
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		

1310	1315	1320
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu		
1325	1330	1335
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser		
1340	1345	1350
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1355	1360	1365
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		

1370	1375	1380
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala		
1385	1390	1395
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro		
1400	1405	1410
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr		
1415	1420	1425
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		

1430	1435	1440
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu		
1445	1450	1455
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser		
1460	1465	1470
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
1475	1480	1485

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1490 1495 1500

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1505 1510 1515

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1520 1525 1530

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1535 1540 1545

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1550 1555 1560

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

1565 1570 1575

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1595 1600 1605

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1610 1615 1620

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

1625 1630 1635

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1640 1645 1650

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1655 1660 1665

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1670 1675 1680

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser

1685 1690 1695

Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1700 1705 1710

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1715 1720 1725
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1730 1735 1740

<210> 44

<211> 1446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 44

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro

130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240

 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 245 250 255
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 260 265 270
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 275 280 285
 Pro Gly Gly Ser Ala Pro Leu Gly Gly Arg Ala Asp Asn His Glu Pro
 290 295 300

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

 Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 370 375 380
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 385 390 395 400
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr
 405 410 415
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro

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

Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
675 680 685

Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly
690 695 700

Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu
705 710 715 720

Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser
725 730 735

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala
740 745 750

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
755 760 765

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
770 775 780

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val
785 790 795 800

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
805 810 815

Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala
820 825 830

His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu
835 840 845

Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Gly Gly Arg Ala Asp Asn His Glu Pro
850 855 860

Pro Glu Leu Gly Ala Gly Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
865 870 875 880

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
885 890 895

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
900 905 910

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

915	920	925
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu		
930	935	940
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro		
945	950	955
960		
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
965	970	975
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu		
980	985	990
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro		
995	1000	1005
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser		
1010	1015	1020
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala		
1025	1030	1035
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser		
1040	1045	1050
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro		
1055	1060	1065
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser		
1070	1075	1080
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro		
1085	1090	1095
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu		
1100	1105	1110
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu		
1115	1120	1125
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro		
1130	1135	1140
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala		
1145	1150	1155

Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly
1160						1165						1170		
Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro
1175						1180						1185		
Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser
1190						1195						1200		
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr
1205						1210						1215		
Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu
1220						1225						1230		
Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro
1235						1240						1245		
Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser
1250						1255						1260		
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr
1265						1270						1275		
Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu
1280						1285						1290		
Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu
1295						1300						1305		
Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser
1310						1315						1320		
Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala
1325						1330						1335		
Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu
1340						1345						1350		
Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro
1355						1360						1365		
Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser	Glu
1370						1375						1380		
Ser	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser

1385 1390 1395
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1400 1405 1410
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 1415 1420 1425

 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 1430 1435 1440
 Glu Ser Ala
 1445
 <210> 45
 <211> 1451
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 45
 Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser Glu Ser
 1 5 10 15
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 20 25 30

 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 35 40 45
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 50 55 60
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser Gly Ser
 65 70 75 80
 Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 85 90 95

 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 100 105 110
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
 115 120 125
 Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

130 135 140
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 145 150 155 160

 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 165 170 175
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 180 185 190
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 195 200 205
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
 210 215 220

 Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 225 230 235 240
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 245 250 255
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 260 265 270
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 275 280 285

 Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Glu Gly Ala Thr
 290 295 300
 Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 305 310 315 320
 Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val
 325 330 335
 Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr
 340 345 350

 Ala Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu
 355 360 365
 Ile Tyr Ser Ala Ser Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser
 370 375 380

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln
385 390 395 400

Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro
405 410 415

Pro Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro
420 425 430

Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly
435 440 445

Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val Glu
450 455 460

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
465 470 475 480

Ala Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr Tyr Ile His Trp Val Arg
485 490 495

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Tyr Pro Thr
500 505 510

Asn Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile
515 520 525

Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu
530 535 540

Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ser Arg Trp Gly Gly Asp
545 550 555 560

Gly Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
565 570 575

Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu
580 585 590

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr
595 600 605

Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
610 615 620

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro

625 630 635 640
 Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala
 645 650 655
 Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
 660 665 670

 Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
 675 680 685
 Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser
 690 695 700
 Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu
 705 710 715 720
 Gly Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
 725 730 735

 Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr
 740 745 750
 Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
 755 760 765
 Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
 770 775 780
 Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
 785 790 795 800

 Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val
 805 810 815
 Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp
 820 825 830
 Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr
 835 840 845
 Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala
 850 855 860

 Glu Gly Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Glu Gly Ser Ala Pro
 865 870 875 880

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
885 890 895
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
900 905 910
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
915 920 925

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
930 935 940
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
945 950 955 960
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
965 970 975
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
980 985 990

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
995 1000 1005
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1010 1015 1020
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1025 1030 1035
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1040 1045 1050

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1055 1060 1065
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1070 1075 1080
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1085 1090 1095
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1100 1105 1110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1115	1120	1125
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1130	1135	1140
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr	Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr
1145	1150	1155
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala
1160	1165	1170
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1175	1180	1185
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser	Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala
1190	1195	1200
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala	Thr Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Ser
1205	1210	1215
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser	Thr Glu Glu Gly Ser	Pro Ala Gly
1220	1225	1230
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu	Gly Ser Pro Ala Gly	Ser Pro Thr
1235	1240	1245
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser	Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly
1250	1255	1260
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro	Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr
1265	1270	1275
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu	Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala
1280	1285	1290
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro	Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro
1295	1300	1305
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu	Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr
1310	1315	1320
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala	Ser Pro Glu Ser Gly	Pro Gly Thr
1325	1330	1335
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly	Ser Ala Pro Gly Ser	Pro Ala Gly
1340	1345	1350

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1355 1360 1365

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1370 1375 1380

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1385 1390 1395

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1400 1405 1410

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1415 1420 1425

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1430 1435 1440

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1445 1450

<210> 46

<211> 2609

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 46

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
35 40 45

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 100 105 110
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 115 120 125
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 130 135 140

 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 165 170 175
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 180 185 190
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 195 200 205

 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 210 215 220
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 225 230 235 240
 Gly Ser Thr Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 245 250 255
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 260 265 270

 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 275 280 285
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 290 295 300
 Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 305 310 315 320
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 325 330 335

 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

340 345 350
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 355 360 365
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 370 375 380
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 385 390 395 400

 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 405 410 415
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 420 425 430
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 435 440 445
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 450 455 460

 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 465 470 475 480
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 485 490 495
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 500 505 510
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 515 520 525

 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 530 535 540
 Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 545 550 555 560
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 565 570 575
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 580 585 590

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 595 600 605
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 610 615 620
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 625 630 635 640
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 645 650 655

 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 660 665 670
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 675 680 685
 Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 690 695 700
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 705 710 715 720

 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 725 730 735
 Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 740 745 750
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 755 760 765
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 770 775 780

 Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
 785 790 795 800
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 805 810 815
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 820 825 830
 Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

835 840 845
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 850 855 860
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 865 870 875 880
 Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 885 890 895
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 900 905 910

 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 915 920 925
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 930 935 940
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 945 950 955 960
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 965 970 975

 Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 980 985 990
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 995 1000 1005
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1010 1015 1020
 Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 1025 1030 1035

 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 1040 1045 1050
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 1055 1060 1065
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1070 1075 1080

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1085 1090 1095

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1100 1105 1110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1115 1120 1125

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1130 1135 1140

Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser Thr Thr Gly Arg Ala Gly
1145 1150 1155

Glu Ala Ala Asn Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ala Thr
1160 1165 1170

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser
1175 1180 1185

Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr
1190 1195 1200

Cys Arg Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln
1205 1210 1215

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser
1220 1225 1230

Phe Leu Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
1235 1240 1245

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp
1250 1255 1260

Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro Thr
1265 1270 1275

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Ala Thr Pro Pro
1280 1285 1290

Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly
1295 1300 1305

Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Val

1310	1315	1320
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val	Gln Pro Gly Gly Ser	Leu Arg Leu
1325	1330	1335
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe	Asn Ile Lys Asp Thr	Tyr Ile His
1340	1345	1350
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly	Lys Gly Leu Glu Trp	Val Ala Arg
1355	1360	1365
Ile Tyr Pro Thr Asn Gly Tyr	Thr Arg Tyr Ala Asp	Ser Val Lys
1370	1375	1380
Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ala	Asp Thr Ser Lys Asn	Thr Ala Tyr
1385	1390	1395
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg	Ala Glu Asp Thr Ala	Val Tyr Tyr
1400	1405	1410
Cys Ser Arg Trp Gly Gly Asp	Gly Phe Tyr Ala Met	Asp Tyr Trp
1415	1420	1425
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr	Val Ser Ser Gly Gly	Gly Ser Glu
1430	1435	1440
Leu Val Val Thr Gln Glu Pro	Ser Leu Thr Val Ser	Pro Gly Gly
1445	1450	1455
Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg	Ser Ser Thr Gly Ala	Val Thr Thr
1460	1465	1470
Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val	Gln Gln Lys Pro Gly	Gln Ala Pro
1475	1480	1485
Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr	Asn Lys Arg Ala Pro	Gly Thr Pro
1490	1495	1500
Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu	Leu Gly Gly Lys Ala	Ala Leu Thr
1505	1510	1515
Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu	Asp Glu Ala Glu Tyr	Tyr Cys Ala
1520	1525	1530
Leu Trp Tyr Ser Asn Leu Trp	Val Phe Gly Gly Gly	Thr Lys Leu
1535	1540	1545

Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu
1550 1555 1560

Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro
1565 1570 1575

Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val
1580 1585 1590

Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe
1595 1600 1605

Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly
1610 1615 1620

Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn
1625 1630 1635

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile
1640 1645 1650

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
1655 1660 1665

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
1670 1675 1680

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln
1685 1690 1695

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser
1700 1705 1710

Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr
1715 1720 1725

Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1745 1750 1755

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1760 1765 1770

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

1775	1780	1785
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
1790	1795	1800
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1805	1810	1815
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala	Thr Ser Gly Ser Glu	Thr Pro Gly
1820	1825	1830
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly	Ser Pro Ala
1835	1840	1845
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
1850	1855	1860
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1865	1870	1875
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1880	1885	1890
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Thr Ser Thr
1895	1900	1905
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
1910	1915	1920
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
1925	1930	1935
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
1940	1945	1950
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro
1955	1960	1965
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
1970	1975	1980
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Thr Glu Pro Ser	Glu Gly Ser
1985	1990	1995
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
2000	2005	2010

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala		
2015	2020	2025
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
2030	2035	2040
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu		
2045	2050	2055
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		
2060	2065	2070
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr		
2075	2080	2085
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
2090	2095	2100
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
2105	2110	2115
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly		
2120	2125	2130
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala		
2135	2140	2145
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser		
2150	2155	2160
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser		
2165	2170	2175
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly		
2180	2185	2190
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro		
2195	2200	2205
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr		
2210	2215	2220
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser		
2225	2230	2235
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly		

2240	2245	2250
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Ser Pro Ala
2255	2260	2265
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Ser Pro Ala	Gly Ser Pro
2270	2275	2280
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
2285	2290	2295
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu	Pro Ser Glu Gly Ser	Ala Pro Gly
2300	2305	2310
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro	Glu Ser Gly Pro Gly	Ser Glu Pro
2315	2320	2325
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr	Pro Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
2330	2335	2340
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu
2345	2350	2355
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
2360	2365	2370
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu	Gly Ser Ala Pro Gly	Ser Pro Ala
2375	2380	2385
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr Ser Glu	Ser Ala Thr
2390	2395	2400
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser	Glu Pro Ala Thr Ser	Gly Ser Glu
2405	2410	2415
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser	Ala Thr Pro Glu Ser	Gly Pro Gly
2420	2425	2430
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr	Ser Thr Glu Glu Gly	Ser Pro Ala
2435	2440	2445
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu	Glu Gly Thr Ser Thr	Glu Pro Ser
2450	2455	2460
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr	Ser Glu Ser Ala Thr	Pro Glu Ser
2465	2470	2475

Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
2480 2485 2490

Phe Thr Ala Asx Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
2495 2500 2505

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Pro Thr Glu Ser Gly Ser Glu
2510 2515 2520

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
2525 2530 2535

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
2540 2545 2550

Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
2555 2560 2565

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
2570 2575 2580

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
2585 2590 2595

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu Ala
2600 2605

<210> 47

<211> 1458

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 47

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Thr Glu Pro Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
 65 70 75 80
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 85 90 95
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

 100 105 110
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro
 130 135 140
 Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

 165 170 175
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

 225 230 235 240
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 245 250 255
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 260 265 270
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 275 280 285
 Pro Gly Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Ala Asn

 290 295 300
 Ala Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

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

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

 420 425 430
 Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr
 435 440 445
 Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu
 450 455 460
 Val Gln Ser Gly Val Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val
 465 470 475 480
 Ser Cys Lys Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr Thr Met Asp Trp

 485 490 495
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Ala Asp Val Asn
 500 505 510
 Pro Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe Lys Gly Arg Val
 515 520 525
 Thr Leu Thr Thr Asp Ser Ser Thr Thr Thr Ala Tyr Met Glu Leu Lys
 530 535 540
 Ser Leu Gln Phe Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asn Leu

 545 550 555 560

Gly Pro Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
 565 570 575
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
 580 585 590
 Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser
 595 600 605
 Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys
 610 615 620
 Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala
 625 630 635 640
 Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
 645 650 655
 Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr
 660 665 670
 Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
 675 680 685
 Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu
 690 695 700
 Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly
 705 710 715 720
 Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro
 725 730 735
 Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn
 740 745 750
 Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu
 755 760 765
 Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr
 770 775 780
 Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
 785 790 795 800
 Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala

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

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1055

1060

1065

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1070

1075

1080

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1085

1090

1095

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1100

1105

1110

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1115

1120

1125

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1130

1135

1140

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1145

1150

1155

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1160

1165

1170

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1175

1180

1185

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1190

1195

1200

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1205

1210

1215

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1220

1225

1230

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1235

1240

1245

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1250

1255

1260

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1265

1270

1275

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1280 1285 1290
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1295 1300 1305
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1310 1315 1320
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1325 1330 1335
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1340 1345 1350
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1355 1360 1365
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

1370 1375 1380
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1385 1390 1395
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu

1400 1405 1410
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1415 1420 1425
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1430 1435 1440
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu Ala

1445 1450 1455

<210> 48

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 48

His His His His His His

1 5

<210> 49

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 49

His His His His His His His His

1 5

<210> 50

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 50

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 51

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 51

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys

20

<210> 52

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 52

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly

1 5 10 15

<210> 53

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 53

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

1 5 10 15

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys

20 25 30

<210> 54

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 54

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Lys Ala Ala

1 5 10 15

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys

20 25 30

<210> 55

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 55

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Ser Ala Ala

1 5 10 15

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys

20 25 30

<210> 56

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 56

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala

1	5	10	15
Leu Thr	Leu Ser Gly Val	Gln Pro Glu Asp	Glu Ala Val Tyr Tyr Cys
	20	25	30

<210> 57

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 57

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

1	5	10	15
Leu Thr	Leu Ser Gly Val	Gln Pro Glu Asp	Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
	20	25	30

<210> 58

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 58

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala

1	5	10	15
Leu Thr	Leu Ser Gly Val	Gln Pro Glu Asp	Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
	20	25	30

<210> 59

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 59

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

1 5

<210> 60

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 60

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 61

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 61

Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 62

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 62

Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 63

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 63

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 64

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 64

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

1 5 10

<210> 65

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 65

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln

1 5 10 15

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

20 25 30

<210> 66

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 66

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

1 5 10 15

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

20 25 30

<210> 67

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 67

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

1 5 10

<210> 68

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 68

Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro Glu

1 5 10

<210> 69

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 69

Gly Ser Ala Pro Ala Thr Ser Glu

1 5

<210> 70

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 70

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ala Thr Glu

1 5

<210> 71

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 71

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu

1 5

<210> 72

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 72

Pro Ala Thr Ser Gly Pro Thr Glu

1 5

<210> 73

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 73

Ser Ala Ser Pro Glu

1 5

<210> 74

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 74

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Glu

1 5
 <210> 75
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 75
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Ala Glu

1 5
 <210> 76
 <211> 7

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 76
 Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1 5
 <210> 77
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 77
 Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu

1 5
 <210> 78
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 78

Tyr Thr Ser Arg Leu Glu Ser Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5 10 15

<210> 79

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 79

Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Tyr Thr Met Asn

1 5 10

<210> 80

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 80

Leu Ile Asn Pro Tyr Lys Gly Val Ser Thr

1 5 10

<210> 81

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 81

Ser Gly Tyr Tyr Gly Asp Ser Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 82

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 82

Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Glu Gly Ser Glu

1 5 10 15

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly

20 25 30

<210> 83

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 83

Thr Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser

1	5	10	15
Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Thr			
	20	25	30

<210> 84

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 84

Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu

1	5	10	15
Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly			
	20	25	30

<210> 85

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 85

Gly Ser Ala Ala Pro Thr Ala Gly Thr Thr Pro Ser Ala Ser Pro Ala

1	5	10	15
Pro Pro Thr Gly Gly Ser Ser Ala Ala Gly Ser Pro Ser Thr			
	20	25	30

<210> 86

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 86
 Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 1 5
 <210> 87

 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 87
 Gly Gly Gly Gly Ser
 1 5
 <210> 88
 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 88
 Gly Gly Ser Gly Gly Ser
 1 5
 <210> 89
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 89
 Ser Thr Glu Pro Ser
 1 5
 <210> 90
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 90

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1 5 10

<210> 91

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 91

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1 5 10

<210> 92

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 92

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly

1 5 10

<210> 93

<211> 13

<212> PRT

<213>

Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 93

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1 5 10

<210> 94

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 94

Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1 5

<210> 95

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1 5

<210> 96

<211> 10

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 96

Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1 5 10

<210> 97

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 97

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1 5 10

<210> 98

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 98

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
 820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 850 855 860

<210> 99

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 99

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

85

90

95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

100

105

110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

115

120

125

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

130

135

140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

145

150

155

160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

165

170

175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

180

185

190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

195

200

205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

210

215

220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

225

230

235

240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

245

250

255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260

265

270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

275

280

285

<210> 100

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 100

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

1 5 10 15

Ile Ala Thr Asn Ala Tyr Ala

20

<210> 101

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 101

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser

20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn

85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 102

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 102

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 103

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 103

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Glu Val Thr Thr Ser

20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Ile Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn

85 90 95
 Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105
 <210> 104
 <211> 109
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 104
 Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser
 20 25 30
 Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
 35 40 45
 Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
 50 55 60
 Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
 65 70 75 80
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn

85 90 95
 Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105
 <210> 105
 <211> 125
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 105
 Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr

20	25	30	
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val			
35	40	45	
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp			
50	55	60	
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr			
65	70	75	80
Val Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr			
85	90	95	
Tyr Cys Val Arg His Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe			
100	105	110	
Ala His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser			
115	120	125	
<210> 106			
<211> 109			
<212> PRT			
<213> Artificial Sequence			
<220><223> Synthetic			
<400> 106			
Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly			
1	5	10	15
Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser			
20	25	30	
Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly			
35	40	45	
Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe			
50	55	60	
Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val			
65	70	75	80
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn			
85	90	95	

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100

105

<210> 107

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 107

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1

5

10

15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser

20

25

30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35

40

45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50

55

60

Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65

70

75

80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn

85

90

95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100

105

<210> 108

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 108

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1

5

10

15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser

20

25

30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 109

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 109

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 110

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 110

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser

20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 111

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 111

Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 112

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 112

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 113

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 113

Gly Glu Gly Thr Ser Thr Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly

1 5 10 15

Ala Asp

<210> 114

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 114

Val Glu Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly

1 5 10 15

Val Asp

<210> 115

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 115

Arg Thr Ser Gly Pro Gly Asp Gly Gly Lys Gly Gly Pro Gly Lys Gly

1 5 10 15

Pro Gly Gly Glu Gly Thr Lys Gly Thr Gly Pro Gly Gly

20 25

<210> 116

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 116

Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu

1 5 10 15

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly

20 25 30

<210> 117

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 117

Thr Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser
1 5 10 15

Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Thr
20 25 30

<210> 118

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 118

Gly Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu
1 5 10 15

Thr Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly
20 25 30

<210> 119

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 119

Gly Ser Ala Ala Pro Thr Ala Gly Thr Thr Pro Ser Ala Ser Pro Ala
1 5 10 15

Pro Pro Thr Gly Gly Ser Ser Ala Ala Gly Ser Pro Ser Thr
20 25 30

<210> 120

<211> 30

<212> PRT

<213>

> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 120

Gly Glu Gly Gly Glu Ser Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu
1 5 10 15

Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Glu Ser Glu Gly Gly

20 25 30

<210> 121

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 121

Ser Thr Glu Thr Ser Pro Ser Thr Pro Thr Glu Ser Pro Glu Ala Gly

1 5 10 15

Ser Gly Ser Gly Ser Pro Glu Ser Pro Ser Gly Thr Glu Ala

20 25 30

<210> 122

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 122

Pro Thr Gly Thr Thr Gly Glu Pro Ser Gly Glu Gly Ser Glu Pro Glu

1 5 10 15

Gly Ser Ala Pro Thr Ser Ser Thr Ser Glu Ala Thr Pro Ser

20 25 30

<210> 123

<211> 30

<212> PRT

<213>

> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 123

Ser Glu Ser Glu Ser Glu Gly Glu Ala Pro Thr Gly Pro Gly Ala Ser

1 5 10 15

Thr Thr Pro Glu Pro Ser Glu Ser Pro Thr Pro Glu Thr Ser

20 25 30

<210> 124

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 124

Pro Glu Gly Gly Glu Ser Gly Glu Gly Thr Gly Pro Gly Thr Gly Gly

1 5 10 15

Glu Pro Glu Gly Glu Gly Gly Pro Gly Gly Glu Gly Gly Thr

20 25 30

<210> 125

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 125

Ser Ala Thr Pro Glu

1 5

<210> 126

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 126

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1 5 10

<210> 127

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 127

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1 5 10

<210> 128

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 128

Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1 5

<210> 129

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 129

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1 5 10

<210> 130

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 130

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1 5

<210> 131

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 131

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1 5

<210> 132

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 132

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1 5 10 15

<210> 133

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 133

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1 5 10

<210> 134

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 134

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

1 5

<210> 135

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

Synthetic

<400> 135

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1 5 10 15

<210> 136

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 136

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1 5 10

<210> 137

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 137

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1 5 10

<210> 138

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 138

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1 5 10

<210> 139

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 139

Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1 5 10

<210> 140

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 140
Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro Glu
1 5 10

<210> 141

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 141

Gly Ser Ala Pro Ala Thr Ser Glu
1 5

<210> 142

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 142

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ala Thr Glu
1 5

<210> 143

<211> 7

<212> PRT

<213>

> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 143

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu
1 5

<210> 144

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 144

Pro Ala Thr Ser Gly Pro Thr Glu

1 5

<210> 145

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 145

Ser Ala Ser Pro Glu

1 5

<210> 146

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

><223> Synthetic

<400> 146

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Glu

1 5

<210> 147

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 147

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Ala Glu

1 5

<210> 148

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 148

Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1 5

<210> 149

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<

220><223> Synthetic

<400> 149

Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu

1 5

<210> 150

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 150

Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser Gly Ser Glu

1 5 10

<210> 151

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 151

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

<210> 152

<400> 152

000

<210> 153

<400> 153

000

<210> 154

<400> 154

000

<210> 155

<400> 155
 000
 <210> 156
 <400> 156
 000
 <210> 157
 <400> 157
 000
 <210> 158
 <400> 158
 000
 <210> 159
 <400> 159
 000
 <210> 160
 <400> 160
 000
 <210> 161
 <400> 161
 000
 <210> 162
 <400> 162
 000
 <210> 163
 <400> 163
 000
 <210> 164
 <400> 164
 000
 <210> 165
 <400> 165
 000
 <210> 166
 <400> 166
 000
 <210> 167

<400> 167
000
<
210> 168
<400> 168
000
<210> 169
<400> 169
000
<210> 170
<400> 170
000
<210> 171
<400> 171
000
<210> 172
<400> 172
000
<210> 173
<400> 173
000
<210> 174
<400> 174
000
<210> 175
<400> 175
000
<210> 176
<400> 176
000
<210> 177
<400> 177
000
<210> 178
<400> 178

000

<210> 179

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 179

Gly Ser Glu Thr Pro Ser Gly Pro Ser Glu Thr Ala

1 5 10

<210> 180

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 180

Gly Pro Ser Glu Thr Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala

1 5 10

<210> 181

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 181

Gly Ser Pro Ser Glu Pro Thr Glu Gly Thr Ser Ala

1 5 10

<210> 182

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 182

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

1 5 10

<210> 183

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 183

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser

1 5 10

<210> 184

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 184

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

1 5 10

<210>

> 185

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 185

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

1 5 10

<210> 186

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 186

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1 5 10

<210> 187

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 187

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1 5 10

<210> 188

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 188

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1 5 10

<210> 189

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 189

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1 5 10

<210> 190

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

1 5 10

<210> 191

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 191

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

1 5 10

<210> 192

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 192

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

1 5 10

<210> 193

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 193

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro

1 5 10

<210> 194

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 194

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1 5 10

<210> 195

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 195

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

1 5 10

<210> 196

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 196

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

1 5 10

<210> 197

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 197

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1 5 10

<210>

> 198

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 198

Gly Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Ser Glu

1 5 10

<210> 199

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 199

Gly Thr Gly Glu Pro Ser Ser Thr Pro Ala Ser Glu

1 5 10

<210> 200

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 200

Gly Ser Gly Pro Ser Thr Glu Ser Ala Pro Thr Glu

1 5 10

<210> 201

<211> 264

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 201

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser

20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn

85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr

100 105 110

Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly

115 120 125

Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu
130 135 140
Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
145 150 155 160
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val
165 170 175
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
180 185 190
Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
195 200 205
Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met
210 215 220
Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
225 230 235 240
Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln
245 250 255
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
260
<210> 202
<211> 264
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic
<400> 202
Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1 5 10 15
Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Glu Val Thr Thr Ser
20 25 30
Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45
Leu Ile Gly Gly Thr Ile Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn
85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr
100 105 110
Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly
115 120 125
Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu
130 135 140
Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
145 150 155 160

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val
165 170 175
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
180 185 190
Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
195 200 205
Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met
210 215 220

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

<210> 203

<211> 264

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 203

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
 1 5 10 15

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

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

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

 Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met
 210 215 220
 Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
 225 230 235 240
 Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln

245 250 255

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

260

<210> 204

<211> 264

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 204

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser

20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn

85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr

100 105 110

Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly

115 120 125

Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Gln

130 135 140

Glu Ser Gly Gly Gly Ile Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

145 150 155 160

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val

165 170 175

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser

180 185 190

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu Gln Met

210 215 220

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His

225 230 235 240

Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln

245 250 255

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

260

<210> 205

<211> 264

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 205

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Asn Gly Ala Val Thr Ser Ser

20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Pro Asn

85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr

100 105 110

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

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

Glu Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala His Trp Gly Gln
245 250 255

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
260

<210> 206

<211> 264

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 206

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1 5 10 15
Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

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

 Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr
 100 105 110
 Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly
 115 120 125
 Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Leu
 130 135 140
 Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
 145 150 155 160

 Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val
 165 170 175
 Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
 180 185 190
 Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
 195 200 205
 Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
 210 215 220

 Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
 225 230 235 240
 Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln
 245 250 255
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 260
 <210> 207
 <211> 264
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 207

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Ser Leu Gly Gly Ser Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Thr
100 105 110

Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr Gly
115 120 125

Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu Gln
130 135 140

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
145 150 155 160

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val
165 170 175

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
180 185 190

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
210 215 220

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His

225 230 235 240
 Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln
 245 250 255
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 260
 <210> 208
 <211> 256
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><223> Synthetic
 <400> 208
 Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1 5 10 15
 Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
 35 40 45
 Ile Tyr Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60

 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
 65 70 75 80
 Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
 85 90 95
 Ser Gly Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
 100 105 110
 Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr
 115 120 125

 Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln
 130 135 140
 Leu Gln Gln Trp Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg
 145 150 155 160
 Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser Met Asn

165 170 175
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser Arg Ile
180 185 190

Asn Ser Asp Gly Ser Ser Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met
210 215 220

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

Leu Arg Trp Gly Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
245 250 255

<210> 209

<211> 255

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 209

Gln Ala Gly Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Leu Ser Cys Ser Gly Ser Tyr Ser Asn Ile Gly Thr Tyr

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ser Asn Asp Gln Arg Leu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln

65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Ala Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu

85 90 95

Asn Gly Trp Ala Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr

115 120 125

Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu

130 135 140

Gln Gln Trp Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu

145 150 155 160

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser Met Asn Trp

165 170 175

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser Arg Ile Asn

180 185 190

Ser Asp Gly Ser Ser Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

195 200 205

Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn

210 215 220

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Glu Leu

225 230 235 240

Arg Trp Gly Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

245 250 255

<210> 210

<211> 255

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 210

Gln Pro Gly Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Leu Ser Cys Ser Gly Arg Ser Ser Asn Ile Gly Ser Tyr

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Met Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Arg Asn Ser Arg Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

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

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

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

 Arg Trp Gly Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 245 250 255

 <210> 211
 <211> 255
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 211
 Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15
 Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Asn
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

 35 40 45
 Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60
 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
 65 70 75 80
 Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ser Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
 85 90 95
 Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

 100 105 110
 Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr
 115 120 125
 Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu
 130 135 140
 Val Gln Trp Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu
 145 150 155 160
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser Met Asn Trp

 165 170 175
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser Arg Ile Asn
 180 185 190
 Ser Asp Gly Ser Ser Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
 195 200 205
 Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
 210 215 220
 Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Glu Leu

 225 230 235 240
 Arg Trp Gly Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 245 250 255

<210> 212

<211> 255

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 212

Gln Pro Gly Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

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

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg

65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu

85 90 95

Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr

115 120 125

Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln Leu

130 135 140

Val Gln Trp Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu

145 150 155 160

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser Met Asn Trp

165 170 175

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser Arg Ile Asn

180 185 190

Ser Asp Gly Ser Ser Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

195 200 205

Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
210 215 220

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

Arg Trp Gly Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
245 250 255

<210> 213
<211> 256
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic
<400> 213

Gln Ala Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Tyr
20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Val Pro Gly Ala Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Met Arg Leu Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ala Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Val Ile Ser Gly Leu Arg
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
85 90 95

Ser Gly Gln Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

Ala Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr
115 120 125

Thr Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Gln Val Gln
130 135 140

Leu Gln Gln Trp Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg

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

 210 215 220
 Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Glu
 225 230 235 240
 Leu Arg Trp Gly Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 245 250 255
 <210> 214
 <211> 255
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 214
 Gln Ala Gly Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1 5 10 15

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

 Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Ala Ser Leu
 85 90 95
 Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110
 Thr Pro Pro Glu Thr Gly Ala Glu Thr Glu Ser Pro Gly Glu Thr Thr
 115 120 125
 Gly Gly Ser Ala Glu Ser Glu Pro Pro Gly Glu Gly Glu Val Gln Leu
 130 135 140

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

 Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
 210 215 220
 Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Glu Leu
 225 230 235 240
 Arg Trp Gly Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 245 250 255

 <210> 215
 <400> 215
 000
 <210> 216
 <400> 216
 000
 <210> 217
 <400> 217
 000
 <210> 218
 <400> 218
 000

 <210> 219

<400> 219
 000
 <210> 220
 <400> 220
 000
 <210> 221
 <400> 221
 000
 <210> 222
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 222
 Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val
 1 5
 <210> 223
 <400> 223
 000
 <210> 224
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 224
 Lys Leu Thr Arg Val Val Gly Gly
 1 5
 <210> 225
 <211> 8
 <212> PRT
 <213>
 > Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 225
 Thr Met Thr Arg Ile Val Gly Gly

1 5
 <210> 226
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 226
 Ser Pro Phe Arg Ser Thr Gly Gly

1 5
 <210> 227
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 227
 Leu Gln Val Arg Ile Val Gly Gly

1 5
 <210> 228
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 228

Pro Leu Gly Arg Ile Val Gly Gly
 1 5
 <210> 229
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 229

Ile Glu Gly Arg Thr Val Gly Gly
 1 5
 <210> 230

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 230

Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val

1 5

<210> 231

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 231

Leu Gly Pro Val Ser Gly Val Pro

1 5

<210> 232

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 232

Val Ala Gly Asp Ser Leu Glu Glu

1 5

<210> 233

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 233

Gly Pro Ala Gly Leu Gly Gly Ala

1 5

<210> 234

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 234

Gly Pro Ala Gly Leu Arg Gly Ala

1 5

<210> 235

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 235

Ala Pro Leu Gly Leu Arg Leu Arg

1 5

<210> 236

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 236

Pro Ala Leu Pro Leu Val Ala Gln

1 5

<210> 237

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 237

Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Gly

1 5

<210> 238

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 238
 Asp Asp Asp Lys Ile Val Gly Gly
 1 5
 <210> 239
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 239
 Leu Glu Val Leu Phe Gln Gly Pro
 1 5
 <210> 240
 <211> 8
 <212> PRT
 <213>
 Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 240
 Leu Pro Lys Thr Gly Ser Glu Ser
 1 5
 <210> 241
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> X is P or A
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(6)

<223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> X is any amino acid
 <400>
 241
 Gly Xaa Xaa Gly Leu Xaa Gly Xaa
 1 5
 <210> 242
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(6)
 <223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (7)..(7)
 <223> X is G or A
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> X is any amino acid
 <400> 242
 Gly Pro Xaa Gly Leu Xaa Xaa Xaa
 1 5
 <210> 243
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <220><221> MISC_FEATURE

<222> (7)..(7)
 <223> X is G or S
 <400> 243

Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Xaa
 1 5

<210> 244
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(1)
 <223> X is K or D
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> X is F or L
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 <223> X is V or A

<220><221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(6)
 <223> X is V or E
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (7)..(7)
 <223> X is G or T
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> X is G or V
 <400> 244

Xaa Xaa Thr Arg Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5
 <210> 245
 <211> 8
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(2)

<223> X is any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (3)..(3)

<223> X is F or L

<220

><221> MISC_FEATURE

<222> (4)..(4)

<223> X is R or Y

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> X is R or S

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(6)

<223> X is R or T

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (7)..(8)

<223> X is any amino acid

<400> 245

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5

<210> 246

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (3)..(3)

<223> X is K, E, A, or D

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(6)

<223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (7)..(7)
 <223> X is K, E, or S
 <400> 246
 Leu Pro Xaa Thr Gly Xaa Xaa Ser
 1 5
 <210> 247
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(2)
 <223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(8)
 <223> X is any amino acid
 <400> 247
 Xaa Xaa Gly Arg Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5

 <210> 248
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(1)
 <223> X is I or A
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> X is G, F or P
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)

<223> X is S, T or I

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(6)

<223> X is V, F or S

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (7)..(7)

<223> X is any amino acid

<400> 248

Xaa Glu Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Gly

1 5

<210> 249

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(2)

<223> X is any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (3)..(3)

<223> X is P, L or A

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> X is S, G or A

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(8)

<223> X is any amino acid

<400> 249

Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5

<210> 250

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(3)

<223> X is any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (4)..(4)

<223> X is V, A, I, or T

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(8)

<223> X is any amino acid

<400> 250

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5

<210> 251

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(3)

<223> X is any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(8)

<223> X is any amino acid

<400> 251

Val Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5

<210> 252

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<220><221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(1)
 <223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> X is P or S
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(4)
 <223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 <223> X is L or Q
 <220><221> MISC_FEATURE

 <222> (6)..(6)
 <223> X is any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (7)..(7)
 <223> X is L or T
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> X is any amino acid
 <400> 252
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5
 <210> 253
 <400> 253
 000
 <210> 254
 <400> 254
 000
 <210> 255
 <400> 255
 000
 <210> 256

<400> 256
000
<210> 257
<400> 257
000
<210> 258
<400> 258
000
<210> 259
<400> 259
000
<210> 260
<400> 260

000
<210> 261
<400> 261
000
<210> 262
<400> 262
000
<210> 263
<400> 263
000
<210> 264
<400> 264
000
<210> 265
<400> 265
000
<210> 266
<400> 266
000
<210> 267
<400> 267

000

<210> 268

<400> 268

000

<210> 269

<400> 269

000

<210> 270

<400> 270

000

<210> 271

<400> 271

000

<210> 272

<400> 272

000

<210> 273

<400> 273

000

<210> 274

<400> 274

000

<210> 275

<400> 275

000

<210> 276

<400> 276

000

<210> 277

<400> 277

000

<210> 278

<400> 278

000

<210> 279
 <400> 279
 000
 <210> 280
 <400> 280
 000
 <210> 281
 <400> 281
 000
 <210> 282
 <400> 282
 000
 <210> 283
 <400> 283
 000
 <210> 284
 <400> 284
 000
 <210> 285
 <400> 285
 000
 <210> 286
 <400> 286
 000
 <210> 287
 <400> 287
 000
 <210> 288
 <400> 288
 000
 <210> 289
 <400> 289
 000
 <210> 290
 <400> 290
 000

<210> 291
 <400> 291
 000
 <210> 292
 <400> 292
 000
 <
 210> 293
 <400> 293
 000
 <210> 294
 <400> 294
 000
 <210> 295
 <400> 295
 000
 <210> 296
 <400> 296
 000
 <210> 297
 <400> 297
 000
 <210> 298
 <400> 298
 000
 <210> 299
 <400> 299
 000
 <210> 300
 <400> 300
 000
 <210> 301
 <211> 119
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 301

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Arg Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Ser Arg Gly Tyr Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Val

50 55 60

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Ala Phe

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Gly Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Tyr Tyr Asp Asp His Tyr Cys Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Pro Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 302

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 302

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Tyr

20 25 30

Thr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Leu Ile Asn Pro Tyr Lys Gly Val Ser Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
 Ala Arg Ser Gly Tyr Tyr Gly Asp Ser Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 303

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 303

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15

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

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Gly Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Ala Arg Trp Gln Asp Tyr Asp Val Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Pro Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 304

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 304

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Arg Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Ser Arg Gly Tyr Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Thr Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Tyr Tyr Asp Asp His Tyr Cys Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser

115

<210> 305

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 305

Asp Ile Lys Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Ala Arg Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Arg Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Ser Arg Gly Tyr Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Thr Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Tyr Tyr Asp Asp His Tyr Cys Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
 115

<210> 306

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 306

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Arg Tyr
 20 25 30
 Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Ser Arg Gly Tyr Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Thr Thr Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Tyr Tyr Asp Asp His Tyr Cys Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115

<210> 307

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 307

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 308

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 308

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr

20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 309

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> Synthetic

<400> 309

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Thr Tyr
20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 310

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 310

Glu Val Lys Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Lys Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Gln Ser Ile

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Met Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 311

<400> 311

000

<210> 312

<400> 312

000

<210> 313

<400> 313

000

<210> 314

<400> 314

000

<210> 315

<400> 315

000

<210> 316

<400> 316

000

<210> 317

<400> 317

000

<210> 318

<400> 318

000

<210> 319

<400> 319

000

<210> 320

<400> 320

000

<210> 321

<400> 321

000

<210> 322

<400> 322

000

<210> 323

<400> 323

000

<210> 324

<400> 324

000

<210> 325

<400> 325

000

<210> 326

<400> 326

000

<210> 327

<400> 327

000

<210> 328

<400> 328

000

<210> 329

<400> 329

000

<210> 330

<400> 330

000

<210> 331

<400> 331

000

<210> 332

<400> 332

000

<210> 333

<400> 333

000

<210> 334

<400> 334

000

<210> 335

<400> 335

000

<210> 336

<400> 336
000
<210> 337
<400> 337
000
<210> 338
<400> 338
000
<210> 339
<400> 339
000
<210> 340
<400> 340
000
<210> 341
<
400> 341
000
<210> 342
<400> 342
000
<210> 343
<400> 343
000
<210> 344
<400> 344
000
<210> 345
<400> 345
000
<210> 346
<400> 346
000
<210> 347
<400> 347

000

<210> 348

<400> 348

000

<210> 349

<400> 349

000

<210> 350

<400> 350

000

<210> 351

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 351

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Ser Tyr Met

20 25 30

Asn Trp Tyr Gln Gln Thr Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Trp Ile Tyr

35 40 45

Asp Thr Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu

65 70 75 80

Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Asn Pro Phe Thr

85 90 95

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Gln Ile Thr Arg

100 105

<210> 352

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 352

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 353

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 353

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Met Thr Cys Arg Ala Ser Ser Ser Val Ser Tyr Met

20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Thr Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Trp Ile Tyr

35 40 45

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

50 55 60

Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu

65 70 75 80
Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Asn Pro Pro Thr

 85 90 95

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Gln Ile Thr Arg
100 105

<210> 354

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

$\langle 220 \rangle \langle 223 \rangle$ Synthetic

<400> 354

Gln Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ile Met Ser Ala Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Lys Val Thr Met Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Ser Tyr Met
20 25 30
Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Thr Ser Pro Lys Arg Trp Ile Tyr

35					40					45									
Asp	Thr	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Gly	Val	Pro	Ala	His	Phe	Arg	Gly	Ser				
50					55					60									
Gly	Ser	Gly	Thr	Ser	Tyr	Ser	Leu	Thr	Ile	Ser	Gly	Met	Glu	Ala	Glu				
65					70					75					80				
Asp	Ala	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	Trp	Ser	Ser	Asn	Pro	Phe	Thr				
85					90					95									
Phe	Gly	Ser	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Asn	Arg									
100					105														

<210> 355

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

$\langle 220 \rangle \langle 223 \rangle$ Synthetic

<400> 355

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ile Met Ser Ala Ser Pro Gly

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

50 55 60
 Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Met Glu Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Asn Pro Leu Thr
 85 90 95
 Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys

100 105
 <210> 356
 <211> 106
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400
 > 356

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

Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Asn Pro Leu Thr
 85 90 95
 Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 357

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 357

Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 358

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 358

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser

20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

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

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
 85 90 95
 Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105

<210> 359

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 359

Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser

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

85 90 95
 Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105

<210> 360

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 360

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser

20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Glu Lys Pro Asp His Leu Phe Thr Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Gln Thr Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Phe Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Leu Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 361

<400> 361

000

<210> 362

<400> 362

000

<210> 363

<400> 363

000

<210> 364

<400> 364

000

<210> 365

<400> 365

000

<210> 366

<400> 366
000
<210> 367
<400> 367
000
<210> 368
<400> 368
000
<210> 369
<400> 369
000
<210> 370
<400> 370
000
<210> 371
<400> 371
000
<210> 372
<400> 372
000
<210> 373
<400> 373

000
<210> 374
<400> 374
000
<210> 375
<400> 375
000
<210> 376
<400> 376
000
<210> 377
<400> 377

000

<210> 378

<400> 378

000

<210> 379

<400> 379

000

<210> 380

<400> 380

000

<210> 381

<400> 381

000

<210> 382

<400> 382

000

<210> 383

<400> 383

000

<210> 384

<400> 384

000

<210> 385

<400> 385

000

<210> 386

<400> 386

000

<210> 387

<400> 387

000

<210> 388

<400> 388

000

<210> 389

<400> 389

000

<210> 390

<400> 390

000

<210> 391

<400> 391

000

<210> 392

<400> 392

000

<210> 393

<400> 393

000

<210> 394

<400> 394

000

<210> 395

<400> 395

000

<210> 396

<400> 396

000

<210> 397

<400> 397

000

<210> 398

<400> 398

000

<210> 399

<400> 399

000

<210> 400

<400> 400

000

<210> 401
 <400> 401
 000
 <210> 402
 <400> 402
 000
 <210> 403
 <400> 403
 000
 <210> 404
 <400> 404
 000
 <210> 405
 <400> 405
 000
 <
 210> 406
 <400> 406
 000
 <210> 407
 <400> 407
 000
 <210> 408
 <400> 408
 000
 <210> 409
 <400> 409
 000
 <210> 410
 <400> 410
 000
 <210> 411
 <400> 411
 000
 <210> 412

<400> 412
 000
 <210> 413
 <400> 413
 000
 <210> 414
 <400> 414
 000
 <210> 415
 <400> 415
 000
 <210> 416
 <400> 416
 000
 <210> 417
 <400> 417
 000
 <210> 418
 <400> 418
 000
 <210> 419
 <400> 419
 000
 <210> 420
 <400> 420
 000
 <210> 421
 <400> 421
 000
 <210
 > 422
 <400> 422
 000
 <210> 423
 <400> 423

000

<210> 424

<400> 424

000

<210> 425

<400> 425

000

<210> 426

<400> 426

000

<210> 427

<400> 427

000

<210> 428

<400> 428

000

<210> 429

<400> 429

000

<210> 430

<400> 430

000

<210> 431

<400> 431

000

<210> 432

<400> 432

000

<210> 433

<400> 433

000

<210> 434

<400> 434

000

<210> 435

<400> 435

000

<210> 436

<400> 436

000

<210> 437

<400> 437

000

<210>

438

<400> 438

000

<210> 439

<400> 439

000

<210> 440

<400> 440

000

<210> 441

<400> 441

000

<210> 442

<400> 442

000

<210> 443

<400> 443

000

<210> 444

<400> 444

000

<210> 445

<400> 445

000

<210> 446

<400> 446

000

<210> 447
 <400> 447
 000
 <210> 448
 <400> 448
 000
 <210> 449
 <400> 449
 000
 <210> 450
 <400> 450
 000
 <210> 451
 <400> 451
 000
 <210> 452
 <400> 452
 000
 <210> 453
 <400> 453
 000
 <210> 454

 <400> 454
 000
 <210> 455
 <400> 455
 000
 <210> 456
 <400> 456
 000
 <210> 457
 <400> 457
 000
 <210> 458

<400> 458
000
<210> 459
<400> 459
000
<210> 460
<400> 460
000
<210> 461
<400> 461
000
<210> 462
<400> 462
000
<210> 463
<400> 463
000
<210> 464
<400> 464
000
<210> 465
<400> 465
000
<210> 466
<400> 466
000
<210> 467
<400> 467
000
<210> 468
<400> 468
000
<210> 469
<400> 469
000
<210> 470

<

400> 470

000

<210> 471

<400> 471

000

<210> 472

<400> 472

000

<210> 473

<400> 473

000

<210> 474

<400> 474

000

<210> 475

<400> 475

000

<210> 476

<400> 476

000

<210> 477

<400> 477

000

<210> 478

<400> 478

000

<210> 479

<400> 479

000

<210> 480

<400> 480

000

<210> 481

<400> 481

000

<210> 482

<400> 482

000

<210> 483

<400> 483

000

<210> 484

<400> 484

000

<210> 485

<400> 485

000

<210> 486

<400

> 486

000

<210> 487

<400> 487

000

<210> 488

<400> 488

000

<210> 489

<400> 489

000

<210> 490

<400> 490

000

<210> 491

<400> 491

000

<210> 492

<400> 492

000

<210> 493
 <400> 493
 000
 <210> 494
 <400> 494
 000
 <210> 495
 <400> 495
 000
 <210> 496
 <400> 496
 000
 <210> 497
 <400> 497
 000
 <210> 498
 <400> 498
 000
 <210> 499
 <400> 499
 000
 <210> 500
 <400> 500
 000
 <210> 501
 <400> 501
 000
 <210> 502
 <400>
 502
 000
 <210> 503
 <400> 503
 000
 <210> 504

<400> 504
000
<210> 505
<400> 505
000
<210> 506
<400> 506
000
<210> 507
<400> 507
000
<210> 508
<400> 508
000
<210> 509
<400> 509
000
<210> 510
<400> 510
000
<210> 511
<400> 511
000
<210> 512
<400> 512
000
<210> 513
<400> 513
000
<210> 514
<400> 514
000
<210> 515
<400> 515
000
<210> 516

<400> 516
000
<210> 517
<400> 517
000
<210> 518
<400> 518

000
<210> 519
<400> 519
000
<210> 520
<400> 520
000
<210> 521
<400> 521
000
<210> 522
<400> 522
000
<210> 523
<400> 523
000
<210> 524
<400> 524
000
<210> 525
<400> 525
000
<210> 526
<400> 526
000
<210> 527
<400> 527

000

<210> 528

<400> 528

000

<210> 529

<400> 529

000

<210> 530

<400> 530

000

<210> 531

<400> 531

000

<210> 532

<400> 532

000

<210> 533

<400> 533

000

<210> 534

<400> 534

000

<210> 535

<400> 535

000

<210> 536

<400> 536

000

<210> 537

<400> 537

000

<210> 538

<400> 538

000

<210> 539
<400> 539
000
<210> 540
<400> 540
000
<210> 541
<400> 541
000
<210> 542
<400> 542
000
<210> 543
<400> 543
000
<210> 544
<400> 544
000
<210> 545
<400> 545
000
<210> 546
<400> 546
000
<210> 547
<400> 547
000
<210> 548
<400> 548
000
<210> 549
<400> 549
000
<210> 550
<400> 550
000

<

<210> 551

<400> 551

000

<210> 552

<400> 552

000

<210> 553

<400> 553

000

<210> 554

<400> 554

000

<210> 555

<400> 555

000

<210> 556

<400> 556

000

<210> 557

<400> 557

000

<210> 558

<400> 558

000

<210> 559

<400> 559

000

<210> 560

<400> 560

000

<210> 561

<400> 561

000

<210> 562

<400> 562
000
<210> 563
<400> 563
000
<210> 564
<400> 564
000
<210> 565
<400> 565
000
<210> 566
<400> 566
000
<210
> 567
<400> 567
000
<210> 568
<400> 568
000
<210> 569
<400> 569
000
<210> 570
<400> 570
000
<210> 571
<400> 571
000
<210> 572
<400> 572
000
<210> 573
<400> 573

000

<210> 574

<400> 574

000

<210> 575

<400> 575

000

<210> 576

<400> 576

000

<210> 577

<400> 577

000

<210> 578

<400> 578

000

<210> 579

<400> 579

000

<210> 580

<400> 580

000

<210> 581

<400> 581

000

<210> 582

<400> 582

000

<210>

583

<400> 583

000

<210> 584

<400> 584

000

<210> 585
<400> 585
000
<210> 586
<400> 586
000
<210> 587
<400> 587
000
<210> 588
<400> 588
000
<210> 589
<400> 589
000
<210> 590
<400> 590
000
<210> 591
<400> 591
000
<210> 592
<400> 592
000
<210> 593
<400> 593
000
<210> 594
<400> 594
000
<210> 595
<400> 595
000
<210> 596
<400> 596
000

<210> 597

<400> 597

000

<210> 598

<400> 598

000

<210> 599

<400> 599

000

<210> 600

<400> 600

000

<210> 601

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 601

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 602
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic
<400> 602

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
20 25 30

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
35 40 45

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
65 70 75 80

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
85 90 95

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
115 120 125

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
130 135 140

<210> 603
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 603

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1 5 10 15

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

20 25 30

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

65 70 75 80

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

100 105 110

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

130 135 140

<210> 604

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 604

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1 5 10 15

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

20 25 30

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
65 70 75 80

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
100 105 110

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
115 120 125

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
130 135 140

<210> 605
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic
<400> 605

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
20 25 30

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
35 40 45

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
65 70 75 80

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
100 105 110

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 115 120 125
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 130 135 140

<210> 606

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 606

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
 1 5 10 15
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
 20 25 30
 Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 35 40 45
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

50 55 60
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 65 70 75 80
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 85 90 95
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 100 105 110
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

115 120 125
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 130 135 140

<210> 607

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 607

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1 5 10 15

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

20 25 30

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

65 70 75 80

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

85 90 95

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

130 135 140

<210> 608

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 608

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1 5 10 15

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

20 25 30

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

65 70 75 80
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
85 90 95

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
115 120 125

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

130 135 140

<210> 609

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 609

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1 5 10 15

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
20 25 30

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
35 40 45

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
65 70 75 80

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
85 90 95

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

100 105 110

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

115 120 125

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

130 135 140

<210> 610

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 610

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

20 25 30

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

35 40 45

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

50 55 60

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

65 70 75 80

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

100 105 110

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

130 135 140

<210> 611

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 611

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

165 170 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

180 185 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

195 200 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

210 215 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 225 230 235 240
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
 245 250 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 275 280 285

<210> 612

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 612

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 1 5 10 15
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

85 90 95
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 130 135 140

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

145 150 155 160

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

165 170 175

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

225 230 235 240

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

245 250 255

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

275 280 285

<210> 613

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 613

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 65 70 75 80
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 85 90 95
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
 100 105 110

 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 115 120 125
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 130 135 140
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
 145 150 155 160
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 165 170 175

 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 180 185 190
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 195 200 205
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 210 215 220
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 225 230 235 240

 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 245 250 255
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 275 280 285
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

<210> 614

<211> 625

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 614

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro

1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

130 135 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

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

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
210 215 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

225 230 235 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
245 250 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
260 265 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
275 280 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

290 295 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

305 310 315 320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
325 330 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
340 345 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

355 360 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
370 375 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385 390 395 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
405 410 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

420 425 430
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
435 440 445
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
450 455 460
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465 470 475 480
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

485 490 495
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
515 520 525
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
530 535 540
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

545 550 555 560
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
565 570 575
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
580 585 590
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

610 615 620

Pro

625

<210> 615

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 615

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 245 250 255
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 275 280 285
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 325 330 335
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 370 375 380
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 405 410 415
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 420 425 430
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 465 470 475 480
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 515 520 525
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
 530 535 540
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 545 550 555 560
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 565 570 575
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 580 585 590
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 595 600 605
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

 610 615 620
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 625 630 635 640
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 645 650 655
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 660 665 670
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

 675 680 685
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 690 695 700
 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 705 710 715 720
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

850 855 860

<210> 616

<211> 865

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 616

Gly Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

35 40 45

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

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

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 325 330 335
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 340 345 350
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 355 360 365
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 370 375 380

 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 385 390 395 400
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 405 410 415
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 420 425 430
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 435 440 445

 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 450 455 460
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 465 470 475 480
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 485 490 495
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 500 505 510

 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 515 520 525
 Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
 530 535 540
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 545 550 555 560
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

565

570

575

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

580

585

590

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

595

600

605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

610

615

620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

625

630

635

640

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

645

650

655

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

660

665

670

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

675

680

685

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

690

695

700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

705

710

715

720

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

725

730

735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

740

745

750

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

755

760

765

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

770

775

780

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

785

790

795

800

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

805

810

815

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
820 825 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
835 840 845

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
850 855 860

Pro

865

<210> 617

<211> 866

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 617

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
35 40 45

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
65 70 75 80

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

130 135 140
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 165 170 175
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205

 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 245 250 255
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 260 265 270

 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 275 280 285
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 290 295 300
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 305 310 315 320
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 325 330 335

 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 340 345 350
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 355 360 365
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 370 375 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385 390 395 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
405 410 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
435 440 445

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465 470 475 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
485 490 495

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
515 520 525

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
530 535 540

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
565 570 575

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
580 585 590

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
610 615 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

625 630 635 640
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 645 650 655

 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 660 665 670
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 675 680 685
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 690 695 700
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 705 710 715 720

 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 725 730 735
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 740 745 750
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 755 760 765
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
 770 775 780

 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 785 790 795 800
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 805 810 815
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
 820 825 830
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 835 840 845

 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 850 855 860
 Pro Gly
 865

<210> 618

<211> 1152

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 618

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 465 470 475 480

 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 515 520 525
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
 530 535 540

 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 545 550 555 560
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 565 570 575
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 580 585 590
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 595 600 605

 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 610 615 620
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 625 630 635 640
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 645 650 655
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 660 665 670

 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 675 680 685
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
770 775 780
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
805 810 815
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
820 825 830
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
850 855 860

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
865 870 875 880
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
885 890 895
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
900 905 910
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
915 920 925

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
930 935 940
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

945 950 955 960
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 965 970 975
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 980 985 990

 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 995 1000 1005
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 1010 1015 1020
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 1025 1030 1035
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
 1040 1045 1050

 Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 1055 1060 1065
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 1070 1075 1080
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 1085 1090 1095
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1100 1105 1110

 Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 1115 1120 1125
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 1130 1135 1140
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 1145 1150

 <210> 619
 <211> 144
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic

<400> 619

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1 5 10 15
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
20 25 30
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
35 40 45
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
50 55 60
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

65 70 75 80
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
85 90 95
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
100 105 110
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
115 120 125
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

130 135 140

<210> 620

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
20 25 30
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
35 40 45

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
50 55 60
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
65 70 75 80
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
85 90 95
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
115 120 125
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
130 135 140

<210> 621

<211> 180

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 621

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1 5 10 15
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

20 25 30
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
35 40 45
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
50 55 60
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
85 90 95
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
100 105 110

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
115 120 125

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
130 135 140

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
165 170 175

Pro Ala Thr Ser
180

<210> 622

<211> 216

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 622

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

20 25 30

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
35 40 45

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
50 55 60

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
65 70 75 80

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

85 90 95

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
100 105 110

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
130 135 140
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
145 150 155 160
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
165 170 175
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
195 200 205
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215

<210> 623

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 623

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1 5 10 15
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
20 25 30
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
35 40 45
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
85 90 95
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
100 105 110

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

115 120 125

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

145 150 155 160

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

165 170 175

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

180 185 190

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

195 200 205

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

210 215 220

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

225 230 235 240

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

245 250

<210> 624

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 624

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1 5 10 15

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

50 55 60
 Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 65 70 75 80
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 85 90 95
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 100 105 110

 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 115 120 125
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 130 135 140
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 145 150 155 160
 Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 165 170 175

 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 180 185 190
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 195 200 205
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
 210 215 220
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 225 230 235 240

 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 245 250 255
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 260 265 270
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 275 280 285
 <210> 625
 <211> 324
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 625

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1 5 10 15
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

20 25 30
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

35 40 45
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

50 55 60
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

65 70 75 80
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

85 90 95
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

100 105 110
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

115 120 125
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

130 135 140
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

145 150 155 160
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

165 170 175
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

180 185 190
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

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

210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
225 230 235 240

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

260 265 270
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
275 280 285

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
290 295 300

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
305 310 315 320

Pro Ala Thr Ser

<210> 626

<211> 360

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 626

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
20 25 30

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
35 40 45

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

50 55 60
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
85 90 95

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
100 105 110

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
115 120 125

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
130 135 140

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
180 185 190

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

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
210 215 220

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
225 230 235 240

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
260 265 270

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
275 280 285

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
290 295 300

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
325 330 335

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

340 345 350
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
355 360
<210> 627
<211> 360
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic
<400> 627
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1 5 10 15
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
20 25 30
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
35 40 45
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
50 55 60
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
65 70 75 80
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
85 90 95
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
100 105 110
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
115 120 125
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
130 135 140
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
145 150 155 160
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
165 170 175
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

180 185 190
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

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

210 215 220
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
225 230 235 240

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
245 250 255
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

260 265 270
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

275 280 285
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
290 295 300

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
305 310 315 320
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

325 330 335
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

340 345 350
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

355 360

<210> 628

<211> 432

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 628

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

20 25 30

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

35 40 45

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

50 55 60

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

85 90 95

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

100 105 110

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

115 120 125

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

130 135 140

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

180 185 190

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

225 230 235 240

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

245 250 255

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

260 265 270
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

275 280 285
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

290 295 300

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

325 330 335

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

340 345 350
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

355 360 365

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

370 375 380

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

385 390 395 400

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

405 410 415
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

420 425 430

<210> 629

<211> 468

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 629

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

20 25 30

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
35 40 45

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
50 55 60

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
100 105 110

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
130 135 140

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
145 150 155 160

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190

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

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
225 230 235 240

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
260 265 270

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

275 280 285
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 290 295 300
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 305 310 315 320
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 325 330 335
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 340 345 350

 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 355 360 365
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 370 375 380
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 385 390 395 400
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 405 410 415

 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 420 425 430
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 435 440 445
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 450 455 460
 Glu Ser Ala Thr
 465
 <210> 630
 <211> 504
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223
 > Synthetic
 <400> 630

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 1 5 10 15
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 20 25 30
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 35 40 45
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 50 55 60

 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 65 70 75 80
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 85 90 95
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 100 105 110
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 115 120 125

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 130 135 140
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 145 150 155 160
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
 165 170 175
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 180 185 190

 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 195 200 205
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 210 215 220
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 225 230 235 240
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

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

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

500

<210> 631

<211> 540

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 631

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

50 55 60

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

65 70 75 80

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

85 90 95

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

100 105 110

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

115 120 125

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

130 135 140

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

145 150 155 160

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

165 170 175

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

180 185 190
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 195 200 205
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 210 215 220
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 225 230 235 240
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 245 250 255

 Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 260 265 270
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 275 280 285
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 290 295 300
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 305 310 315 320

 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 325 330 335
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 340 345 350
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 355 360 365
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 370 375 380

 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 385 390 395 400
 Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 405 410 415
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 420 425 430

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
450 455 460

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
465 470 475 480

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
485 490 495

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
500 505 510

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
515 520 525

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
530 535 540

<210> 632

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 632

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1 5 10 15

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

20 25 30

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
35 40 45

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
50 55 60

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
65 70 75 80

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

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

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

340 345 350

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

355 360 365

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

370 375 380

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

385 390 395 400

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

405 410 415

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

420 425 430

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

435 440 445

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

450 455 460

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

465 470 475 480

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

485 490 495

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

500 505 510

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

515 520 525

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

530 535 540

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

545 550 555 560

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

565 570 575

<210> 633

<211> 612

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 633

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

20 25 30

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

35 40 45

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

65 70 75 80

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

85 90 95

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

165 170 175

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
225 230 235 240

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
260 265 270

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
275 280 285

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
290 295 300

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
305 310 315 320

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
325 330 335

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
340 345 350

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
355 360 365

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
370 375 380

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
385 390 395 400

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
420 425 430

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

[illegible]

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
35 40 45

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
85 90 95

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
100 105 110

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
165 170 175

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190

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

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
210 215 220

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
225 230 235 240

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
260 265 270

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

275 280 285
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 290 295 300
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 305 310 315 320
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 325 330 335
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 340 345 350

 Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 355 360 365
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 370 375 380
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 385 390 395 400
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 405 410 415

 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 420 425 430
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 435 440 445
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 450 455 460
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 465 470 475 480

 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 485 490 495
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
 500 505 510
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 515 520 525

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
545 550 555 560

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
565 570 575

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
580 585 590

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
595 600 605

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
610 615 620

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
625 630 635 640

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
645

<210> 635

<211> 684

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 635

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
35 40 45

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

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

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
325 330 335

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
340 345 350

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
355 360 365

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
370 375 380

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
385 390 395 400

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
405 410 415

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
420 425 430

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
450 455 460

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
465 470 475 480

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
485 490 495

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
500 505 510

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
515 520 525

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
545 550 555 560

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

565 570 575
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 580 585 590

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 595 600 605

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 610 615 620

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 625 630 635 640

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 645 650 655

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 660 665 670

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 675 680

<210> 636

<211> 720

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 636

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
 1 5 10 15

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

20 25 30
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

35 40 45
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

50 55 60
 Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

85 90 95

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

100 105 110

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

115 120 125

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

130 135 140

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

145 150 155 160

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

165 170 175

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

180 185 190

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

195 200 205

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

210 215 220

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

245 250 255

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

260 265 270

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

275 280 285

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

290 295 300

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

305 310 315 320

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

325 330 335
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

340 345 350
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

355 360 365
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

370 375 380
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

385 390 395 400
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

405 410 415
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

420 425 430
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

435 440 445
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

450 455 460
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

465 470 475 480
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

485 490 495
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

500 505 510
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

515 520 525
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

530 535 540
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

545 550 555 560
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

565 570 575

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
580 585 590

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
595 600 605

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
610 615 620

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
625 630 635 640

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
645 650 655

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
660 665 670

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
675 680 685

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
690 695 700

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
705 710 715 720

<210> 637
<211> 756
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic
<400> 637

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1 5 10 15

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
20 25 30

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
35 40 45

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

50 55 60
 Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
 65 70 75 80
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 85 90 95
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
 100 105 110
 Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 115 120 125

 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
 130 135 140
 Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 145 150 155 160
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 165 170 175
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 180 185 190

 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
 195 200 205
 Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 210 215 220
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 225 230 235 240
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 245 250 255

 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
 260 265 270
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 275 280 285
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 290 295 300

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
305 310 315 320

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
325 330 335

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
340 345 350

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
355 360 365

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
370 375 380

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
385 390 395 400

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
405 410 415

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
420 425 430

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
435 440 445

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
450 455 460

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
465 470 475 480

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
485 490 495

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
500 505 510

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
515 520 525

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
530 535 540

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

545 550 555 560
 Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
 565 570 575

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
 580 585 590
 Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 595 600 605
 Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
 610 615 620
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 625 630 635 640

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 645 650 655
 Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 660 665 670
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
 675 680 685
 Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 690 695 700

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
 705 710 715 720
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 725 730 735
 Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 740 745 750
 Thr Ser Glu Ser
 755

<210> 638

<211> 792

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

Synthetic

<400> 638

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly			
1	5	10	15
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu			
	20	25	30
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro			
	35	40	45
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly			
	50	55	60
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser			
65	70	75	80
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro			
	85	90	95
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala			
	100	105	110
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser			
	115	120	125
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser			
	130	135	140
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly			
145	150	155	160
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser			
	165	170	175
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser			
	180	185	190
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly			
	195	200	205
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro			
	210	215	220
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr			
225	230	235	240

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
260 265 270

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
275 280 285

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
290 295 300

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
325 330 335

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
340 345 350

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
355 360 365

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
370 375 380

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
385 390 395 400

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
405 410 415

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
435 440 445

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
450 455 460

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
465 470 475 480

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

485 490 495
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
500 505 510

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
515 520 525

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
545 550 555 560

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
565 570 575

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
580 585 590

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
595 600 605

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
610 615 620

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
625 630 635 640

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
645 650 655

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
660 665 670

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
675 680 685

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
690 695 700

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
705 710 715 720

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
725 730 735

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
740 745 750
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
755 760 765

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
770 775 780

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
785 790

<210> 639

<211> 828

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 639

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
35 40 45

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
50 55 60

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
65 70 75 80

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
85 90 95

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
100 105 110

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
115 120 125

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
130 135 140

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190

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

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
210 215 220

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
225 230 235 240

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
260 265 270

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
275 280 285

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
290 295 300

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
325 330 335

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
340 345 350

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
355 360 365

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
370 375 380

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

385 390 395 400
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 405 410 415

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 420 425 430
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 435 440 445
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 450 455 460
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 465 470 475 480

 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 485 490 495
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
 500 505 510
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 515 520 525
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 530 535 540

 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 545 550 555 560
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 565 570 575
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 580 585 590
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 595 600 605

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 610 615 620
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 625 630 635 640

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
645 650 655

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
660 665 670

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
675 680 685

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
690 695 700

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
705 710 715 720

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
725 730 735

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
740 745 750

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
755 760 765

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
770 775 780

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
785 790 795 800

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
805 810 815

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
820 825

<210> 640

<211> 869

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 640

Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
1 5 10 15

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

20 25 30

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

35 40 45

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

50 55 60

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

65 70 75 80

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

85 90 95

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

100 105 110

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

115 120 125

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

130 135 140

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

145 150 155 160

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

165 170 175

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

180 185 190

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

195 200 205

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

210 215 220

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

225 230 235 240

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

245 250 255

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

260 265 270
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

275 280 285
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

290 295 300
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

305 310 315 320
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

325 330 335
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

340 345 350
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

355 360 365
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

370 375 380
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

385 390 395 400
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

405 410 415
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

420 425 430
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

435 440 445
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

450 455 460
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

465 470 475 480
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

485 490 495
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

500 505 510

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
515 520 525

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

530 535 540

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
545 550 555 560

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
565 570 575

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
580 585 590

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
610 615 620

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
645 650 655

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

660 665 670

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
690 695 700

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
705 710 715 720

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

725 730 735

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
740 745 750

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

785 790 795 800
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
835 840 845

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Arg

865

<210> 641

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 641

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

35 40 45
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

85 90 95
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

100 105 110
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

115 120 125
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser Arg

130 135 140

<210> 642

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 642

Ser Ala Gly Ser Pro Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1 5 10 15

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
50 55 60

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
65 70 75 80

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
85 90 95

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
115 120 125

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
130 135 140

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 145 150 155 160
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 165 170 175
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 180 185 190
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 195 200 205

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 210 215 220
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 225 230 235 240
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 245 250 255
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 260 265 270

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Arg
 275 280 285

<210> 643

<211> 432

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 643

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 1 5 10 15
 Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 20 25 30
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 35 40 45
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 50 55 60

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
85 90 95
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
100 105 110
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
115 120 125
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
130 135 140
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
165 170 175
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
195 200 205
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
210 215 220
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
225 230 235 240
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
245 250 255
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
260 265 270
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
275 280 285
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
290 295 300
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

305 310 315 320
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 325 330 335
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 340 345 350
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

 355 360 365
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 370 375 380
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 385 390 395 400
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 405 410 415
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Glu Ser Ala Ser Arg

 420 425 430
 <210> 644
 <211> 576
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 644
 Ser Ala Gly Ser Pro Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1 5 10 15
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 20 25 30
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 35 40 45

 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 50 55 60
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 65 70 75 80
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

85 90 95
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 100 105 110

 Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 115 120 125
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 130 135 140
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 145 150 155 160
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 165 170 175

 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 180 185 190
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 195 200 205
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 210 215 220
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
 225 230 235 240

 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 245 250 255
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 260 265 270
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 275 280 285
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 290 295 300

 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 305 310 315 320
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 325 330 335

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
340 345 350

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
355 360 365

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
370 375 380

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
385 390 395 400

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
405 410 415

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
420 425 430

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
435 440 445

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
450 455 460

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
465 470 475 480

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
485 490 495

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
500 505 510

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
515 520 525

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
530 535 540

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
545 550 555 560

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Arg
565 570 575

<210> 645

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 645

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

35 40 45

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

50 55 60

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

100 105 110

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

145 150 155 160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

165 170 175

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

210 215 220
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

225 230 235 240
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

245 250 255
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

260 265 270
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

275 280 285
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

290 295 300
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

305 310 315 320
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

325 330 335
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

340 345 350
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

355 360 365
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

370 375 380
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

385 390 395 400
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

405 410 415
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

420 425 430
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

435 440 445
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

450 455 460

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 465 470 475 480
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 485 490 495
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 500 505 510
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 515 520 525
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 530 535 540
 Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 545 550 555 560
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 565 570 575
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 580 585 590
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 595 600 605
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 610 615 620
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 625 630 635 640
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 645 650 655
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 660 665 670
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 675 680 685
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 690 695 700
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

705 710 715 720
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 725 730 735
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

 740 745 750
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 755 760 765
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 770 775 780
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 785 790 795 800
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

 805 810 815
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 820 825 830
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 835 840 845
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser Arg
 850 855 860

<210> 646

<211> 712

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 646

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 35 40 45
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50

55

60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

65 70 75 80

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

165 170 175

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

245 250 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

260 265 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

275 280 285

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

290 295 300

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
305 310 315 320

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
325 330 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
340 345 350

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
355 360 365

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
370 375 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385 390 395 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
405 410 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
435 440 445

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465 470 475 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
485 490 495

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
515 520 525

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
530 535 540

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

545 550 555 560
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
565 570 575

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
580 585 590
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
610 615 620
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
625 630 635 640

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
645 650 655
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
660 665 670
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
675 680 685
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
690 695 700

Thr Ser Thr Glu Ala His His His
705 710

<210> 647

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 647

Gly Ser Pro Gly Ala Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

35 40 45
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 50 55 60
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 65 70 75 80
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 85 90 95
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 100 105 110

 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 115 120 125
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 130 135 140
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 165 170 175

 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 180 185 190
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 195 200 205
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 210 215 220
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 225 230 235 240

 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 245 250 255
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 260 265 270
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 275 280 285

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
290 295 300

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
305 310 315 320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
325 330 335

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
340 345 350

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
355 360 365

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
370 375 380

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
385 390 395 400

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
435 440 445

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
450 455 460

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
465 470 475 480

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
485 490 495

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
500 505 510

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
515 520 525

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

530 535 540
 Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 545 550 555 560

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 565 570 575
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 580 585 590
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 595 600 605
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 610 615 620

 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 625 630 635 640
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 645 650 655
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 660 665 670
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 675 680 685

 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 690 695 700
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 705 710 715 720
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 725 730 735
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 740 745 750

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 755 760 765
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 770 775 780

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 785 790 795 800
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 805 810 815

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 820 825 830
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 835 840 845
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser Arg
 850 855 860

<210> 648

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 648

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1 5 10 15
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 20 25 30
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 35 40 45
 Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 50 55 60
 Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

 65 70 75 80
 Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
 85 90 95
 Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
 100 105 110
 Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
 115 120 125

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

145 150 155 160

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

165 170 175

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

180 185 190

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

195 200 205

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

210 215 220

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

225 230 235 240

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

245 250 255

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

260 265 270

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

275 280 285

<210> 649

<211> 284

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 649

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

35 40 45
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 50 55 60
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 65 70 75 80
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 85 90 95

 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 100 105 110
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 115 120 125
 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 130 135 140
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 145 150 155 160

 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 165 170 175
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 180 185 190
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
 195 200 205
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 210 215 220

 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 225 230 235 240
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
 245 250 255
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 275 280
 <210> 650

<

211> 292

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 650

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

20 25 30

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

35 40 45

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

50 55 60

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

65 70 75 80

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

145 150 155 160

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

165 170 175

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

180 185 190

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

195 200 205

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
210 215 220

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
225 230 235 240

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

245 250 255
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
260 265 270

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
275 280 285

Gly Ser Ala Pro
290

<210> 651

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 651

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1 5 10 15
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
20 25 30

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
35 40 45

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
50 55 60

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

65 70 75 80
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
85 90 95

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
100 105 110

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
115 120 125

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
130 135 140

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
145 150 155 160

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
165 170 175

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
180 185 190

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

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
210 215 220

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
225 230 235 240

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
245 250 255

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
260 265 270

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
275 280 285

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
290 295 300

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
305 310 315 320

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
325 330 335

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
340 345 350

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

355 360 365
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 370 375 380
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

 385 390 395 400
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 405 410 415
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 420 425 430
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 435 440 445
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

 450 455 460
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 465 470 475 480
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 485 490 495
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 500 505 510
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

 515 520 525
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 530 535 540
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 545 550 555 560
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 565 570 575
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

 580 585 590
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 595 600 605

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
610 615 620

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
625 630 635 640

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
660 665 670

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
675 680 685

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
690 695 700

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

705 710 715 720

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
725 730 735

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
740 745 750

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
755 760 765

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

770 775 780

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
805 810 815

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
820 825 830

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

835 840 845

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ala Ala Glu Pro Glu Ala

850 855 860

<210> 652

<211> 867

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 652

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

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

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Gly Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Gly Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Gly Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Gly Ser Gly Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685

Ser Ala Thr Pro Gly Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

690 695 700
 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 705 710 715 720
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 725 730 735

 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 740 745 750
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 755 760 765
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
 770 775 780
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 785 790 795 800

 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 805 810 815
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
 820 825 830
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 835 840 845
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ala Ala Glu
 850 855 860

 Pro Glu Ala
 865
 <210> 653
 <211> 867
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic
 <400> 653
 Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

20 25 30
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 35 40 45

 Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 50 55 60
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 65 70 75 80
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 85 90 95
 Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
 100 105 110

 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 115 120 125
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 130 135 140
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
 145 150 155 160
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 165 170 175

 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 180 185 190
 Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 195 200 205
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 210 215 220
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 225 230 235 240

 Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 245 250 255
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 260 265 270

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
275 280 285

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
290 295 300

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
305 310 315 320

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
325 330 335

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
340 345 350

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
355 360 365

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
370 375 380

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
385 390 395 400

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
405 410 415

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
420 425 430

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
435 440 445

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
450 455 460

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
465 470 475 480

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
485 490 495

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
500 505 510

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

515 520 525
 Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
 530 535 540
 Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 545 550 555 560

 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 565 570 575
 Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 580 585 590
 Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 595 600 605
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 610 615 620

 Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
 625 630 635 640
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 645 650 655
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 660 665 670
 Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 675 680 685

 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 690 695 700
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
 705 710 715 720
 Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 725 730 735
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 740 745 750

 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 755 760 765

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
770 775 780

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
785 790 795 800

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
805 810 815

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
820 825 830

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
835 840 845

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
850 855 860

Ala Pro Gly
865

<210> 654

<211> 868

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 654

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
35 40 45

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
65 70 75 80

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
165 170 175

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

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

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
245 250 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
260 265 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
275 280 285

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
290 295 300

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
305 310 315 320

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
325 330 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

340 345 350
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 355 360 365
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 370 375 380

 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 385 390 395 400
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 405 410 415
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 420 425 430
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 435 440 445

 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 450 455 460
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 465 470 475 480
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 485 490 495
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 500 505 510

 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 515 520 525
 Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
 530 535 540
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 545 550 555 560
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 565 570 575

 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 580 585 590

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
610 615 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Gly Ser Gly Pro Gly Thr Ser
625 630 635 640

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
645 650 655

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
660 665 670

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
675 680 685

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
690 695 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
705 710 715 720

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
725 730 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
740 745 750

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
755 760 765

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
770 775 780

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
785 790 795 800

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
805 810 815

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
820 825 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

835 840 845
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ala Ala
850 855 860

Glu Pro Glu Ala

865

<210> 655

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 655

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 656

<211> 292

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 656

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

20 25 30

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

35 40 45

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

50 55 60

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

65 70 75 80

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

145 150 155 160

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

165 170 175

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

180 185 190

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

195 200 205

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

210 215 220

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

225 230 235 240
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

245 250 255
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

260 265 270
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

275 280 285
Gly Ser Ala Pro

290

<210> 657

<211> 293

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 657

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

35 40 45
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50 55 60
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

65 70 75 80
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

85 90 95
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

100 105 110
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

130

135

140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

145

150

155

160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

165

170

175

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180

185

190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195

200

205

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210

215

220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225

230

235

240

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

245

250

255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

260

265

270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Gly Ala

275

280

285

Ala Glu Pro Glu Ala

290

<210> 658

<211> 300

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 658

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1

5

10

15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 35 40 45
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 50 55 60
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 65 70 75 80
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

 85 90 95
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 100 105 110
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 130 135 140
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 165 170 175
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 245 250 255
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 260 265 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

275 280 285

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ala Ala Glu Pro Glu Ala

290 295 300

<210> 659

<211> 584

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 659

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

35 40 45

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

65 70 75 80

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

165 170 175
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220

 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 245 250 255
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 260 265 270
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 275 280 285

 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 290 295 300
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 305 310 315 320
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 325 330 335
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 340 345 350

 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 355 360 365
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 370 375 380
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 385 390 395 400
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 405 410 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
435 440 445

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465 470 475 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
485 490 495

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
515 520 525

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
530 535 540

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
565 570 575

Pro Gly Ala Ala Glu Pro Glu Ala
580

<210> 660

<400> 660

000

<210> 661

<400> 661

000

<210> 662

<400> 662

000

<210> 663

<400> 663

000

<210> 664

<400> 664

000

<210> 665

<400> 665

000

<210> 666

<400> 666

000

<210> 667

<400> 667

000

<210> 668

<400> 668

000

<210> 669

<400> 669

000

<210> 670

<400> 670

000

<210> 671

<400> 671

000

<210> 672

<400> 672

000

<210> 673

<400> 673

000

<210> 674

<400> 674

000

<210> 675

<400> 675

000

<210> 676

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 676

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

<210> 677

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 677

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
165 170 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

180 185 190

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

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
210 215 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

245 250 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

275 280 285

<210> 678

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 678

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 165 170 175
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 180 185 190
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 195 200 205

 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 210 215 220
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 225 230 235 240
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 245 250 255
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270

 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 275 280 285
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 325 330 335

 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 370 375 380
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575

<210> 679

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 679

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 35 40 45
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 50 55 60
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 65 70 75 80
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 85 90 95
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
 100 105 110
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 115 120 125
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

 130 135 140
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
 145 150 155 160
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 165 170 175
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 180 185 190
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

 195 200 205
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 210 215 220
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 225 230 235 240
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 245 250 255
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

 325 330 335
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 370 375 380
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 405 410 415
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 420 425 430
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

 450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 465 470 475 480
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

 515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 785 790 795 800
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 805 810 815
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
 820 825 830
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 850 855 860

<210> 680

<400> 680

000

<210> 681

<400> 681

000

<210> 682

<400> 682

000

<210> 683

<400> 683

000

<210> 684

<400> 684

000

<210> 685

<400> 685

000

<210> 686

<400> 686

000

<210> 687

<400> 687

000

<210> 688

<400> 688

000

<210> 689

<400> 689

000

<210> 690

<400> 690

000

<210> 691

<400> 691

000

<210> 692

<400> 692

000

<210> 693

<400> 693

000

<210> 694

<400> 694

000

<210> 695

<400> 695

000

<210> 696

<400> 696

000

<210> 697

<400> 697

000

<210> 698

<400> 698

000

<210> 699
<400> 699
000
<210> 700
<400> 700
000
<210> 701
<400> 701
000
<210> 702
<400> 702
000
<210> 703
<400> 703
000
<210> 704
<400> 704
000
<210> 705
<400> 705
000

<210> 706
<400> 706
000
<210> 707
<400> 707
000
<210> 708
<400> 708
000
<210> 709
<400> 709
000
<210> 710

<400> 710
000
<210> 711
<400> 711
000
<210> 712
<400> 712
000
<210> 713
<400> 713
000
<210> 714
<400> 714
000
<210> 715
<400> 715
000
<210> 716
<400> 716
000
<210> 717
<400> 717
000
<210> 718
<400> 718
000
<210> 719
<400> 719
000
<210> 720
<400> 720
000
<210> 721
<400> 721
000

<

<210> 722

<400> 722

000

<210> 723

<400> 723

000

<210> 724

<400> 724

000

<210> 725

<400> 725

000

<210> 726

<400> 726

000

<210> 727

<400> 727

000

<210> 728

<400> 728

000

<210> 729

<400> 729

000

<210> 730

<400> 730

000

<210> 731

<400> 731

000

<210> 732

<400> 732

000

<210> 733

<400> 733
000
<210> 734
<400> 734
000
<210> 735
<400> 735
000
<210> 736
<400> 736
000
<210> 737
<400> 737
000
<210
> 738
<400> 738
000
<210> 739
<400> 739
000
<210> 740
<400> 740
000
<210> 741
<400> 741
000
<210> 742
<400> 742
000
<210> 743
<400> 743
000
<210> 744
<400> 744

000

<210> 745

<400> 745

000

<210> 746

<400> 746

000

<210> 747

<400> 747

000

<210> 748

<400> 748

000

<210> 749

<400> 749

000

<210> 750

<400> 750

000

<210> 751

<400> 751

000

<210> 752

<400> 752

000

<210> 753

<400> 753

000

<210>

754

<400> 754

000

<210> 755

<400> 755

000

<210> 756
 <400> 756
 000
 <210> 757
 <400> 757
 000
 <210> 758
 <400> 758
 000
 <210> 759
 <400> 759
 000
 <210> 760
 <400> 760
 000
 <210> 761
 <400> 761
 000
 <210> 762
 <400> 762
 000
 <210> 763
 <400> 763
 000
 <210> 764
 <400> 764
 000
 <210> 765
 <400> 765
 000
 <210> 766
 <400> 766
 000
 <210> 767
 <400> 767
 000

<210> 768

<400> 768

000

<210> 769

<400> 769

000

<210> 770

<400> 770

000

<210> 771

<400> 771

000

<210> 772

<400> 772

000

<210> 773

<400> 773

000

<210> 774

<400> 774

000

<210> 775

<400> 775

000

<210> 776

<400> 776

000

<210> 777

<400> 777

000

<210> 778

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 778

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Ala Met Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Ser Arg Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Met Asp Ala Ser Gly Ser Tyr Phe Asn Phe Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 779

<211> 115

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 779

Gln Val Gln Leu Leu Gln Ser Ala Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe

50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Trp Arg Asp Ser Pro Leu Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
100 105 110

Val Ser Ser
115

<210> 780

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 780

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Thr

20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Asn Gly Tyr Thr Arg Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ser Arg Trp Gly Gly Asp Gly Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 781

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 781

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

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

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Lys Gln Arg Pro Glu Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Tyr Pro Thr Asn Gly Tyr Thr Arg Tyr Asp Pro Lys Phe

50 55 60

Gln Asp Lys Ala Thr Ile Thr Ala Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Val Ser Arg Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ser Arg Trp Gly Gly Asp Gly Phe Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Ala Ser Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 782

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 782

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Arg Ser Tyr

20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ala Ile Ser Gly Arg Gly Asp Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Lys Met Thr Ser Asn Ala Phe Ala Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 783

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 783

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30
Thr Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Asp Val Asn Pro Asn Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Asn Gln Arg Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Leu Ser Val Asp Arg Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Asn Leu Gly Pro Ser Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 784
<400> 784
000
<210> 785
<400> 785
000
<210> 786
<400> 786
000
<210> 787
<400> 787
000
<210> 788
<400> 788
000
<210> 789
<400> 789
000
<210> 790
<400> 790
000
<210> 791
<400> 791
000

<210> 792
<400> 792
000
<210> 793
<400> 793
000
<210> 794
<400> 794
000
<210> 795

<400> 795
000
<210> 796
<400> 796
000
<210> 797
<400> 797
000
<210> 798
<400> 798
000
<210> 799
<400> 799
000
<210> 800
<400> 800
000
<210> 801
<400> 801
000
<210> 802
<400> 802
000
<210> 803
<400> 803
000
<210> 804
<400> 804
000
<210> 805
<400> 805
000
<210> 806
<400> 806
000
<210> 807

<400> 807
000
<
210> 808
<400> 808
000
<210> 809
<400> 809
000
<210> 810
<400> 810
000
<210> 811
<400> 811
000
<210> 812
<400> 812
000
<210> 813
<400> 813
000
<210> 814
<400> 814
000
<210> 815
<400> 815
000
<210> 816
<400> 816
000
<210> 817
<400> 817
000
<210> 818
<400> 818

000

<210> 819

<400> 819

000

<210> 820

<400> 820

000

<210> 821

<400> 821

000

<210> 822

<400> 822

000

<210> 823

<400> 823

000

<210>

> 824

<400> 824

000

<210> 825

<400> 825

000

<210> 826

<400> 826

000

<210> 827

<400> 827

000

<210> 828

<400> 828

000

<210> 829

<400> 829

000

<210> 830
 <400> 830
 000
 <210> 831
 <400> 831
 000
 <210> 832
 <400> 832
 000
 <210> 833
 <400> 833
 000
 <210> 834
 <400> 834
 000
 <210> 835
 <400> 835
 000
 <210> 836
 <400> 836
 000
 <210> 837
 <400> 837
 000
 <210> 838
 <400> 838
 000
 <210> 839
 <400> 839
 000
 <210>
 840
 <400> 840
 000
 <210> 841

<400> 841
000
<210> 842
<400> 842
000
<210> 843
<400> 843
000
<210> 844
<400> 844
000
<210> 845
<400> 845
000
<210> 846
<400> 846
000
<210> 847
<400> 847
000
<210> 848
<400> 848
000
<210> 849
<400> 849
000
<210> 850
<400> 850
000
<210> 851
<400> 851
000
<210> 852
<400> 852
000
<210> 853

<400> 853
000
<210> 854
<400> 854
000
<210> 855
<400> 855
000
<210> 856

<400> 856
000
<210> 857
<400> 857
000
<210> 858
<400> 858
000
<210> 859
<400> 859
000
<210> 860
<400> 860
000
<210> 861
<400> 861
000
<210> 862
<400> 862
000
<210> 863
<400> 863
000
<210> 864
<400> 864

000

<210> 865

<400> 865

000

<210> 866

<400> 866

000

<210> 867

<400> 867

000

<210> 868

<400> 868

000

<210> 869

<400> 869

000

<210> 870

<400> 870

000

<210> 871

<400> 871

000

<210> 872

<

400> 872

000

<210> 873

<400> 873

000

<210> 874

<400> 874

000

<210> 875

<400> 875

000

<210> 876

<400> 876

000

<210> 877

<400> 877

000

<210> 878

<211> 102

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 878

Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Phe Val Gly Asp Arg Ile Thr Ile

1 5 10 15

Thr Cys Arg Ala Ser Pro Gly Ile Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln

20 25 30

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Thr

35 40 45

Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

50 55 60

Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr

65 70 75 80

Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Leu Ser Phe Gly Gly Gly

85 90 95

Thr Lys Val Glu Ile Lys

100

<210> 879

<211> 110

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 879

Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Phe Ser Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15
 Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Leu Ser Ser Gly Ser Val Ser Thr Ser
 20 25 30
 Tyr Tyr Pro Ser Trp Tyr Gln Gln Thr Pro Gly Gln Ala Pro Arg Thr
 35 40 45

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

<210> 880

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 880

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

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

100 105

<210> 881

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 881

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser His Lys Phe Met Ser Thr Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Ser Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala

20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly His Ser Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Phe Arg Tyr Thr Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly

50 55 60

Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Val Gln Ala

65 70 75 80

Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln His Tyr Thr Thr Pro Pro

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 882

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 882

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly

20 25 30

Tyr Gly Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu

35 40 45
 Leu Ile Tyr Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe
 50 55 60
 Ser Gly Phe Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu

65 70 75 80
 Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Phe Tyr Asp Ser Ser
 85 90 95
 Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105 110

<210> 883

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 883

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly
 20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ile Tyr Pro Tyr
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 884

<400> 884

000

<210> 885
<400> 885
000
<210> 886
<400> 886
000
<210> 887
<400> 887
000
<210> 888
<400> 888
000
<210> 889
<400> 889
000
<210> 890
<400> 890
000
<210> 891
<400> 891
000
<210> 892
<400> 892
000

<210> 893
<400> 893
000
<210> 894
<400> 894
000
<210> 895
<400> 895
000
<210> 896

<400> 896
000
<210> 897
<400> 897
000
<210> 898
<400> 898
000
<210> 899
<400> 899
000
<210> 900
<400> 900
000
<210> 901
<400> 901
000
<210> 902
<400> 902
000
<210> 903
<400> 903
000
<210> 904
<400> 904
000
<210> 905
<400> 905
000
<210> 906
<400> 906
000
<210> 907
<400> 907
000
<210> 908

<400> 908
000
<
210> 909
<400> 909
000
<210> 910
<400> 910
000
<210> 911
<400> 911
000
<210> 912
<400> 912
000
<210> 913
<400> 913
000
<210> 914
<400> 914
000
<210> 915
<400> 915
000
<210> 916
<400> 916
000
<210> 917
<400> 917
000
<210> 918
<400> 918
000
<210> 919
<400> 919

000

<210> 920

<400> 920

000

<210> 921

<400> 921

000

<210> 922

<400> 922

000

<210> 923

<400> 923

000

<210> 924

<400> 924

000

<210>

> 925

<400> 925

000

<210> 926

<400> 926

000

<210> 927

<400> 927

000

<210> 928

<400> 928

000

<210> 929

<400> 929

000

<210> 930

<400> 930

000

<210> 931
<400> 931
000
<210> 932
<400> 932
000
<210> 933
<400> 933
000
<210> 934
<400> 934
000
<210> 935
<400> 935
000
<210> 936
<400> 936
000
<210> 937
<400> 937
000
<210> 938
<400> 938
000
<210> 939
<400> 939
000
<210> 940
<400> 940
000
<210>
941
<400> 941
000
<210> 942

<400> 942
000
<210> 943
<400> 943
000
<210> 944
<400> 944
000
<210> 945
<400> 945
000
<210> 946
<400> 946
000
<210> 947
<400> 947
000
<210> 948
<400> 948
000
<210> 949
<400> 949
000
<210> 950
<400> 950
000
<210> 951
<400> 951
000
<210> 952
<400> 952
000
<210> 953
<400> 953
000
<210> 954

<400> 954
000
<210> 955
<400> 955
000
<210> 956
<400> 956
000
<210> 957

<400> 957
000
<210> 958
<400> 958
000
<210> 959
<400> 959
000
<210> 960
<400> 960
000
<210> 961
<400> 961
000
<210> 962
<400> 962
000
<210> 963
<400> 963
000
<210> 964
<400> 964
000
<210> 965
<400> 965

000

<210> 966

<400> 966

000

<210> 967

<400> 967

000

<210> 968

<400> 968

000

<210> 969

<400> 969

000

<210> 970

<400> 970

000

<210> 971

<400> 971

000

<210> 972

<400> 972

000

<210> 973

<

400> 973

000

<210> 974

<400> 974

000

<210> 975

<400> 975

000

<210> 976

<400> 976

000

<210> 977
<400> 977
000
<210> 978
<400> 978
000
<210> 979
<400> 979
000
<210> 980
<400> 980
000
<210> 981
<400> 981
000
<210> 982
<400> 982
000
<210> 983
<400> 983
000
<210> 984
<400> 984
000
<210> 985
<400> 985
000
<210> 986
<400> 986
000
<210> 987
<400> 987
000
<210> 988
<400> 988
000

<210> 989
<400>
> 989
000
<210> 990
<400> 990
000
<210> 991
<400> 991
000
<210> 992
<400> 992
000
<210> 993
<400> 993
000
<210> 994
<400> 994
000
<210> 995
<400> 995
000
<210> 996
<400> 996
000
<210> 997
<400> 997
000
<210> 998
<400> 998
000
<210> 999
<400> 999
000
<210> 1000

<400> 1000
000
<210> 1001
<400> 1001
000
<210> 1002
<400> 1002
000
<210> 1003
<400> 1003
000
<210> 1004
<400> 1004
000
<210> 1005

<400> 1005
000
<210> 1006
<400> 1006
000
<210> 1007
<400> 1007
000
<210> 1008
<400> 1008
000
<210> 1009
<400> 1009
000
<210> 1010
<400> 1010
000
<210> 1011
<400> 1011

000

<210> 1012

<400> 1012

000

<210> 1013

<400> 1013

000

<210> 1014

<400> 1014

000

<210> 1015

<400> 1015

000

<210> 1016

<400> 1016

000

<210> 1017

<400> 1017

000

<210> 1018

<400> 1018

000

<210> 1019

<400> 1019

000

<210> 1020

<400> 1020

000

<210> 1021

<400> 1021

000

<210> 1022

<400> 1022

000

<210> 1023

<400> 1023

000

<210> 1024

<400> 1024

000

<210> 1025

<400> 1025

000

<210> 1026

<400> 1026

000

<210> 1027

<400> 1027

000

<210> 1028

<400> 1028

000

<210> 1029

<400> 1029

000

<210> 1030

<400> 1030

000

<210> 1031

<400> 1031

000

<210> 1032

<400> 1032

000

<210> 1033

<400> 1033

000

<210> 1034

<400> 1034

000

<210> 1035
<400> 1035
000
<210> 1036
<400> 1036
000
<210> 1037
<
400> 1037
000
<210> 1038
<400> 1038
000
<210> 1039
<400> 1039
000
<210> 1040
<400> 1040
000
<210> 1041
<400> 1041
000
<210> 1042
<400> 1042
000
<210> 1043
<400> 1043
000
<210> 1044
<400> 1044
000
<210> 1045
<400> 1045
000
<210> 1046

<400> 1046
000
<210> 1047
<400> 1047
000
<210> 1048
<400> 1048
000
<210> 1049
<400> 1049
000
<210> 1050
<400> 1050
000
<210> 1051
<400> 1051
000
<210> 1052
<400> 1052
000
<210> 1053
<400>
> 1053
000
<210> 1054
<400> 1054
000
<210> 1055
<400> 1055
000
<210> 1056
<400> 1056
000
<210> 1057
<400> 1057

000

<210> 1058

<400> 1058

000

<210> 1059

<400> 1059

000

<210> 1060

<400> 1060

000

<210> 1061

<400> 1061

000

<210> 1062

<400> 1062

000

<210> 1063

<400> 1063

000

<210> 1064

<400> 1064

000

<210> 1065

<400> 1065

000

<210> 1066

<400> 1066

000

<210> 1067

<400> 1067

000

<210> 1068

<400> 1068

000

<210> 1069

<400>

1069

000

<210> 1070

<400> 1070

000

<210> 1071

<400> 1071

000

<210> 1072

<400> 1072

000

<210> 1073

<400> 1073

000

<210> 1074

<400> 1074

000

<210> 1075

<400> 1075

000

<210> 1076

<400> 1076

000

<210> 1077

<400> 1077

000

<210> 1078

<400> 1078

000

<210> 1079

<400> 1079

000

<210> 1080

<400> 1080

000

<210> 1081

<400> 1081

000

<210> 1082

<400> 1082

000

<210> 1083

<400> 1083

000

<210> 1084

<400> 1084

000

<210> 1085

<400> 1085

000

<210> 1086

<400> 1086

000

<210> 1087

<400> 1087

000

<210> 1088

<400> 1088

000

<210> 1089

<400> 1089

000

<210> 1090

<400> 1090

000

<210> 1091

<400> 1091

000

<210> 1092

<400> 1092

000

<210> 1093

<400> 1093

000

<210> 1094

<400> 1094

000

<210> 1095

<400> 1095

000

<210> 1096

<400> 1096

000

<210> 1097

<400> 1097

000

<210> 1098

<400> 1098

000

<210> 1099

<400> 1099

000

<210> 1100

<400> 1100

000

<210> 1101

<400> 1101

000

<210> 1102

<400> 1102

000

<210> 1103

<400> 1103
000
<210> 1104
<400> 1104
000
<210> 1105
<400> 1105
000
<210> 1106
<400> 1106
000
<210> 1107
<400> 1107
000
<210> 1108
<400> 1108
000
<210> 1109
<400> 1109
000
<210> 1110
<400> 1110
000
<210> 1111
<400> 1111
000
<210> 1112
<400> 1112
000
<210> 1113
<400> 1113
000
<210> 1114
<400> 1114
000
<210> 1115

<400> 1115

000

<210> 1116

<400> 1116

000

<210> 1117

<400> 1117

000

<

210> 1118

<400> 1118

000

<210> 1119

<400> 1119

000

<210> 1120

<400> 1120

000

<210> 1121

<400> 1121

000

<210> 1122

<400> 1122

000

<210> 1123

<400> 1123

000

<210> 1124

<400> 1124

000

<210> 1125

<400> 1125

000

<210> 1126

<400> 1126

000

<210> 1127

<400> 1127

000

<210> 1128

<400> 1128

000

<210> 1129

<400> 1129

000

<210> 1130

<400> 1130

000

<210> 1131

<400> 1131

000

<210> 1132

<400> 1132

000

<210> 1133

<400> 1133

000

<210

> 1134

<400> 1134

000

<210> 1135

<400> 1135

000

<210> 1136

<400> 1136

000

<210> 1137

<400> 1137

000

<210> 1138
<400> 1138
000
<210> 1139
<400> 1139
000
<210> 1140
<400> 1140
000
<210> 1141
<400> 1141
000
<210> 1142
<400> 1142
000
<210> 1143
<400> 1143
000
<210> 1144
<400> 1144
000
<210> 1145
<400> 1145
000
<210> 1146
<400> 1146
000
<210> 1147
<400> 1147
000
<210> 1148
<400> 1148
000
<210> 1149
<400> 1149
000

<210>

1150

<400> 1150

000

<210> 1151

<400> 1151

000

<210> 1152

<400> 1152

000

<210> 1153

<400> 1153

000

<210> 1154

<400> 1154

000

<210> 1155

<400> 1155

000

<210> 1156

<400> 1156

000

<210> 1157

<400> 1157

000

<210> 1158

<400> 1158

000

<210> 1159

<400> 1159

000

<210> 1160

<400> 1160

000

<210> 1161

<400> 1161

000

<210> 1162

<400> 1162

000

<210> 1163

<400> 1163

000

<210> 1164

<400> 1164

000

<210> 1165

<400> 1165

000

<210> 1166

<400> 1166

000

<210> 1167

<400> 1167

000

<210> 1168

<400> 1168

000

<210> 1169

<400> 1169

000

<210> 1170

<400> 1170

000

<210> 1171

<400> 1171

000

<210> 1172

<400> 1172

000

<210> 1173

<400> 1173

000

<210> 1174

<400> 1174

000

<210> 1175

<400> 1175

000

<210> 1176

<400> 1176

000

<210> 1177

<400> 1177

000

<210> 1178

<400> 1178

000

<210> 1179

<400> 1179

000

<210> 1180

<400> 1180

000

<210> 1181

<400> 1181

000

<210> 1182

<

400> 1182

000

<210> 1183

<400> 1183

000

<210> 1184
<400> 1184
000
<210> 1185
<400> 1185
000
<210> 1186
<400> 1186
000
<210> 1187
<400> 1187
000
<210> 1188
<400> 1188
000
<210> 1189
<400> 1189
000
<210> 1190
<400> 1190
000
<210> 1191
<400> 1191
000
<210> 1192
<400> 1192
000
<210> 1193
<400> 1193
000
<210> 1194
<400> 1194
000
<210> 1195
<400> 1195
000

<210> 1196
<400> 1196
000
<210> 1197
<400> 1197
000
<210> 1198
<400>
> 1198
000
<210> 1199
<400> 1199
000
<210> 1200
<400> 1200
000
<210> 1201
<400> 1201
000
<210> 1202
<400> 1202
000
<210> 1203
<400> 1203
000
<210> 1204
<400> 1204
000
<210> 1205
<400> 1205
000
<210> 1206
<400> 1206
000
<210> 1207

<400> 1207
000
<210> 1208
<400> 1208
000
<210> 1209
<400> 1209
000
<210> 1210
<400> 1210
000
<210> 1211
<400> 1211
000
<210> 1212
<400> 1212
000
<210> 1213
<400> 1213
000
<210> 1214
<400>
1214
000
<210> 1215
<400> 1215
000
<210> 1216
<400> 1216
000
<210> 1217
<400> 1217
000
<210> 1218
<400> 1218

000

<210> 1219

<400> 1219

000

<210> 1220

<400> 1220

000

<210> 1221

<400> 1221

000

<210> 1222

<400> 1222

000

<210> 1223

<400> 1223

000

<210> 1224

<400> 1224

000

<210> 1225

<400> 1225

000

<210> 1226

<400> 1226

000

<210> 1227

<400> 1227

000

<210> 1228

<400> 1228

000

<210> 1229

<400> 1229

000

<210> 1230

<400> 1230

000

<210> 1231

<400> 1231

000

<210> 1232

<400> 1232

000

<210> 1233

<400> 1233

000

<210> 1234

<400> 1234

000

<210> 1235

<400> 1235

000

<210> 1236

<400> 1236

000

<210> 1237

<400> 1237

000

<210> 1238

<400> 1238

000

<210> 1239

<400> 1239

000

<210> 1240

<400> 1240

000

<210> 1241

<400> 1241

000

<210> 1242

<400> 1242

000

<210> 1243

<400> 1243

000

<210> 1244

<400> 1244

000

<210> 1245

<400> 1245

000

<210> 1246

<400> 1246

000

<210> 1247

<400> 1247

000

<210> 1248

<400> 1248

000

<210> 1249

<400> 1249

000

<210> 1250

<400> 1250

000

<210> 1251

<400> 1251

000

<210> 1252

<400> 1252

000

<210> 1253

<400> 1253

000

<210> 1254

<400> 1254

000

<210> 1255

<400> 1255

000

<210> 1256

<400> 1256

000

<210> 1257

<400> 1257

000

<210> 1258

<400> 1258

000

<210> 1259

<400> 1259

000

<210> 1260

<400> 1260

000

<210> 1261

<400> 1261

000

<210> 1262

<400> 1262

000

<

210> 1263

<400> 1263

000

<210> 1264

<400> 1264

000

<210> 1265

<400> 1265

000

<210> 1266

<400> 1266

000

<210> 1267

<400> 1267

000

<210> 1268

<400> 1268

000

<210> 1269

<400> 1269

000

<210> 1270

<400> 1270

000

<210> 1271

<400> 1271

000

<210> 1272

<400> 1272

000

<210> 1273

<400> 1273

000

<210> 1274

<400> 1274

000

<210> 1275

<400> 1275

000

<210> 1276

<400> 1276
000
<210> 1277
<400> 1277
000
<210> 1278
<400> 1278
000
<210
> 1279
<400> 1279
000
<210> 1280
<400> 1280
000
<210> 1281
<400> 1281
000
<210> 1282
<400> 1282
000
<210> 1283
<400> 1283
000
<210> 1284
<400> 1284
000
<210> 1285
<400> 1285
000
<210> 1286
<400> 1286
000
<210> 1287
<400> 1287

000

<210> 1288

<400> 1288

000

<210> 1289

<400> 1289

000

<210> 1290

<400> 1290

000

<210> 1291

<400> 1291

000

<210> 1292

<400> 1292

000

<210> 1293

<400> 1293

000

<210> 1294

<400> 1294

000

<210>

1295

<400> 1295

000

<210> 1296

<400> 1296

000

<210> 1297

<400> 1297

000

<210> 1298

<400> 1298

000

<210> 1299
<400> 1299
000
<210> 1300
<400> 1300
000
<210> 1301
<400> 1301
000
<210> 1302
<400> 1302
000
<210> 1303
<400> 1303
000
<210> 1304
<400> 1304
000
<210> 1305
<400> 1305
000
<210> 1306
<400> 1306
000
<210> 1307
<400> 1307
000
<210> 1308
<400> 1308
000
<210> 1309
<400> 1309
000
<210> 1310
<400> 1310
000

<210> 1311

<400> 1311

000

<210> 1312

<400> 1312

000

<210> 1313

<400> 1313

000

<210> 1314

<400> 1314

000

<210> 1315

<400> 1315

000

<210> 1316

<400> 1316

000

<210> 1317

<400> 1317

000

<210> 1318

<400> 1318

000

<210> 1319

<400> 1319

000

<210> 1320

<400> 1320

000

<210> 1321

<400> 1321

000

<210> 1322

<400> 1322

000

<210> 1323

<400> 1323

000

<210> 1324

<400> 1324

000

<210> 1325

<400> 1325

000

<210> 1326

<400> 1326

000

<210> 1327

<

400> 1327

000

<210> 1328

<400> 1328

000

<210> 1329

<400> 1329

000

<210> 1330

<400> 1330

000

<210> 1331

<400> 1331

000

<210> 1332

<400> 1332

000

<210> 1333

<400> 1333

000

<210> 1334

<400> 1334

000

<210> 1335

<400> 1335

000

<210> 1336

<400> 1336

000

<210> 1337

<400> 1337

000

<210> 1338

<400> 1338

000

<210> 1339

<400> 1339

000

<210> 1340

<400> 1340

000

<210> 1341

<400> 1341

000

<210> 1342

<400> 1342

000

<210> 1343

<400>

> 1343

000

<210> 1344

<400> 1344

000

<210> 1345

<400> 1345

000

<210> 1346

<400> 1346

000

<210> 1347

<400> 1347

000

<210> 1348

<400> 1348

000

<210> 1349

<400> 1349

000

<210> 1350

<400> 1350

000

<210> 1351

<400> 1351

000

<210> 1352

<400> 1352

000

<210> 1353

<400> 1353

000

<210> 1354

<400> 1354

000

<210> 1355

<400> 1355

000

<210> 1356

<400> 1356

000

<210> 1357
<400> 1357
000
<210> 1358
<400> 1358
000
<210> 1359
<400>
1359
000
<210> 1360
<400> 1360
000
<210> 1361
<400> 1361
000
<210> 1362
<400> 1362
000
<210> 1363
<400> 1363
000
<210> 1364
<400> 1364
000
<210> 1365
<400> 1365
000
<210> 1366
<400> 1366
000
<210> 1367
<400> 1367
000
<210> 1368

<400> 1368

000

<210> 1369

<400> 1369

000

<210> 1370

<400> 1370

000

<210> 1371

<400> 1371

000

<210> 1372

<400> 1372

000

<210> 1373

<400> 1373

000

<210> 1374

<400> 1374

000

<210> 1375

<400> 1375

000

<210> 1376

<400> 1376

000

<210> 1377

<400> 1377

000

<210> 1378

<400> 1378

000

<210> 1379

<400> 1379

000

<210> 1380

<400> 1380

000

<210> 1381

<400> 1381

000

<210> 1382

<400> 1382

000

<210> 1383

<400> 1383

000

<210> 1384

<400> 1384

000

<210> 1385

<400> 1385

000

<210> 1386

<400> 1386

000

<210> 1387

<400> 1387

000

<210> 1388

<400> 1388

000

<210> 1389

<400> 1389

000

<210> 1390

<400> 1390

000

<210> 1391

<400> 1391

000

<210> 1392

<400> 1392

000

<210> 1393

<400> 1393

000

<210> 1394

<400> 1394

000

<210> 1395

<400> 1395

000

<210> 1396

<400> 1396

000

<210> 1397

<400> 1397

000

<210> 1398

<400> 1398

000

<210> 1399

<400> 1399

000

<210> 1400

<400> 1400

000

<210> 1401

<400> 1401

000

<210> 1402

<400> 1402

000

<210> 1403
<400> 1403
000
<210> 1404
<400> 1404
000
<210> 1405
<400> 1405
000
<210> 1406
<400> 1406
000
<210> 1407
<400> 1407
000
<
210> 1408
<400> 1408
000
<210> 1409
<400> 1409
000
<210> 1410
<400> 1410
000
<210> 1411
<400> 1411
000
<210> 1412
<400> 1412
000
<210> 1413
<400> 1413
000
<210> 1414

<400> 1414
000
<210> 1415
<400> 1415
000
<210> 1416
<400> 1416
000
<210> 1417
<400> 1417
000
<210> 1418
<400> 1418
000
<210> 1419
<400> 1419
000
<210> 1420
<400> 1420
000
<210> 1421
<400> 1421
000
<210> 1422
<400> 1422
000
<210> 1423
<400> 1423
000
<210
> 1424
<400> 1424
000
<210> 1425
<400> 1425

000

<210> 1426

<400> 1426

000

<210> 1427

<400> 1427

000

<210> 1428

<400> 1428

000

<210> 1429

<400> 1429

000

<210> 1430

<400> 1430

000

<210> 1431

<400> 1431

000

<210> 1432

<400> 1432

000

<210> 1433

<400> 1433

000

<210> 1434

<400> 1434

000

<210> 1435

<400> 1435

000

<210> 1436

<400> 1436

000

<210> 1437

<400> 1437

000

<210> 1438

<400> 1438

000

<210> 1439

<400> 1439

000

<210>

1440

<400> 1440

000

<210> 1441

<400> 1441

000

<210> 1442

<400> 1442

000

<210> 1443

<400> 1443

000

<210> 1444

<400> 1444

000

<210> 1445

<400> 1445

000

<210> 1446

<400> 1446

000

<210> 1447

<400> 1447

000

<210> 1448

<400> 1448

000

<210> 1449
<400> 1449
000
<210> 1450
<400> 1450
000
<210> 1451
<400> 1451
000
<210> 1452
<400> 1452
000
<210> 1453
<400> 1453
000
<210> 1454
<400> 1454
000
<210> 1455
<400> 1455
000
<210> 1456

<400> 1456
000
<210> 1457
<400> 1457
000
<210> 1458
<400> 1458
000
<210> 1459
<400> 1459
000
<210> 1460

<400> 1460
000
<210> 1461
<400> 1461
000
<210> 1462
<400> 1462
000
<210> 1463
<400> 1463
000
<210> 1464
<400> 1464
000
<210> 1465
<400> 1465
000
<210> 1466
<400> 1466
000
<210> 1467
<400> 1467
000
<210> 1468
<400> 1468
000
<210> 1469
<400> 1469
000
<210> 1470
<400> 1470
000
<210> 1471
<400> 1471
000
<210> 1472

<

400> 1472

000

<210> 1473

<400> 1473

000

<210> 1474

<400> 1474

000

<210> 1475

<400> 1475

000

<210> 1476

<400> 1476

000

<210> 1477

<400> 1477

000

<210> 1478

<400> 1478

000

<210> 1479

<400> 1479

000

<210> 1480

<400> 1480

000

<210> 1481

<400> 1481

000

<210> 1482

<400> 1482

000

<210> 1483

<400> 1483

000

<210> 1484

<400> 1484

000

<210> 1485

<400> 1485

000

<210> 1486

<400> 1486

000

<210> 1487

<400> 1487

000

<210> 1488

<400

> 1488

000

<210> 1489

<400> 1489

000

<210> 1490

<400> 1490

000

<210> 1491

<400> 1491

000

<210> 1492

<400> 1492

000

<210> 1493

<400> 1493

000

<210> 1494

<400> 1494

000

<210> 1495
<400> 1495
000
<210> 1496
<400> 1496
000
<210> 1497
<400> 1497
000
<210> 1498
<400> 1498
000
<210> 1499
<400> 1499
000
<210> 1500
<400> 1500
000
<210> 1501
<400> 1501
000
<210> 1502
<400> 1502
000
<210> 1503
<400> 1503
000
<210> 1504
<400>
1504
000
<210> 1505
<400> 1505
000
<210> 1506

<400> 1506
000
<210> 1507
<400> 1507
000
<210> 1508
<400> 1508
000
<210> 1509
<400> 1509
000
<210> 1510
<400> 1510
000
<210> 1511
<400> 1511
000
<210> 1512
<400> 1512
000
<210> 1513
<400> 1513
000
<210> 1514
<400> 1514
000
<210> 1515
<400> 1515
000
<210> 1516
<400> 1516
000
<210> 1517
<400> 1517
000
<210> 1518

<400> 1518

000

<210> 1519

<400> 1519

000

<210> 1520

<400> 1520

000

<210> 1521

<400> 1521

000

<210> 1522

<400> 1522

000

<210> 1523

<400> 1523

000

<210> 1524

<400> 1524

000

<210> 1525

<400> 1525

000

<210> 1526

<400> 1526

000

<210> 1527

<400> 1527

000

<210> 1528

<400> 1528

000

<210> 1529

<400> 1529

000

<210> 1530

<400> 1530

000

<210> 1531

<400> 1531

000

<210> 1532

<400> 1532

000

<210> 1533

<400> 1533

000

<210> 1534

<400> 1534

000

<210> 1535

<400> 1535

000

<210> 1536

<400> 1536

000

<210> 1537

<400> 1537

000

<210> 1538

<400> 1538

000

<210> 1539

<400> 1539

000

<210> 1540

<400> 1540

000

<210> 1541

<400> 1541

000

<210> 1542

<400> 1542

000

<210> 1543

<400> 1543

000

<210> 1544

<400> 1544

000

<210> 1545

<400> 1545

000

<210> 1546

<400> 1546

000

<210> 1547

<400> 1547

000

<210> 1548

<400> 1548

000

<210> 1549

<400> 1549

000

<210> 1550

<400> 1550

000

<210> 1551

<400> 1551

000

<210> 1552

<400> 1552

000

<

<210> 1553

<400> 1553

000

<210> 1554

<400> 1554

000

<210> 1555

<400> 1555

000

<210> 1556

<400> 1556

000

<210> 1557

<400> 1557

000

<210> 1558

<400> 1558

000

<210> 1559

<400> 1559

000

<210> 1560

<400> 1560

000

<210> 1561

<400> 1561

000

<210> 1562

<400> 1562

000

<210> 1563

<400> 1563

000

<210> 1564

<400> 1564
000
<210> 1565
<400> 1565
000
<210> 1566
<400> 1566
000
<210> 1567
<400> 1567
000
<210> 1568
<400> 1568
000
<210
> 1569
<400> 1569
000
<210> 1570
<400> 1570
000
<210> 1571
<400> 1571
000
<210> 1572
<400> 1572
000
<210> 1573
<400> 1573
000
<210> 1574
<400> 1574
000
<210> 1575
<400> 1575

000

<210> 1576

<400> 1576

000

<210> 1577

<400> 1577

000

<210> 1578

<400> 1578

000

<210> 1579

<400> 1579

000

<210> 1580

<400> 1580

000

<210> 1581

<400> 1581

000

<210> 1582

<400> 1582

000

<210> 1583

<400> 1583

000

<210> 1584

<400> 1584

000

<210>

1585

<400> 1585

000

<210> 1586

<400> 1586

000

<210> 1587
<400> 1587
000
<210> 1588
<400> 1588
000
<210> 1589
<400> 1589
000
<210> 1590
<400> 1590
000
<210> 1591
<400> 1591
000
<210> 1592
<400> 1592
000
<210> 1593
<400> 1593
000
<210> 1594
<400> 1594
000
<210> 1595
<400> 1595
000
<210> 1596
<400> 1596
000
<210> 1597
<400> 1597
000
<210> 1598
<400> 1598
000

<210> 1599
<400> 1599
000
<210> 1600
<400> 1600
000
<210> 1601

<400> 1601
000
<210> 1602
<400> 1602
000
<210> 1603
<400> 1603
000
<210> 1604
<400> 1604
000
<210> 1605
<400> 1605
000
<210> 1606
<400> 1606
000
<210> 1607
<400> 1607
000
<210> 1608
<400> 1608
000
<210> 1609
<400> 1609
000
<210> 1610

<400> 1610
000
<210> 1611
<400> 1611
000
<210> 1612
<400> 1612
000
<210> 1613
<400> 1613
000
<210> 1614
<400> 1614
000
<210> 1615
<400> 1615
000
<210> 1616
<400> 1616
000
<210> 1617
<
400> 1617
000
<210> 1618
<400> 1618
000
<210> 1619
<400> 1619
000
<210> 1620
<400> 1620
000
<210> 1621
<400> 1621

000

<210> 1622

<400> 1622

000

<210> 1623

<400> 1623

000

<210> 1624

<400> 1624

000

<210> 1625

<400> 1625

000

<210> 1626

<400> 1626

000

<210> 1627

<400> 1627

000

<210> 1628

<400> 1628

000

<210> 1629

<400> 1629

000

<210> 1630

<400> 1630

000

<210> 1631

<400> 1631

000

<210> 1632

<400> 1632

000

<210> 1633

<400

> 1633

000

<210> 1634

<400> 1634

000

<210> 1635

<400> 1635

000

<210> 1636

<400> 1636

000

<210> 1637

<400> 1637

000

<210> 1638

<400> 1638

000

<210> 1639

<400> 1639

000

<210> 1640

<400> 1640

000

<210> 1641

<400> 1641

000

<210> 1642

<400> 1642

000

<210> 1643

<400> 1643

000

<210> 1644

<400> 1644

000

<210> 1645

<400> 1645

000

<210> 1646

<400> 1646

000

<210> 1647

<400> 1647

000

<210> 1648

<400> 1648

000

<210> 1649

<400>

1649

000

<210> 1650

<400> 1650

000

<210> 1651

<400> 1651

000

<210> 1652

<400> 1652

000

<210> 1653

<400> 1653

000

<210> 1654

<400> 1654

000

<210> 1655

<400> 1655

000

<210> 1656
<400> 1656
000
<210> 1657
<400> 1657
000
<210> 1658
<400> 1658
000
<210> 1659
<400> 1659
000
<210> 1660
<400> 1660
000
<210> 1661
<400> 1661
000
<210> 1662
<400> 1662
000
<210> 1663
<400> 1663
000
<210> 1664
<400> 1664
000
<210> 1665
<400> 1665

000
<210> 1666
<400> 1666
000
<210> 1667

<400> 1667
000
<210> 1668
<400> 1668
000
<210> 1669
<400> 1669
000
<210> 1670
<400> 1670
000
<210> 1671
<400> 1671
000
<210> 1672
<400> 1672
000
<210> 1673
<400> 1673
000
<210> 1674
<400> 1674
000
<210> 1675
<400> 1675
000
<210> 1676
<400> 1676
000
<210> 1677
<400> 1677
000
<210> 1678
<400> 1678
000
<210> 1679

<400> 1679

000

<210> 1680

<400> 1680

000

<210> 1681

<400> 1681

000

<210> 1682

<400> 1682

000

<210> 1683

<400> 1683

000

<210> 1684

<400> 1684

000

<210> 1685

<400> 1685

000

<210> 1686

<400> 1686

000

<210> 1687

<400> 1687

000

<210> 1688

<400> 1688

000

<210> 1689

<400> 1689

000

<210> 1690

<400> 1690

000

<210> 1691

<400> 1691

000

<210> 1692

<400> 1692

000

<210> 1693

<400> 1693

000

<210> 1694

<400> 1694

000

<210> 1695

<400> 1695

000

<210> 1696

<400> 1696

000

<210> 1697

<400> 1697

000

<

210> 1698

<400> 1698

000

<210> 1699

<400> 1699

000

<210> 1700

<400> 1700

000

<210> 1701

<400> 1701

000

<210> 1702

<400> 1702

000

<210> 1703

<400> 1703

000

<210> 1704

<400> 1704

000

<210> 1705

<400> 1705

000

<210> 1706

<400> 1706

000

<210> 1707

<400> 1707

000

<210> 1708

<400> 1708

000

<210> 1709

<400> 1709

000

<210> 1710

<400> 1710

000

<210> 1711

<400> 1711

000

<210> 1712

<400> 1712

000

<210> 1713

<400> 1713

000

<210

> 1714

<400> 1714

000

<210> 1715

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1715

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro

1 5 10

<210> 1716

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1716

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser

1 5 10

<210> 1717

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1717

Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala

1 5 10

<210> 1718

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1718

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala

1 5 10

<210> 1719

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1719

Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala

1 5 10

<210> 1720

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1720

Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala

1 5 10

<210> 1721

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1721

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala

1 5 10

<210> 1722

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 1722

Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Ala	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Ser
1				5					10		
<210>	1723										
<400>	1723										
000											
<210>	1724										
<400>	1724										
000											
<210>	1725										
<400>	1725										
000											
<210>	1726										
<400>	1726										
000											
<210>	1727										
<400>	1727										
000											
<210>	1728										
<400>	1728										
000											
<210>	1729										
<400>	1729										
000											
<210>	1730										
<400>	1730										
000											
<210>	1731										
<400>	1731										
000											
<210>	1732										
<400>	1732										
000											
<210>	1733										
<400>	1733										
000											
<210>	1734										

<400> 1734
000
<210
> 1735
<400> 1735
000
<210> 1736
<400> 1736
000
<210> 1737
<400> 1737
000
<210> 1738
<400> 1738
000
<210> 1739
<400> 1739
000
<210> 1740
<400> 1740
000
<210> 1741
<400> 1741
000
<210> 1742
<400> 1742
000
<210> 1743
<400> 1743
000
<210> 1744
<400> 1744
000
<210> 1745
<400> 1745

000

<210> 1746

<400> 1746

000

<210> 1747

<400> 1747

000

<210> 1748

<400> 1748

000

<210> 1749

<400> 1749

000

<210> 1750

<400> 1750

000

<210> 1751

<400> 1751

000

<210> 1752

<400> 1752

000

<210> 1753

<400> 1753

000

<210> 1754

<400> 1754

000

<210> 1755

<400> 1755

000

<210> 1756

<400> 1756

000

<210> 1757
 <400> 1757
 000
 <210> 1758
 <400> 1758
 000
 <210> 1759
 <400> 1759
 000
 <210> 1760
 <400> 1760
 000
 <210> 1761
 <400> 1761
 000
 <210> 1762
 <400> 1762
 000
 <210> 1763
 <400> 1763
 000
 <210> 1764
 <400> 1764
 000
 <210> 1765
 <400>
 > 1765
 000
 <210> 1766
 <400> 1766
 000
 <210> 1767
 <400> 1767
 000
 <210> 1768

<400> 1768
000
<210> 1769
<400> 1769
000
<210> 1770
<400> 1770
000
<210> 1771
<400> 1771
000
<210> 1772
<400> 1772
000
<210> 1773
<400> 1773
000
<210> 1774
<400> 1774
000
<210> 1775
<400> 1775
000
<210> 1776
<400> 1776
000
<210> 1777
<400> 1777
000
<210> 1778
<400> 1778
000
<210> 1779
<400> 1779
000
<210> 1780

<400> 1780

000

<210> 1781

<400> 1781

000

<210> 1782

<400> 1782

000

<210> 1783

<400> 1783

000

<210> 1784

<400> 1784

000

<210> 1785

<400> 1785

000

<210> 1786

<400> 1786

000

<210> 1787

<400> 1787

000

<210> 1788

<400> 1788

000

<210> 1789

<400> 1789

000

<210> 1790

<400> 1790

000

<210> 1791

<400> 1791

000

<210> 1792

<400> 1792

000

<210> 1793

<400> 1793

000

<210> 1794

<400> 1794

000

<210> 1795

<400> 1795

000

<210> 1796

<400> 1796

000

<210> 1797

<400> 1797

000

<210> 1798

<400> 1798

000

<210> 1799

<400> 1799

000

<210> 1800

<400> 1800

000

<210> 1801

<400> 1801

000

<210> 1802

<400> 1802

000

<210> 1803

<400> 1803

000

<210> 1804

<400> 1804

000

<210> 1805

<400> 1805

000

<210> 1806

<400> 1806

000

<210> 1807

<400> 1807

000

<210> 1808

<400> 1808

000

<210> 1809

<400> 1809

000

<210> 1810

<400> 1810

000

<210> 1811

<400> 1811

000

<210> 1812

<400> 1812

000

<

210> 1813

<400> 1813

000

<210> 1814

<400> 1814
000
<210> 1815
<400> 1815
000
<210> 1816
<400> 1816
000
<210> 1817
<400> 1817
000
<210> 1818
<400> 1818
000
<210> 1819
<400> 1819
000
<210> 1820
<400> 1820
000
<210> 1821
<400> 1821
000
<210> 1822
<400> 1822
000
<210> 1823
<400> 1823
000
<210> 1824
<400> 1824
000
<210> 1825
<400> 1825
000
<210> 1826

<400> 1826

000

<210> 1827

<400> 1827

000

<210> 1828

<400> 1828

000

<210

> 1829

<400> 1829

000

<210> 1830

<400> 1830

000

<210> 1831

<400> 1831

000

<210> 1832

<400> 1832

000

<210> 1833

<400> 1833

000

<210> 1834

<400> 1834

000

<210> 1835

<400> 1835

000

<210> 1836

<400> 1836

000

<210> 1837

<400> 1837

000

<210> 1838

<400> 1838

000

<210> 1839

<400> 1839

000

<210> 1840

<400> 1840

000

<210> 1841

<400> 1841

000

<210> 1842

<400> 1842

000

<210> 1843

<400> 1843

000

<210> 1844

<400> 1844

000

<210>

1845

<400> 1845

000

<210> 1846

<400> 1846

000

<210> 1847

<400> 1847

000

<210> 1848

<400> 1848

000

<210> 1849

<400> 1849

000

<210> 1850

<400> 1850

000

<210> 1851

<400> 1851

000

<210> 1852

<400> 1852

000

<210> 1853

<400> 1853

000

<210> 1854

<400> 1854

000

<210> 1855

<400> 1855

000

<210> 1856

<400> 1856

000

<210> 1857

<400> 1857

000

<210> 1858

<400> 1858

000

<210> 1859

<400> 1859

000

<210> 1860

<400> 1860

000

<210> 1861

<400> 1861

000

<210> 1862

<400> 1862

000

<210> 1863

<400> 1863

000

<210> 1864

<400> 1864

000

<210> 1865

<400> 1865

000

<210> 1866

<400> 1866

000

<210> 1867

<400> 1867

000

<210> 1868

<400> 1868

000

<210> 1869

<400> 1869

000

<210> 1870

<400> 1870

000

<210> 1871

<400> 1871

000

<210> 1872

<400> 1872

000

<210> 1873

<400> 1873

000

<210> 1874

<400> 1874

000

<210> 1875

<400> 1875

000

<210> 1876

<400> 1876

000

<210> 1877

<

400> 1877

000

<210> 1878

<400> 1878

000

<210> 1879

<400> 1879

000

<210> 1880

<400> 1880

000

<210> 1881

<400> 1881

000

<210> 1882

<400> 1882

000

<210> 1883

<400> 1883

000

<210> 1884

<400> 1884

000

<210> 1885

<400> 1885

000

<210> 1886

<400> 1886

000

<210> 1887

<400> 1887

000

<210> 1888

<400> 1888

000

<210> 1889

<400> 1889

000

<210> 1890

<400> 1890

000

<210> 1891

<400> 1891

000

<210> 1892

<400> 1892

000

<210> 1893

<400>

> 1893

000

<210> 1894

<400> 1894

000

<210> 1895
<400> 1895
000
<210> 1896
<400> 1896
000
<210> 1897
<400> 1897
000
<210> 1898
<400> 1898
000
<210> 1899
<400> 1899
000
<210> 1900
<400> 1900
000
<210> 1901
<400> 1901
000
<210> 1902
<400> 1902
000
<210> 1903
<400> 1903
000
<210> 1904
<400> 1904
000
<210> 1905
<400> 1905
000
<210> 1906
<400> 1906
000

<210> 1907
<400> 1907
000
<210> 1908
<400> 1908
000
<210> 1909
<400>
1909
000
<210> 1910
<400> 1910
000
<210> 1911
<400> 1911
000
<210> 1912
<400> 1912
000
<210> 1913
<400> 1913
000
<210> 1914
<400> 1914
000
<210> 1915
<400> 1915
000
<210> 1916
<400> 1916
000
<210> 1917
<400> 1917
000
<210> 1918

<400> 1918

000

<210> 1919

<400> 1919

000

<210> 1920

<400> 1920

000

<210> 1921

<400> 1921

000

<210> 1922

<400> 1922

000

<210> 1923

<400> 1923

000

<210> 1924

<400> 1924

000

<210> 1925

<400> 1925

000

<210> 1926

<400> 1926

000

<210> 1927

<400> 1927

000

<210> 1928

<400> 1928

000

<210> 1929

<400> 1929

000

<210> 1930

<400> 1930

000

<210> 1931

<400> 1931

000

<210> 1932

<400> 1932

000

<210> 1933

<400> 1933

000

<210> 1934

<400> 1934

000

<210> 1935

<400> 1935

000

<210> 1936

<400> 1936

000

<210> 1937

<400> 1937

000

<210> 1938

<400> 1938

000

<210> 1939

<400> 1939

000

<210> 1940

<400> 1940

000

<210> 1941

<400> 1941

000

<210> 1942

<400> 1942

000

<210> 1943

<400> 1943

000

<210> 1944

<400> 1944

000

<210> 1945

<400> 1945

000

<210> 1946

<400> 1946

000

<210> 1947

<400> 1947

000

<210> 1948

<400> 1948

000

<210> 1949

<400> 1949

000

<210> 1950

<400> 1950

000

<210> 1951

<400> 1951

000

<210> 1952

<400> 1952

000

<210> 1953
<400> 1953
000
<210> 1954
<400> 1954
000
<210> 1955
<400> 1955
000
<210> 1956
<400> 1956
000
<210> 1957
<400> 1957
000
<
210> 1958
<400> 1958
000
<210> 1959
<400> 1959
000
<210> 1960
<400> 1960
000
<210> 1961
<400> 1961
000
<210> 1962
<400> 1962
000
<210> 1963
<400> 1963
000
<210> 1964

<400> 1964
000
<210> 1965
<400> 1965
000
<210> 1966
<400> 1966
000
<210> 1967
<400> 1967
000
<210> 1968
<400> 1968
000
<210> 1969
<400> 1969
000
<210> 1970
<400> 1970
000
<210> 1971
<400> 1971
000
<210> 1972
<400> 1972
000
<210> 1973
<400> 1973
000
<210
> 1974
<400> 1974
000
<210> 1975
<400> 1975

000

<210> 1976

<400> 1976

000

<210> 1977

<400> 1977

000

<210> 1978

<400> 1978

000

<210> 1979

<400> 1979

000

<210> 1980

<400> 1980

000

<210> 1981

<400> 1981

000

<210> 1982

<400> 1982

000

<210> 1983

<400> 1983

000

<210> 1984

<400> 1984

000

<210> 1985

<400> 1985

000

<210> 1986

<400> 1986

000

<210> 1987

<400> 1987

000

<210> 1988

<400> 1988

000

<210> 1989

<400> 1989

000

<210>

1990

<400> 1990

000

<210> 1991

<400> 1991

000

<210> 1992

<400> 1992

000

<210> 1993

<400> 1993

000

<210> 1994

<400> 1994

000

<210> 1995

<400> 1995

000

<210> 1996

<400> 1996

000

<210> 1997

<400> 1997

000

<210> 1998

<400> 1998

000

<210> 1999
<400> 1999
000
<210> 2000
<400> 2000
000
<210> 2001
<400> 2001
000
<210> 2002
<400> 2002
000
<210> 2003
<400> 2003
000
<210> 2004
<400> 2004
000
<210> 2005
<400> 2005
000
<210> 2006

<400> 2006
000
<210> 2007
<400> 2007
000
<210> 2008
<400> 2008
000
<210> 2009
<400> 2009
000
<210> 2010

<400> 2010
000
<210> 2011
<400> 2011
000
<210> 2012
<400> 2012
000
<210> 2013
<400> 2013
000
<210> 2014
<400> 2014
000
<210> 2015
<400> 2015
000
<210> 2016
<400> 2016
000
<210> 2017
<400> 2017
000
<210> 2018
<400> 2018
000
<210> 2019
<400> 2019
000
<210> 2020
<400> 2020
000
<210> 2021
<400> 2021
000
<210> 2022

<

400> 2022

000

<210> 2023

<400> 2023

000

<210> 2024

<400> 2024

000

<210> 2025

<400> 2025

000

<210> 2026

<400> 2026

000

<210> 2027

<400> 2027

000

<210> 2028

<400> 2028

000

<210> 2029

<400> 2029

000

<210> 2030

<400> 2030

000

<210> 2031

<400> 2031

000

<210> 2032

<400> 2032

000

<210> 2033

<400> 2033

000

<210> 2034

<400> 2034

000

<210> 2035

<400> 2035

000

<210> 2036

<400> 2036

000

<210> 2037

<400> 2037

000

<210> 2038

<400

> 2038

000

<210> 2039

<400> 2039

000

<210> 2040

<400> 2040

000

<210> 2041

<400> 2041

000

<210> 2042

<400> 2042

000

<210> 2043

<400> 2043

000

<210> 2044

<400> 2044

000

<210> 2045
<400> 2045
000
<210> 2046
<400> 2046
000
<210> 2047
<400> 2047
000
<210> 2048
<400> 2048
000
<210> 2049
<400> 2049
000
<210> 2050
<400> 2050
000
<210> 2051
<400> 2051
000
<210> 2052
<400> 2052
000
<210> 2053
<400> 2053
000
<210> 2054
<400>
2054
000
<210> 2055
<400> 2055
000
<210> 2056

<400> 2056
000
<210> 2057
<400> 2057
000
<210> 2058
<400> 2058
000
<210> 2059
<400> 2059
000
<210> 2060
<400> 2060
000
<210> 2061
<400> 2061
000
<210> 2062
<400> 2062
000
<210> 2063
<400> 2063
000
<210> 2064
<400> 2064
000
<210> 2065
<400> 2065
000
<210> 2066
<400> 2066
000
<210> 2067
<400> 2067
000
<210> 2068

<400> 2068

000

<210> 2069

<400> 2069

000

<210> 2070

<400> 2070

000

<210> 2071

<400> 2071

000

<210> 2072

<400> 2072

000

<210> 2073

<400> 2073

000

<210> 2074

<400> 2074

000

<210> 2075

<400> 2075

000

<210> 2076

<400> 2076

000

<210> 2077

<400> 2077

000

<210> 2078

<400> 2078

000

<210> 2079

<400> 2079

000

<210> 2080

<400> 2080

000

<210> 2081

<400> 2081

000

<210> 2082

<400> 2082

000

<210> 2083

<400> 2083

000

<210> 2084

<400> 2084

000

<210> 2085

<400> 2085

000

<210> 2086

<400> 2086

000

<210> 2087

<400> 2087

000

<210> 2088

<400> 2088

000

<210> 2089

<400> 2089

000

<210> 2090

<400> 2090

000

<210> 2091

<400> 2091

000

<210> 2092

<400> 2092

000

<210> 2093

<400> 2093

000

<210> 2094

<400> 2094

000

<210> 2095

<400> 2095

000

<210> 2096

<400> 2096

000

<210> 2097

<400> 2097

000

<210> 2098

<400> 2098

000

<210> 2099

<400> 2099

000

<210> 2100

<400> 2100

000

<210> 2101

<400> 2101

000

<210> 2102

<400> 2102

000

<

<210> 2103

<400> 2103

000

<210> 2104

<400> 2104

000

<210> 2105

<400> 2105

000

<210> 2106

<400> 2106

000

<210> 2107

<400> 2107

000

<210> 2108

<400> 2108

000

<210> 2109

<400> 2109

000

<210> 2110

<400> 2110

000

<210> 2111

<400> 2111

000

<210> 2112

<400> 2112

000

<210> 2113

<400> 2113

000

<210> 2114

<400> 2114
000
<210> 2115
<400> 2115
000
<210> 2116
<400> 2116
000
<210> 2117
<400> 2117
000
<210> 2118
<400> 2118
000
<210
> 2119
<400> 2119
000
<210> 2120
<400> 2120
000
<210> 2121
<400> 2121
000
<210> 2122
<400> 2122
000
<210> 2123
<400> 2123
000
<210> 2124
<400> 2124
000
<210> 2125
<400> 2125

000

<210> 2126

<400> 2126

000

<210> 2127

<400> 2127

000

<210> 2128

<400> 2128

000

<210> 2129

<400> 2129

000

<210> 2130

<400> 2130

000

<210> 2131

<400> 2131

000

<210> 2132

<400> 2132

000

<210> 2133

<400> 2133

000

<210> 2134

<400> 2134

000

<210>

2135

<400> 2135

000

<210> 2136

<400> 2136

000

<210> 2137

<400> 2137

000

<210> 2138

<400> 2138

000

<210> 2139

<400> 2139

000

<210> 2140

<400> 2140

000

<210> 2141

<400> 2141

000

<210> 2142

<400> 2142

000

<210> 2143

<400> 2143

000

<210> 2144

<400> 2144

000

<210> 2145

<400> 2145

000

<210> 2146

<400> 2146

000

<210> 2147

<400> 2147

000

<210> 2148

<400> 2148

000

<210> 2149

<400> 2149

000

<210> 2150

<400> 2150

000

<210> 2151

<400> 2151

000

<210> 2152

<400> 2152

000

<210> 2153

<400> 2153

000

<210> 2154

<400> 2154

000

<210> 2155

<400> 2155

000

<210> 2156

<400> 2156

000

<210> 2157

<400> 2157

000

<210> 2158

<400> 2158

000

<210> 2159

<400> 2159

000

<210> 2160

<400> 2160
000
<210> 2161
<400> 2161
000
<210> 2162
<400> 2162
000
<210> 2163
<400> 2163
000
<210> 2164
<400> 2164
000
<210> 2165
<400> 2165
000
<210> 2166
<400> 2166
000
<210> 2167
<
400> 2167
000
<210> 2168
<400> 2168
000
<210> 2169
<400> 2169
000
<210> 2170
<400> 2170
000
<210> 2171
<400> 2171

000

<210> 2172

<400> 2172

000

<210> 2173

<400> 2173

000

<210> 2174

<400> 2174

000

<210> 2175

<400> 2175

000

<210> 2176

<400> 2176

000

<210> 2177

<400> 2177

000

<210> 2178

<400> 2178

000

<210> 2179

<400> 2179

000

<210> 2180

<400> 2180

000

<210> 2181

<400> 2181

000

<210> 2182

<400> 2182

000

<210> 2183

<400

> 2183

000

<210> 2184

<400> 2184

000

<210> 2185

<400> 2185

000

<210> 2186

<400> 2186

000

<210> 2187

<400> 2187

000

<210> 2188

<400> 2188

000

<210> 2189

<400> 2189

000

<210> 2190

<400> 2190

000

<210> 2191

<400> 2191

000

<210> 2192

<400> 2192

000

<210> 2193

<400> 2193

000

<210> 2194

<400> 2194

000

<210> 2195

<400> 2195

000

<210> 2196

<400> 2196

000

<210> 2197

<400> 2197

000

<210> 2198

<400> 2198

000

<210> 2199

<400>

2199

000

<210> 2200

<400> 2200

000

<210> 2201

<400> 2201

000

<210> 2202

<400> 2202

000

<210> 2203

<400> 2203

000

<210> 2204

<400> 2204

000

<210> 2205

<400> 2205

000

<210> 2206
<400> 2206
000
<210> 2207
<400> 2207
000
<210> 2208
<400> 2208
000
<210> 2209
<400> 2209
000
<210> 2210
<400> 2210
000
<210> 2211
<400> 2211
000
<210> 2212
<400> 2212
000
<210> 2213
<400> 2213
000
<210> 2214
<400> 2214
000
<210> 2215
<400> 2215

000
<210> 2216
<400> 2216
000
<210> 2217

<400> 2217
000
<210> 2218
<400> 2218
000
<210> 2219
<400> 2219
000
<210> 2220
<400> 2220
000
<210> 2221
<400> 2221
000
<210> 2222
<400> 2222
000
<210> 2223
<400> 2223
000
<210> 2224
<400> 2224
000
<210> 2225
<400> 2225
000
<210> 2226
<400> 2226
000
<210> 2227
<400> 2227
000
<210> 2228
<400> 2228
000
<210> 2229

<400> 2229

000

<210> 2230

<400> 2230

000

<210> 2231

<400> 2231

000

<210> 2232

<400> 2232

000

<210> 2233

<400> 2233

000

<210> 2234

<400> 2234

000

<210> 2235

<400> 2235

000

<210> 2236

<400> 2236

000

<210> 2237

<400> 2237

000

<210> 2238

<400> 2238

000

<210> 2239

<400> 2239

000

<210> 2240

<400> 2240

000

<210> 2241

<400> 2241

000

<210> 2242

<400> 2242

000

<210> 2243

<400> 2243

000

<210> 2244

<400> 2244

000

<210> 2245

<400> 2245

000

<210> 2246

<400> 2246

000

<210> 2247

<400> 2247

000

<

210> 2248

<400> 2248

000

<210> 2249

<400> 2249

000

<210> 2250

<400> 2250

000

<210> 2251

<400> 2251

000

<210> 2252

<400> 2252

000

<210> 2253

<400> 2253

000

<210> 2254

<400> 2254

000

<210> 2255

<400> 2255

000

<210> 2256

<400> 2256

000

<210> 2257

<400> 2257

000

<210> 2258

<400> 2258

000

<210> 2259

<400> 2259

000

<210> 2260

<400> 2260

000

<210> 2261

<400> 2261

000

<210> 2262

<400> 2262

000

<210> 2263

<400> 2263

000

<210

> 2264

<400> 2264

000

<210> 2265

<400> 2265

000

<210> 2266

<400> 2266

000

<210> 2267

<400> 2267

000

<210> 2268

<400> 2268

000

<210> 2269

<400> 2269

000

<210> 2270

<400> 2270

000

<210> 2271

<400> 2271

000

<210> 2272

<400> 2272

000

<210> 2273

<400> 2273

000

<210> 2274

<400> 2274

000

<210> 2275

<400> 2275

000

<210> 2276

<400> 2276

000

<210> 2277

<400> 2277

000

<210> 2278

<400> 2278

000

<210> 2279

<400> 2279

000

<210>

2280

<400> 2280

000

<210> 2281

<400> 2281

000

<210> 2282

<400> 2282

000

<210> 2283

<400> 2283

000

<210> 2284

<400> 2284

000

<210> 2285

<400> 2285

000

<210> 2286

<400> 2286

000

<210> 2287

<400> 2287

000

<210> 2288

<400> 2288

000

<210> 2289

<400> 2289

000

<210> 2290

<400> 2290

000

<210> 2291

<400> 2291

000

<210> 2292

<400> 2292

000

<210> 2293

<400> 2293

000

<210> 2294

<400> 2294

000

<210> 2295

<400> 2295

000

<210> 2296

<400> 2296

000

<210> 2297

<400> 2297

000

<210> 2298

<400> 2298

000

<210> 2299

<400> 2299

000

<210> 2300

<400> 2300

000

<210> 2301

<400> 2301

000

<210> 2302

<400> 2302

000

<210> 2303

<400> 2303

000

<210> 2304

<400> 2304

000

<210> 2305

<400> 2305

000

<210> 2306

<400> 2306

000

<210> 2307

<400> 2307

000

<210> 2308

<400> 2308

000

<210> 2309

<400> 2309

000

<210> 2310

<400> 2310

000

<210> 2311

<400> 2311

000

<210> 2312

<

400> 2312

000

<210> 2313

<400> 2313

000

<210> 2314

<400> 2314

000

<210> 2315

<400> 2315

000

<210> 2316

<400> 2316

000

<210> 2317

<400> 2317

000

<210> 2318

<400> 2318

000

<210> 2319

<400> 2319

000

<210> 2320

<400> 2320

000

<210> 2321

<400> 2321

000

<210> 2322

<400> 2322

000

<210> 2323

<400> 2323

000

<210> 2324

<400> 2324

000

<210> 2325

<400> 2325

000

<210> 2326

<400> 2326

000

<210> 2327

<400> 2327

000

<210> 2328

<400

> 2328

000

<210> 2329

<400> 2329

000

<210> 2330

<400> 2330

000

<210> 2331

<400> 2331

000

<210> 2332

<400> 2332

000

<210> 2333

<400> 2333

000

<210> 2334

<400> 2334

000

<210> 2335

<400> 2335

000

<210> 2336

<400> 2336

000

<210> 2337

<400> 2337

000

<210> 2338

<400> 2338

000

<210> 2339

<400> 2339

000

<210> 2340

<400> 2340

000

<210> 2341

<400> 2341

000

<210> 2342

<400> 2342

000

<210> 2343

<400> 2343

000

<210> 2344

<400>

2344

000

<210> 2345

<400> 2345

000

<210> 2346

<400> 2346

000

<210> 2347

<400> 2347

000

<210> 2348

<400> 2348

000

<210> 2349

<400> 2349

000

<210> 2350

<400> 2350

000

<210> 2351

<400> 2351

000

<210> 2352

<400> 2352

000

<210> 2353

<400> 2353

000

<210> 2354

<400> 2354

000

<210> 2355

<400> 2355

000

<210> 2356

<400> 2356

000

<210> 2357

<400> 2357

000

<210> 2358

<400> 2358

000

<210> 2359

<400> 2359

000

<210> 2360

<400> 2360

000

<210> 2361

<400> 2361

000

<210> 2362

<400> 2362

000

<210> 2363

<400> 2363

000

<210> 2364

<400> 2364

000

<210> 2365

<400> 2365

000

<210> 2366

<400> 2366

000

<210> 2367

<400> 2367

000

<210> 2368

<400> 2368

000

<210> 2369

<400> 2369

000

<210> 2370

<400> 2370

000

<210> 2371

<400> 2371

000

<210> 2372

<400> 2372

000

<210> 2373

<400> 2373

000

<210> 2374

<400> 2374

000

<210> 2375

<400> 2375

000

<210> 2376

<400> 2376

000

<210> 2377

<400> 2377

000

<210> 2378

<400> 2378

000

<210> 2379

<400> 2379

000

<210> 2380

<400> 2380

000

<210> 2381

<400> 2381

000

<210> 2382

<400> 2382

000

<210> 2383

<400> 2383

000

<210> 2384

<400> 2384

000

<210> 2385

<400> 2385

000

<210> 2386

<400> 2386

000

<210> 2387

<400> 2387

000

<210> 2388

<400> 2388

000

<210> 2389

<400> 2389

000

<210> 2390

<400> 2390

000

<210> 2391

<400> 2391

000

<210> 2392

<400> 2392

000

<

210> 2393

<400> 2393

000

<210> 2394

<400> 2394

000

<210> 2395

<400> 2395

000

<210> 2396

<400> 2396

000

<210> 2397

<400> 2397

000

<210> 2398

<400> 2398

000

<210> 2399

<400> 2399

000

<210> 2400

<400> 2400

000

<210> 2401

<400> 2401

000

<210> 2402

<400> 2402

000

<210> 2403

<400> 2403

000

<210> 2404

<400> 2404

000

<210> 2405

<400> 2405

000

<210> 2406

<400> 2406

000

<210> 2407

<400> 2407

000

<210> 2408

<400> 2408

000

<210

> 2409

<400> 2409

000

<210> 2410

<400> 2410

000

<210> 2411

<400> 2411

000

<210> 2412

<400> 2412

000

<210> 2413

<400> 2413

000

<210> 2414

<400> 2414

000

<210> 2415

<400> 2415

000

<210> 2416

<400> 2416

000

<210> 2417

<400> 2417

000

<210> 2418

<400> 2418

000

<210> 2419

<400> 2419

000

<210> 2420

<400> 2420

000

<210> 2421

<400> 2421

000

<210> 2422

<400> 2422

000

<210> 2423

<400> 2423

000

<210> 2424

<400> 2424

000

<210>

2425

<400> 2425

000

<210> 2426

<400> 2426

000

<210> 2427

<400> 2427

000

<210> 2428

<400> 2428

000

<210> 2429

<400> 2429

000

<210> 2430

<400> 2430

000

<210> 2431

<400> 2431

000

<210> 2432

<400> 2432

000

<210> 2433

<400> 2433

000

<210> 2434

<400> 2434

000

<210> 2435

<400> 2435

000

<210> 2436

<400> 2436

000

<210> 2437

<400> 2437

000

<210> 2438

<400> 2438

000

<210> 2439

<400> 2439

000

<210> 2440

<400> 2440

000

<210> 2441

<400> 2441

000

<210> 2442

<400> 2442

000

<210> 2443

<400> 2443

000

<210> 2444

<400> 2444

000

<210> 2445

<400> 2445

000

<210> 2446

<400> 2446

000

<210> 2447

<400> 2447

000

<210> 2448

<400> 2448

000

<210> 2449

<400> 2449

000

<210> 2450

<400> 2450

000

<210> 2451

<400> 2451

000

<210> 2452

<400> 2452

000

<210> 2453

<400> 2453

000

<210> 2454

<400> 2454

000

<210> 2455

<400> 2455

000

<210> 2456

<400> 2456

000

<210> 2457

<

400> 2457

000

<210> 2458

<400> 2458

000

<210> 2459
<400> 2459
000
<210> 2460
<400> 2460
000
<210> 2461
<400> 2461
000
<210> 2462
<400> 2462
000
<210> 2463
<400> 2463
000
<210> 2464
<400> 2464
000
<210> 2465
<400> 2465
000
<210> 2466
<400> 2466
000
<210> 2467
<400> 2467
000
<210> 2468
<400> 2468
000
<210> 2469
<400> 2469
000
<210> 2470
<400> 2470
000

<210> 2471
<400> 2471
000
<210> 2472
<400> 2472
000
<210> 2473
<400>
> 2473
000
<210> 2474
<400> 2474
000
<210> 2475
<400> 2475
000
<210> 2476
<400> 2476
000
<210> 2477
<400> 2477
000
<210> 2478
<400> 2478
000
<210> 2479
<400> 2479
000
<210> 2480
<400> 2480
000
<210> 2481
<400> 2481
000
<210> 2482

<400> 2482
000
<210> 2483
<400> 2483
000
<210> 2484
<400> 2484
000
<210> 2485
<400> 2485
000
<210> 2486
<400> 2486
000
<210> 2487
<400> 2487
000
<210> 2488
<400> 2488
000
<210> 2489
<400>
2489
000
<210> 2490
<400> 2490
000
<210> 2491
<400> 2491
000
<210> 2492
<400> 2492
000
<210> 2493
<400> 2493

000

<210> 2494

<400> 2494

000

<210> 2495

<400> 2495

000

<210> 2496

<400> 2496

000

<210> 2497

<400> 2497

000

<210> 2498

<400> 2498

000

<210> 2499

<400> 2499

000

<210> 2500

<400> 2500

000

<210> 2501

<400> 2501

000

<210> 2502

<400> 2502

000

<210> 2503

<400> 2503

000

<210> 2504

<400> 2504

000

<210> 2505

<400> 2505

000

<210> 2506

<400> 2506

000

<210> 2507

<400> 2507

000

<210> 2508

<400> 2508

000

<210> 2509

<400> 2509

000

<210> 2510

<400> 2510

000

<210> 2511

<400> 2511

000

<210> 2512

<400> 2512

000

<210> 2513

<400> 2513

000

<210> 2514

<400> 2514

000

<210> 2515

<400> 2515

000

<210> 2516

<400> 2516

000

<210> 2517

<400> 2517

000

<210> 2518

<400> 2518

000

<210> 2519

<400> 2519

000

<210> 2520

<400> 2520

000

<210> 2521

<400> 2521

000

<210> 2522

<400> 2522

000

<210> 2523

<400> 2523

000

<210> 2524

<400> 2524

000

<210> 2525

<400> 2525

000

<210> 2526

<400> 2526

000

<210> 2527

<400> 2527

000

<210> 2528

<400> 2528

000

<210> 2529

<400> 2529

000

<210> 2530

<400> 2530

000

<210> 2531

<400> 2531

000

<210> 2532

<400> 2532

000

<210> 2533

<400> 2533

000

<210> 2534

<400> 2534

000

<210> 2535

<400> 2535

000

<210> 2536

<400> 2536

000

<210> 2537

<400> 2537

000

<

210> 2538

<400> 2538

000

<210> 2539

<400> 2539
000
<210> 2540
<400> 2540
000
<210> 2541
<400> 2541
000
<210> 2542
<400> 2542
000
<210> 2543
<400> 2543
000
<210> 2544
<400> 2544
000
<210> 2545
<400> 2545
000
<210> 2546
<400> 2546
000
<210> 2547
<400> 2547
000
<210> 2548
<400> 2548
000
<210> 2549
<400> 2549
000
<210> 2550
<400> 2550
000
<210> 2551

<400> 2551
000
<210> 2552
<400> 2552
000
<210> 2553
<400> 2553
000
<210
> 2554
<400> 2554
000
<210> 2555
<400> 2555
000
<210> 2556
<400> 2556
000
<210> 2557
<400> 2557
000
<210> 2558
<400> 2558
000
<210> 2559
<400> 2559
000
<210> 2560
<400> 2560
000
<210> 2561
<400> 2561
000
<210> 2562
<400> 2562

000

<210> 2563

<400> 2563

000

<210> 2564

<400> 2564

000

<210> 2565

<400> 2565

000

<210> 2566

<400> 2566

000

<210> 2567

<400> 2567

000

<210> 2568

<400> 2568

000

<210> 2569

<400> 2569

000

<210>

2570

<400> 2570

000

<210> 2571

<400> 2571

000

<210> 2572

<400> 2572

000

<210> 2573

<400> 2573

000

<210> 2574

<400> 2574

000

<210> 2575

<400> 2575

000

<210> 2576

<400> 2576

000

<210> 2577

<400> 2577

000

<210> 2578

<400> 2578

000

<210> 2579

<400> 2579

000

<210> 2580

<400> 2580

000

<210> 2581

<400> 2581

000

<210> 2582

<400> 2582

000

<210> 2583

<400> 2583

000

<210> 2584

<400> 2584

000

<210> 2585

<400> 2585

000

<210> 2586

<400> 2586

000

<210> 2587

<400> 2587

000

<210> 2588

<400> 2588

000

<210> 2589

<400> 2589

000

<210> 2590

<400> 2590

000

<210> 2591

<400> 2591

000

<210> 2592

<400> 2592

000

<210> 2593

<400> 2593

000

<210> 2594

<400> 2594

000

<210> 2595

<400> 2595

000

<210> 2596

<400> 2596

000

<210> 2597

<400> 2597

000

<210> 2598

<400> 2598

000

<210> 2599

<400> 2599

000

<210> 2600

<400> 2600

000

<210> 2601

<400> 2601

000

<210> 2602

<

400> 2602

000

<210> 2603

<400> 2603

000

<210> 2604

<400> 2604

000

<210> 2605

<400> 2605

000

<210> 2606

<400> 2606

000

<210> 2607

<400> 2607

000

<210> 2608

<400> 2608

000

<210> 2609

<400> 2609

000

<210> 2610

<400> 2610

000

<210> 2611

<400> 2611

000

<210> 2612

<400> 2612

000

<210> 2613

<400> 2613

000

<210> 2614

<400> 2614

000

<210> 2615

<400> 2615

000

<210> 2616

<400> 2616

000

<210> 2617

<400> 2617

000

<210> 2618

<400>

> 2618

000

<210> 2619

<400> 2619

000

<210> 2620

<400> 2620

000

<210> 2621

<400> 2621

000

<210> 2622

<400> 2622

000

<210> 2623

<400> 2623

000

<210> 2624

<400> 2624

000

<210> 2625

<400> 2625

000

<210> 2626

<400> 2626

000

<210> 2627

<400> 2627

000

<210> 2628

<400> 2628

000

<210> 2629

<400> 2629

000

<210> 2630

<400> 2630

000

<210> 2631

<400> 2631

000

<210> 2632

<400> 2632

000

<210> 2633

<400> 2633

000

<210> 2634

<400>

2634

000

<210> 2635

<400> 2635

000

<210> 2636

<400> 2636

000

<210> 2637

<400> 2637

000

<210> 2638

<400> 2638

000

<210> 2639

<400> 2639

000

<210> 2640

<400> 2640

000

<210> 2641

<400> 2641

000

<210> 2642

<400> 2642

000

<210> 2643

<400> 2643

000

<210> 2644

<400> 2644

000

<210> 2645

<400> 2645

000

<210> 2646

<400> 2646

000

<210> 2647

<400> 2647

000

<210> 2648

<400> 2648

000

<210> 2649

<400> 2649

000

<210> 2650

<400> 2650

000

<210> 2651

<400> 2651

000

<210> 2652

<400> 2652

000

<210> 2653

<400> 2653

000

<210> 2654

<400> 2654

000

<210> 2655

<400> 2655

000

<210> 2656

<400> 2656

000

<210> 2657

<400> 2657

000

<210> 2658

<400> 2658

000

<210> 2659

<400> 2659

000

<210> 2660

<400> 2660

000

<210> 2661

<400> 2661

000

<210> 2662

<400> 2662

000

<210> 2663

<400> 2663

000

<210> 2664

<400> 2664

000

<210> 2665

<400> 2665

000

<210> 2666

<400> 2666

000

<210> 2667

<400> 2667

000

<210> 2668

<400> 2668

000

<210> 2669

<400> 2669

000

<210> 2670

<400> 2670

000

<210> 2671

<400> 2671

000

<210> 2672

<400> 2672

000

<210> 2673

<400> 2673

000

<210> 2674

<400> 2674

000

<210> 2675

<400> 2675

000

<210> 2676

<400> 2676

000

<210> 2677

<400> 2677

000

<210> 2678

<400> 2678

000

<210> 2679

<400> 2679

000

<210> 2680

<400> 2680

000

<210> 2681

<400> 2681

000

<210> 2682

<400> 2682

000

<

210> 2683

<400> 2683

000

<210> 2684

<400> 2684

000

<210> 2685

<400> 2685

000

<210> 2686

<400> 2686

000

<210> 2687

<400> 2687

000

<210> 2688

<400> 2688

000

<210> 2689

<400> 2689
000
<210> 2690
<400> 2690
000
<210> 2691
<400> 2691
000
<210> 2692
<400> 2692
000
<210> 2693
<400> 2693
000
<210> 2694
<400> 2694
000
<210> 2695
<400> 2695
000
<210> 2696
<400> 2696
000
<210> 2697
<400> 2697
000
<210> 2698
<400> 2698
000
<210
> 2699
<400> 2699
000
<210> 2700
<400> 2700

000

<210> 2701

<400> 2701

000

<210> 2702

<400> 2702

000

<210> 2703

<400> 2703

000

<210> 2704

<400> 2704

000

<210> 2705

<400> 2705

000

<210> 2706

<400> 2706

000

<210> 2707

<400> 2707

000

<210> 2708

<400> 2708

000

<210> 2709

<400> 2709

000

<210> 2710

<400> 2710

000

<210> 2711

<400> 2711

000

<210> 2712

<400> 2712

000

<210> 2713

<400> 2713

000

<210> 2714

<400> 2714

000

<210>

2715

<400> 2715

000

<210> 2716

<400> 2716

000

<210> 2717

<400> 2717

000

<210> 2718

<400> 2718

000

<210> 2719

<400> 2719

000

<210> 2720

<400> 2720

000

<210> 2721

<400> 2721

000

<210> 2722

<400> 2722

000

<210> 2723

<400> 2723

000

<210> 2724

<400> 2724

000

<210> 2725

<400> 2725

000

<210> 2726

<400> 2726

000

<210> 2727

<400> 2727

000

<210> 2728

<400> 2728

000

<210> 2729

<400> 2729

000

<210> 2730

<400> 2730

000

<210> 2731

<400> 2731

000

<210> 2732

<400> 2732

000

<210> 2733

<400> 2733

000

<210> 2734

<400> 2734

000

<210> 2735

<400> 2735

000

<210> 2736

<400> 2736

000

<210> 2737

<400> 2737

000

<210> 2738

<400> 2738

000

<210> 2739

<400> 2739

000

<210> 2740

<400> 2740

000

<210> 2741

<400> 2741

000

<210> 2742

<400> 2742

000

<210> 2743

<400> 2743

000

<210> 2744

<400> 2744

000

<210> 2745

<400> 2745

000

<210> 2746

<400> 2746

000

<210> 2747

<

400> 2747

000

<210> 2748

<400> 2748

000

<210> 2749

<400> 2749

000

<210> 2750

<400> 2750

000

<210> 2751

<400> 2751

000

<210> 2752

<400> 2752

000

<210> 2753

<400> 2753

000

<210> 2754

<400> 2754

000

<210> 2755

<400> 2755

000

<210> 2756

<400> 2756

000

<210> 2757

<400> 2757

000

<210> 2758

<400> 2758

000

<210> 2759

<400> 2759

000

<210> 2760

<400> 2760

000

<210> 2761

<400> 2761

000

<210> 2762

<400> 2762

000

<210> 2763

<400

> 2763

000

<210> 2764

<400> 2764

000

<210> 2765

<400> 2765

000

<210> 2766

<400> 2766

000

<210> 2767

<400> 2767

000

<210> 2768

<400> 2768

000

<210> 2769

<400> 2769

000

<210> 2770

<400> 2770

000

<210> 2771

<400> 2771

000

<210> 2772

<400> 2772

000

<210> 2773

<400> 2773

000

<210> 2774

<400> 2774

000

<210> 2775

<400> 2775

000

<210> 2776

<400> 2776

000

<210> 2777

<400> 2777

000

<210> 2778

<400> 2778

000

<210> 2779

<400>

2779

000

<210> 2780

<400> 2780

000

<210> 2781

<400> 2781
000
<210> 2782
<400> 2782
000
<210> 2783
<400> 2783
000
<210> 2784
<400> 2784
000
<210> 2785
<400> 2785
000
<210> 2786
<400> 2786
000
<210> 2787
<400> 2787
000
<210> 2788
<400> 2788
000
<210> 2789
<400> 2789
000
<210> 2790
<400> 2790
000
<210> 2791
<400> 2791
000
<210> 2792
<400> 2792
000
<210> 2793

<400> 2793

000

<210> 2794

<400> 2794

000

<210> 2795

<400> 2795

000

<210> 2796

<400> 2796

000

<210> 2797

<400> 2797

000

<210> 2798

<400> 2798

000

<210> 2799

<400> 2799

000

<210> 2800

<400> 2800

000

<210> 2801

<400> 2801

000

<210> 2802

<400> 2802

000

<210> 2803

<400> 2803

000

<210> 2804

<400> 2804

000

<210> 2805

<400> 2805

000

<210> 2806

<400> 2806

000

<210> 2807

<400> 2807

000

<210> 2808

<400> 2808

000

<210> 2809

<400> 2809

000

<210> 2810

<400> 2810

000

<210> 2811

<400> 2811

000

<210> 2812

<400> 2812

000

<210> 2813

<400> 2813

000

<210> 2814

<400> 2814

000

<210> 2815

<400> 2815

000

<210> 2816

<400> 2816

000

<210> 2817

<400> 2817

000

<210> 2818

<400> 2818

000

<210> 2819

<400> 2819

000

<210> 2820

<400> 2820

000

<210> 2821

<400> 2821

000

<210> 2822

<400> 2822

000

<210> 2823

<400> 2823

000

<210> 2824

<400> 2824

000

<210> 2825

<400> 2825

000

<210> 2826

<400> 2826

000

<210> 2827

<400> 2827

000

<

210> 2828

<400> 2828

000

<210> 2829

<400> 2829

000

<210> 2830

<400> 2830

000

<210> 2831

<400> 2831

000

<210> 2832

<400> 2832

000

<210> 2833

<400> 2833

000

<210> 2834

<400> 2834

000

<210> 2835

<400> 2835

000

<210> 2836

<400> 2836

000

<210> 2837

<400> 2837

000

<210> 2838

<400> 2838

000

<210> 2839

<400> 2839
000
<210> 2840
<400> 2840
000
<210> 2841
<400> 2841
000
<210> 2842
<400> 2842
000
<210> 2843
<400> 2843
000
<210
> 2844
<400> 2844
000
<210> 2845
<400> 2845
000
<210> 2846
<400> 2846
000
<210> 2847
<400> 2847
000
<210> 2848
<400> 2848
000
<210> 2849
<400> 2849
000
<210> 2850
<400> 2850

000

<210> 2851

<400> 2851

000

<210> 2852

<400> 2852

000

<210> 2853

<400> 2853

000

<210> 2854

<400> 2854

000

<210> 2855

<400> 2855

000

<210> 2856

<400> 2856

000

<210> 2857

<400> 2857

000

<210> 2858

<400> 2858

000

<210> 2859

<400> 2859

000

<210>

2860

<400> 2860

000

<210> 2861

<400> 2861

000

<210> 2862

<400> 2862

000

<210> 2863

<400> 2863

000

<210> 2864

<400> 2864

000

<210> 2865

<400> 2865

000

<210> 2866

<400> 2866

000

<210> 2867

<400> 2867

000

<210> 2868

<400> 2868

000

<210> 2869

<400> 2869

000

<210> 2870

<400> 2870

000

<210> 2871

<400> 2871

000

<210> 2872

<400> 2872

000

<210> 2873

<400> 2873

000

<210> 2874

<400> 2874

000

<210> 2875

<400> 2875

000

<210> 2876

<400> 2876

000

<210> 2877

<400> 2877

000

<210> 2878

<400> 2878

000

<210> 2879

<400> 2879

000

<210> 2880

<400> 2880

000

<210> 2881

<400> 2881

000

<210> 2882

<400> 2882

000

<210> 2883

<400> 2883

000

<210> 2884

<400> 2884

000

<210> 2885

<400> 2885
000
<210> 2886
<400> 2886
000
<210> 2887
<400> 2887
000
<210> 2888
<400> 2888
000
<210> 2889
<400> 2889
000
<210> 2890
<400> 2890
000
<210> 2891
<400> 2891
000
<210> 2892
<
400> 2892
000
<210> 2893
<400> 2893
000
<210> 2894
<400> 2894
000
<210> 2895
<400> 2895
000
<210> 2896
<400> 2896

000

<210> 2897

<400> 2897

000

<210> 2898

<400> 2898

000

<210> 2899

<400> 2899

000

<210> 2900

<400> 2900

000

<210> 2901

<400> 2901

000

<210> 2902

<400> 2902

000

<210> 2903

<400> 2903

000

<210> 2904

<400> 2904

000

<210> 2905

<400> 2905

000

<210> 2906

<400> 2906

000

<210> 2907

<400> 2907

000

<210> 2908

<400

> 2908

000

<210> 2909

<400> 2909

000

<210> 2910

<400> 2910

000

<210> 2911

<400> 2911

000

<210> 2912

<400> 2912

000

<210> 2913

<400> 2913

000

<210> 2914

<400> 2914

000

<210> 2915

<400> 2915

000

<210> 2916

<400> 2916

000

<210> 2917

<400> 2917

000

<210> 2918

<400> 2918

000

<210> 2919

<400> 2919

000

<210> 2920

<400> 2920

000

<210> 2921

<400> 2921

000

<210> 2922

<400> 2922

000

<210> 2923

<400> 2923

000

<210> 2924

<400>

2924

000

<210> 2925

<400> 2925

000

<210> 2926

<400> 2926

000

<210> 2927

<400> 2927

000

<210> 2928

<400> 2928

000

<210> 2929

<400> 2929

000

<210> 2930

<400> 2930

000

<210> 2931

<400> 2931

000

<210> 2932

<400> 2932

000

<210> 2933

<400> 2933

000

<210> 2934

<400> 2934

000

<210> 2935

<400> 2935

000

<210> 2936

<400> 2936

000

<210> 2937

<400> 2937

000

<210> 2938

<400> 2938

000

<210> 2939

<400> 2939

000

<210> 2940

<400> 2940

000

<210> 2941

<400> 2941

000

<210> 2942

<400> 2942
000
<210> 2943
<400> 2943
000
<210> 2944
<400> 2944
000
<210> 2945
<400> 2945
000
<210> 2946
<400> 2946
000
<210> 2947
<400> 2947
000
<210> 2948
<400> 2948
000
<210> 2949
<400> 2949
000
<210> 2950
<400> 2950
000
<210> 2951
<400> 2951
000
<210> 2952
<400> 2952
000
<210> 2953
<400> 2953
000
<210> 2954

<400> 2954

000

<210> 2955

<400> 2955

000

<210> 2956

<400> 2956

000

<210> 2957

<400> 2957

000

<210> 2958

<400> 2958

000

<210> 2959

<400> 2959

000

<210> 2960

<400> 2960

000

<210> 2961

<400> 2961

000

<210> 2962

<400> 2962

000

<210> 2963

<400> 2963

000

<210> 2964

<400> 2964

000

<210> 2965

<400> 2965

000

<210> 2966

<400> 2966

000

<210> 2967

<400> 2967

000

<210> 2968

<400> 2968

000

<210> 2969

<400> 2969

000

<210> 2970

<400> 2970

000

<210> 2971

<400> 2971

000

<210> 2972

<400> 2972

000

<

210> 2973

<400> 2973

000

<210> 2974

<400> 2974

000

<210> 2975

<400> 2975

000

<210> 2976

<400> 2976

000

<210> 2977

<400> 2977

000

<210> 2978

<400> 2978

000

<210> 2979

<400> 2979

000

<210> 2980

<400> 2980

000

<210> 2981

<400> 2981

000

<210> 2982

<400> 2982

000

<210> 2983

<400> 2983

000

<210> 2984

<400> 2984

000

<210> 2985

<400> 2985

000

<210> 2986

<400> 2986

000

<210> 2987

<400> 2987

000

<210> 2988

<400> 2988

000

<210

> 2989

<400> 2989

000

<210> 2990

<400> 2990

000

<210> 2991

<400> 2991

000

<210> 2992

<400> 2992

000

<210> 2993

<400> 2993

000

<210> 2994

<400> 2994

000

<210> 2995

<400> 2995

000

<210> 2996

<400> 2996

000

<210> 2997

<400> 2997

000

<210> 2998

<400> 2998

000

<210> 2999

<400> 2999

000

<210> 3000

<400> 3000
000
<210> 3001
<400> 3001
000
<210> 3002
<400> 3002
000
<210> 3003
<400> 3003
000
<210> 3004
<400> 3004
000
<210>
3005
<400> 3005
000
<210> 3006
<400> 3006
000
<210> 3007
<400> 3007
000
<210> 3008
<400> 3008
000
<210> 3009
<400> 3009
000
<210> 3010
<400> 3010
000
<210> 3011
<400> 3011

000

<210> 3012

<400> 3012

000

<210> 3013

<400> 3013

000

<210> 3014

<400> 3014

000

<210> 3015

<400> 3015

000

<210> 3016

<400> 3016

000

<210> 3017

<400> 3017

000

<210> 3018

<400> 3018

000

<210> 3019

<400> 3019

000

<210> 3020

<400> 3020

000

<210> 3021

<400> 3021

000

<210> 3022

<400> 3022

000

<210> 3023

<400> 3023

000

<210> 3024

<400> 3024

000

<210> 3025

<400> 3025

000

<210> 3026

<400> 3026

000

<210> 3027

<400> 3027

000

<210> 3028

<400> 3028

000

<210> 3029

<400> 3029

000

<210> 3030

<400> 3030

000

<210> 3031

<400> 3031

000

<210> 3032

<400> 3032

000

<210> 3033

<400> 3033

000

<210> 3034

<400> 3034

000

<210> 3035
<400> 3035
000
<210> 3036
<400> 3036
000
<210> 3037
<
400> 3037
000
<210> 3038
<400> 3038
000
<210> 3039
<400> 3039
000
<210> 3040
<400> 3040
000
<210> 3041
<400> 3041
000
<210> 3042
<400> 3042
000
<210> 3043
<400> 3043
000
<210> 3044
<400> 3044
000
<210> 3045
<400> 3045
000
<210> 3046

<400> 3046
000
<210> 3047
<400> 3047
000
<210> 3048
<400> 3048
000
<210> 3049
<400> 3049
000
<210> 3050
<400> 3050
000
<210> 3051
<400> 3051
000
<210> 3052
<400> 3052
000
<210> 3053
<400>
> 3053
000
<210> 3054
<400> 3054
000
<210> 3055
<400> 3055
000
<210> 3056
<400> 3056
000
<210> 3057
<400> 3057

000

<210> 3058

<400> 3058

000

<210> 3059

<400> 3059

000

<210> 3060

<400> 3060

000

<210> 3061

<400> 3061

000

<210> 3062

<400> 3062

000

<210> 3063

<400> 3063

000

<210> 3064

<400> 3064

000

<210> 3065

<400> 3065

000

<210> 3066

<400> 3066

000

<210> 3067

<400> 3067

000

<210> 3068

<400> 3068

000

<210> 3069

<400>

3069

000

<210> 3070

<400> 3070

000

<210> 3071

<400> 3071

000

<210> 3072

<400> 3072

000

<210> 3073

<400> 3073

000

<210> 3074

<400> 3074

000

<210> 3075

<400> 3075

000

<210> 3076

<400> 3076

000

<210> 3077

<400> 3077

000

<210> 3078

<400> 3078

000

<210> 3079

<400> 3079

000

<210> 3080

<400> 3080

000

<210> 3081

<400> 3081

000

<210> 3082

<400> 3082

000

<210> 3083

<400> 3083

000

<210> 3084

<400> 3084

000

<210> 3085

<400> 3085

000

<210> 3086

<400> 3086

000

<210> 3087

<400> 3087

000

<210> 3088

<400> 3088

000

<210> 3089

<400> 3089

000

<210> 3090

<400> 3090

000

<210> 3091

<400> 3091

000

<210> 3092

<400> 3092

000

<210> 3093

<400> 3093

000

<210> 3094

<400> 3094

000

<210> 3095

<400> 3095

000

<210> 3096

<400> 3096

000

<210> 3097

<400> 3097

000

<210> 3098

<400> 3098

000

<210> 3099

<400> 3099

000

<210> 3100

<400> 3100

000

<210> 3101

<400> 3101

000

<210> 3102

<400> 3102

000

<210> 3103

<400> 3103
000
<210> 3104
<400> 3104
000
<210> 3105
<400> 3105
000
<210> 3106
<400> 3106
000
<210> 3107
<400> 3107
000
<210> 3108
<400> 3108
000
<210> 3109
<400> 3109
000
<210> 3110
<400> 3110
000
<210> 3111
<400> 3111
000
<210> 3112
<400> 3112
000
<210> 3113
<400> 3113
000
<210> 3114
<400> 3114
000
<210> 3115

<400> 3115

000

<210> 3116

<400> 3116

000

<210> 3117

<400> 3117

000

<

210> 3118

<400> 3118

000

<210> 3119

<400> 3119

000

<210> 3120

<400> 3120

000

<210> 3121

<400> 3121

000

<210> 3122

<400> 3122

000

<210> 3123

<400> 3123

000

<210> 3124

<400> 3124

000

<210> 3125

<400> 3125

000

<210> 3126

<400> 3126

000

<210> 3127

<400> 3127

000

<210> 3128

<400> 3128

000

<210> 3129

<400> 3129

000

<210> 3130

<400> 3130

000

<210> 3131

<400> 3131

000

<210> 3132

<400> 3132

000

<210> 3133

<400> 3133

000

<210

> 3134

<400> 3134

000

<210> 3135

<400> 3135

000

<210> 3136

<400> 3136

000

<210> 3137

<400> 3137

000

<210> 3138

<400> 3138

000

<210> 3139

<400> 3139

000

<210> 3140

<400> 3140

000

<210> 3141

<400> 3141

000

<210> 3142

<400> 3142

000

<210> 3143

<400> 3143

000

<210> 3144

<400> 3144

000

<210> 3145

<400> 3145

000

<210> 3146

<400> 3146

000

<210> 3147

<400> 3147

000

<210> 3148

<400> 3148

000

<210> 3149

<400> 3149

000

<210>

3150

<400> 3150

000

<210> 3151

<400> 3151

000

<210> 3152

<400> 3152

000

<210> 3153

<400> 3153

000

<210> 3154

<400> 3154

000

<210> 3155

<400> 3155

000

<210> 3156

<400> 3156

000

<210> 3157

<400> 3157

000

<210> 3158

<400> 3158

000

<210> 3159

<400> 3159

000

<210> 3160

<400> 3160

000

<210> 3161

<400> 3161

000

<210> 3162

<400> 3162

000

<210> 3163

<400> 3163

000

<210> 3164

<400> 3164

000

<210> 3165

<400> 3165

000

<210> 3166

<400> 3166

000

<210> 3167

<400> 3167

000

<210> 3168

<400> 3168

000

<210> 3169

<400> 3169

000

<210> 3170

<400> 3170

000

<210> 3171

<400> 3171

000

<210> 3172

<400> 3172

000

<210> 3173

<400> 3173

000

<210> 3174

<400> 3174

000

<210> 3175

<400> 3175

000

<210> 3176

<400> 3176

000

<210> 3177

<400> 3177

000

<210> 3178

<400> 3178

000

<210> 3179

<400> 3179

000

<210> 3180

<400> 3180

000

<210> 3181

<400> 3181

000

<210> 3182

<

400> 3182

000

<210> 3183

<400> 3183

000

<210> 3184

<400> 3184

000

<210> 3185

<400> 3185

000

<210> 3186

<400> 3186

000

<210> 3187

<400> 3187

000

<210> 3188

<400> 3188

000

<210> 3189

<400> 3189

000

<210> 3190

<400> 3190

000

<210> 3191

<400> 3191

000

<210> 3192

<400> 3192

000

<210> 3193

<400> 3193

000

<210> 3194

<400> 3194

000

<210> 3195

<400> 3195

000

<210> 3196
<400> 3196
000
<210> 3197
<400> 3197
000
<210> 3198
<400>
> 3198
000
<210> 3199
<400> 3199
000
<210> 3200
<400> 3200
000
<210> 3201
<400> 3201
000
<210> 3202
<400> 3202
000
<210> 3203
<400> 3203
000
<210> 3204
<400> 3204
000
<210> 3205
<400> 3205
000
<210> 3206
<400> 3206
000
<210> 3207

<400> 3207
000
<210> 3208
<400> 3208
000
<210> 3209
<400> 3209
000
<210> 3210
<400> 3210
000
<210> 3211
<400> 3211
000
<210> 3212
<400> 3212
000
<210> 3213
<400> 3213
000
<210> 3214
<400>
3214
000
<210> 3215
<400> 3215
000
<210> 3216
<400> 3216
000
<210> 3217
<400> 3217
000
<210> 3218
<400> 3218

000

<210> 3219

<400> 3219

000

<210> 3220

<400> 3220

000

<210> 3221

<400> 3221

000

<210> 3222

<400> 3222

000

<210> 3223

<400> 3223

000

<210> 3224

<400> 3224

000

<210> 3225

<400> 3225

000

<210> 3226

<400> 3226

000

<210> 3227

<400> 3227

000

<210> 3228

<400> 3228

000

<210> 3229

<400> 3229

000

<210> 3230

<400> 3230

000

<210> 3231

<400> 3231

000

<210> 3232

<400> 3232

000

<210> 3233

<400> 3233

000

<210> 3234

<400> 3234

000

<210> 3235

<400> 3235

000

<210> 3236

<400> 3236

000

<210> 3237

<400> 3237

000

<210> 3238

<400> 3238

000

<210> 3239

<400> 3239

000

<210> 3240

<400> 3240

000

<210> 3241

<400> 3241

000

<210> 3242

<400> 3242

000

<210> 3243

<400> 3243

000

<210> 3244

<400> 3244

000

<210> 3245

<400> 3245

000

<210> 3246

<400> 3246

000

<210> 3247

<400> 3247

000

<210> 3248

<400> 3248

000

<210> 3249

<400> 3249

000

<210> 3250

<400> 3250

000

<210> 3251

<400> 3251

000

<210> 3252

<400> 3252

000

<210> 3253

<400> 3253

000

<210> 3254

<400> 3254

000

<210> 3255

<400> 3255

000

<210> 3256

<400> 3256

000

<210> 3257

<400> 3257

000

<210> 3258

<400> 3258

000

<210> 3259

<400> 3259

000

<210> 3260

<400> 3260

000

<210> 3261

<400> 3261

000

<210> 3262

<400> 3262

000

<

210> 3263

<400> 3263

000

<210> 3264

<400> 3264

000

<210> 3265

<400> 3265

000

<210> 3266

<400> 3266

000

<210> 3267

<400> 3267

000

<210> 3268

<400> 3268

000

<210> 3269

<400> 3269

000

<210> 3270

<400> 3270

000

<210> 3271

<400> 3271

000

<210> 3272

<400> 3272

000

<210> 3273

<400> 3273

000

<210> 3274

<400> 3274

000

<210> 3275

<400> 3275

000

<210> 3276

<400> 3276

000

<210> 3277

<400> 3277

000

<210> 3278

<400> 3278

000

<210

> 3279

<400> 3279

000

<210> 3280

<400> 3280

000

<210> 3281

<400> 3281

000

<210> 3282

<400> 3282

000

<210> 3283

<400> 3283

000

<210> 3284

<400> 3284

000

<210> 3285

<400> 3285

000

<210> 3286

<400> 3286

000

<210> 3287

<400> 3287

000

<210> 3288

<400> 3288

000

<210> 3289

<400> 3289

000

<210> 3290

<400> 3290

000

<210> 3291

<400> 3291

000

<210> 3292

<400> 3292

000

<210> 3293

<400> 3293

000

<210> 3294

<400> 3294

000

<210>

3295

<400> 3295

000

<210> 3296

<400> 3296

000

<210> 3297

<400> 3297

000

<210> 3298

<400> 3298

000

<210> 3299

<400> 3299

000

<210> 3300

<400> 3300

000

<210> 3301

<400> 3301

000

<210> 3302

<400> 3302

000

<210> 3303

<400> 3303

000

<210> 3304

<400> 3304

000

<210> 3305

<400> 3305

000

<210> 3306

<400> 3306

000

<210> 3307

<400> 3307

000

<210> 3308

<400> 3308

000

<210> 3309

<400> 3309

000

<210> 3310

<400> 3310

000

<210> 3311

<400> 3311

000

<210> 3312

<400> 3312

000

<210> 3313

<400> 3313

000

<210> 3314

<400> 3314

000

<210> 3315

<400> 3315

000

<210> 3316

<400> 3316

000

<210> 3317

<400> 3317

000

<210> 3318

<400> 3318

000

<210> 3319

<400> 3319

000

<210> 3320

<400> 3320

000

<210> 3321

<400> 3321

000

<210> 3322

<400> 3322

000

<210> 3323

<400> 3323

000

<210> 3324

<400> 3324

000

<210> 3325

<400> 3325

000

<210> 3326

<400> 3326

000

<210> 3327

<

400> 3327

000

<210> 3328

<400> 3328

000

<210> 3329

<400> 3329

000

<210> 3330

<400> 3330

000

<210> 3331

<400> 3331

000

<210> 3332

<400> 3332

000

<210> 3333

<400> 3333

000

<210> 3334

<400> 3334

000

<210> 3335

<400> 3335

000

<210> 3336

<400> 3336

000

<210> 3337

<400> 3337

000

<210> 3338

<400> 3338

000

<210> 3339

<400> 3339

000

<210> 3340

<400> 3340

000

<210> 3341

<400> 3341

000

<210> 3342

<400> 3342

000

<210> 3343

<400>

> 3343

000

<210> 3344

<400> 3344

000

<210> 3345

<400> 3345

000

<210> 3346

<400> 3346

000

<210> 3347

<400> 3347

000

<210> 3348

<400> 3348

000

<210> 3349

<400> 3349

000

<210> 3350

<400> 3350

000

<210> 3351

<400> 3351

000

<210> 3352

<400> 3352

000

<210> 3353

<400> 3353

000

<210> 3354

<400> 3354

000

<210> 3355

<400> 3355

000

<210> 3356

<400> 3356

000

<210> 3357

<400> 3357

000

<210> 3358

<400> 3358

000

<210> 3359

<400>

3359

000

<210> 3360

<400> 3360

000

<210> 3361

<400> 3361

000

<210> 3362

<400> 3362

000

<210> 3363

<400> 3363

000

<210> 3364

<400> 3364

000

<210> 3365

<400> 3365

000

<210> 3366

<400> 3366

000

<210> 3367

<400> 3367

000

<210> 3368

<400> 3368

000

<210> 3369

<400> 3369

000

<210> 3370

<400> 3370

000

<210> 3371

<400> 3371

000

<210> 3372

<400> 3372

000

<210> 3373

<400> 3373

000

<210> 3374

<400> 3374

000

<210> 3375

<400> 3375

000

<210> 3376

<400> 3376

000

<210> 3377

<400> 3377

000

<210> 3378

<400> 3378

000

<210> 3379

<400> 3379

000

<210> 3380

<400> 3380

000

<210> 3381

<400> 3381

000

<210> 3382

<400> 3382

000

<210> 3383

<400> 3383

000

<210> 3384

<400> 3384

000

<210> 3385

<400> 3385

000

<210> 3386

<400> 3386

000

<210> 3387

<400> 3387

000

<210> 3388

<400> 3388

000

<210> 3389

<400> 3389

000

<210> 3390

<400> 3390

000

<210> 3391

<400> 3391

000

<210> 3392

<400> 3392

000

<210> 3393

<400> 3393

000

<210> 3394

<400> 3394

000

<210> 3395

<400> 3395

000

<210> 3396

<400> 3396

000

<210> 3397

<400> 3397

000

<210> 3398

<400> 3398

000

<210> 3399

<400> 3399

000

<210> 3400

<400> 3400

000

<210> 3401

<400> 3401

000

<210> 3402

<400> 3402

000

<210> 3403

<400> 3403

000

<210> 3404

<400> 3404

000

<210> 3405

<400> 3405

000

<210> 3406

<400> 3406

000

<210> 3407

<400> 3407

000

<

210> 3408

<400> 3408

000

<210> 3409

<400> 3409

000

<210> 3410

<400> 3410

000

<210> 3411

<400> 3411

000

<210> 3412

<400> 3412

000

<210> 3413

<400> 3413

000

<210> 3414

<400> 3414
000
<210> 3415
<400> 3415
000
<210> 3416
<400> 3416
000
<210> 3417
<400> 3417
000
<210> 3418
<400> 3418
000
<210> 3419
<400> 3419
000
<210> 3420
<400> 3420
000
<210> 3421
<400> 3421
000
<210> 3422
<400> 3422
000
<210> 3423
<400> 3423
000
<210>
> 3424
<400> 3424
000
<210> 3425
<400> 3425

000

<210> 3426

<400> 3426

000

<210> 3427

<400> 3427

000

<210> 3428

<400> 3428

000

<210> 3429

<400> 3429

000

<210> 3430

<400> 3430

000

<210> 3431

<400> 3431

000

<210> 3432

<400> 3432

000

<210> 3433

<400> 3433

000

<210> 3434

<400> 3434

000

<210> 3435

<400> 3435

000

<210> 3436

<400> 3436

000

<210> 3437

<400> 3437

000

<210> 3438

<400> 3438

000

<210> 3439

<400> 3439

000

<210>

3440

<400> 3440

000

<210> 3441

<400> 3441

000

<210> 3442

<400> 3442

000

<210> 3443

<400> 3443

000

<210> 3444

<400> 3444

000

<210> 3445

<400> 3445

000

<210> 3446

<400> 3446

000

<210> 3447

<400> 3447

000

<210> 3448

<400> 3448

000

<210> 3449

<400> 3449

000

<210> 3450

<400> 3450

000

<210> 3451

<400> 3451

000

<210> 3452

<400> 3452

000

<210> 3453

<400> 3453

000

<210> 3454

<400> 3454

000

<210> 3455

<400> 3455

000

<210> 3456

<400> 3456

000

<210> 3457

<400> 3457

000

<210> 3458

<400> 3458

000

<210> 3459

<400> 3459

000

<210> 3460

<400> 3460
000
<210> 3461
<400> 3461
000
<210> 3462
<400> 3462
000
<210> 3463
<400> 3463
000
<210> 3464
<400> 3464
000
<210> 3465
<400> 3465
000
<210> 3466
<400> 3466
000
<210> 3467
<400> 3467
000
<210> 3468
<400> 3468
000
<210> 3469
<400> 3469
000
<210> 3470
<400> 3470
000
<210> 3471
<400> 3471
000
<210> 3472

<

400> 3472

000

<210> 3473

<400> 3473

000

<210> 3474

<400> 3474

000

<210> 3475

<400> 3475

000

<210> 3476

<400> 3476

000

<210> 3477

<400> 3477

000

<210> 3478

<400> 3478

000

<210> 3479

<400> 3479

000

<210> 3480

<400> 3480

000

<210> 3481

<400> 3481

000

<210> 3482

<400> 3482

000

<210> 3483

<400> 3483

000

<210> 3484

<400> 3484

000

<210> 3485

<400> 3485

000

<210> 3486

<400> 3486

000

<210> 3487

<400> 3487

000

<210> 3488

<400

> 3488

000

<210> 3489

<400> 3489

000

<210> 3490

<400> 3490

000

<210> 3491

<400> 3491

000

<210> 3492

<400> 3492

000

<210> 3493

<400> 3493

000

<210> 3494

<400> 3494

000

<210> 3495
<400> 3495
000
<210> 3496
<400> 3496
000
<210> 3497
<400> 3497
000
<210> 3498
<400> 3498
000
<210> 3499
<400> 3499
000
<210> 3500
<400> 3500
000
<210> 3501
<400> 3501
000
<210> 3502
<400> 3502
000
<210> 3503
<400> 3503
000
<210> 3504
<400>
3504
000
<210> 3505
<400> 3505
000
<210> 3506

<400> 3506

000

<210> 3507

<400> 3507

000

<210> 3508

<400> 3508

000

<210> 3509

<400> 3509

000

<210> 3510

<400> 3510

000

<210> 3511

<400> 3511

000

<210> 3512

<400> 3512

000

<210> 3513

<400> 3513

000

<210> 3514

<400> 3514

000

<210> 3515

<400> 3515

000

<210> 3516

<400> 3516

000

<210> 3517

<400> 3517

000

<210> 3518

<400> 3518

000

<210> 3519

<400> 3519

000

<210> 3520

<400> 3520

000

<210> 3521

<400> 3521

000

<210> 3522

<400> 3522

000

<210> 3523

<400> 3523

000

<210> 3524

<400> 3524

000

<210> 3525

<400> 3525

000

<210> 3526

<400> 3526

000

<210> 3527

<400> 3527

000

<210> 3528

<400> 3528

000

<210> 3529

<400> 3529

000

<210> 3530

<400> 3530

000

<210> 3531

<400> 3531

000

<210> 3532

<400> 3532

000

<210> 3533

<400> 3533

000

<210> 3534

<400> 3534

000

<210> 3535

<400> 3535

000

<210> 3536

<400> 3536

000

<210> 3537

<400> 3537

000

<210> 3538

<400> 3538

000

<210> 3539

<400> 3539

000

<210> 3540

<400> 3540

000

<210> 3541

<400> 3541

000

<210> 3542

<400> 3542

000

<210> 3543

<400> 3543

000

<210> 3544

<400> 3544

000

<210> 3545

<400> 3545

000

<210> 3546

<400> 3546

000

<210> 3547

<400> 3547

000

<210> 3548

<400> 3548

000

<210> 3549

<400> 3549

000

<210> 3550

<400> 3550

000

<210> 3551

<400> 3551

000

<210> 3552

<400> 3552

000

<

<210> 3553

<400> 3553

000

<210> 3554

<400> 3554

000

<210> 3555

<400> 3555

000

<210> 3556

<400> 3556

000

<210> 3557

<400> 3557

000

<210> 3558

<400> 3558

000

<210> 3559

<400> 3559

000

<210> 3560

<400> 3560

000

<210> 3561

<400> 3561

000

<210> 3562

<400> 3562

000

<210> 3563

<400> 3563

000

<210> 3564

<400> 3564
000
<210> 3565
<400> 3565
000
<210> 3566
<400> 3566
000
<210> 3567
<400> 3567
000
<210> 3568
<400> 3568
000
<210
> 3569
<400> 3569
000
<210> 3570
<400> 3570
000
<210> 3571
<400> 3571
000
<210> 3572
<400> 3572
000
<210> 3573
<400> 3573
000
<210> 3574
<400> 3574
000
<210> 3575
<400> 3575

000

<210> 3576

<400> 3576

000

<210> 3577

<400> 3577

000

<210> 3578

<400> 3578

000

<210> 3579

<400> 3579

000

<210> 3580

<400> 3580

000

<210> 3581

<400> 3581

000

<210> 3582

<400> 3582

000

<210> 3583

<400> 3583

000

<210> 3584

<400> 3584

000

<210>

3585

<400> 3585

000

<210> 3586

<400> 3586

000

<210> 3587
<400> 3587
000
<210> 3588
<400> 3588
000
<210> 3589
<400> 3589
000
<210> 3590
<400> 3590
000
<210> 3591
<400> 3591
000
<210> 3592
<400> 3592
000
<210> 3593
<400> 3593
000
<210> 3594
<400> 3594
000
<210> 3595
<400> 3595
000
<210> 3596
<400> 3596
000
<210> 3597
<400> 3597
000
<210> 3598
<400> 3598
000

<210> 3599

<400> 3599

000

<210> 3600

<400> 3600

000

<210> 3601

<400> 3601

000

<210> 3602

<400> 3602

000

<210> 3603

<400> 3603

000

<210> 3604

<400> 3604

000

<210> 3605

<400> 3605

000

<210> 3606

<400> 3606

000

<210> 3607

<400> 3607

000

<210> 3608

<400> 3608

000

<210> 3609

<400> 3609

000

<210> 3610

<400> 3610
000
<210> 3611
<400> 3611
000
<210> 3612
<400> 3612
000
<210> 3613
<400> 3613
000
<210> 3614
<400> 3614
000
<210> 3615
<400> 3615
000
<210> 3616
<400> 3616
000
<210> 3617
<
400> 3617
000
<210> 3618
<400> 3618
000
<210> 3619
<400> 3619
000
<210> 3620
<400> 3620
000
<210> 3621
<400> 3621

000

<210> 3622

<400> 3622

000

<210> 3623

<400> 3623

000

<210> 3624

<400> 3624

000

<210> 3625

<400> 3625

000

<210> 3626

<400> 3626

000

<210> 3627

<400> 3627

000

<210> 3628

<400> 3628

000

<210> 3629

<400> 3629

000

<210> 3630

<400> 3630

000

<210> 3631

<400> 3631

000

<210> 3632

<400> 3632

000

<210> 3633

<400

> 3633

000

<210> 3634

<400> 3634

000

<210> 3635

<400> 3635

000

<210> 3636

<400> 3636

000

<210> 3637

<400> 3637

000

<210> 3638

<400> 3638

000

<210> 3639

<400> 3639

000

<210> 3640

<400> 3640

000

<210> 3641

<400> 3641

000

<210> 3642

<400> 3642

000

<210> 3643

<400> 3643

000

<210> 3644

<400> 3644

000

<210> 3645

<400> 3645

000

<210> 3646

<400> 3646

000

<210> 3647

<400> 3647

000

<210> 3648

<400> 3648

000

<210> 3649

<400>

3649

000

<210> 3650

<400> 3650

000

<210> 3651

<400> 3651

000

<210> 3652

<400> 3652

000

<210> 3653

<400> 3653

000

<210> 3654

<400> 3654

000

<210> 3655

<400> 3655

000

<210> 3656

<400> 3656

000

<210> 3657

<400> 3657

000

<210> 3658

<400> 3658

000

<210> 3659

<400> 3659

000

<210> 3660

<400> 3660

000

<210> 3661

<400> 3661

000

<210> 3662

<400> 3662

000

<210> 3663

<400> 3663

000

<210> 3664

<400> 3664

000

<210> 3665

<400> 3665

000

<210> 3666

<400> 3666

000

<210> 3667

<400> 3667
000
<210> 3668
<400> 3668
000
<210> 3669
<400> 3669
000
<210> 3670
<400> 3670
000
<210> 3671
<400> 3671
000
<210> 3672
<400> 3672
000
<210> 3673
<400> 3673
000
<210> 3674
<400> 3674
000
<210> 3675
<400> 3675
000
<210> 3676
<400> 3676
000
<210> 3677
<400> 3677
000
<210> 3678
<400> 3678
000
<210> 3679

<400> 3679

000

<210> 3680

<400> 3680

000

<210> 3681

<400> 3681

000

<210> 3682

<400> 3682

000

<210> 3683

<400> 3683

000

<210> 3684

<400> 3684

000

<210> 3685

<400> 3685

000

<210> 3686

<400> 3686

000

<210> 3687

<400> 3687

000

<210> 3688

<400> 3688

000

<210> 3689

<400> 3689

000

<210> 3690

<400> 3690

000

<210> 3691

<400> 3691

000

<210> 3692

<400> 3692

000

<210> 3693

<400> 3693

000

<210> 3694

<400> 3694

000

<210> 3695

<400> 3695

000

<210> 3696

<400> 3696

000

<210> 3697

<400> 3697

000

<

210> 3698

<400> 3698

000

<210> 3699

<400> 3699

000

<210> 3700

<400> 3700

000

<210> 3701

<400> 3701

000

<210> 3702

<400> 3702

000

<210> 3703

<400> 3703

000

<210> 3704

<400> 3704

000

<210> 3705

<400> 3705

000

<210> 3706

<400> 3706

000

<210> 3707

<400> 3707

000

<210> 3708

<400> 3708

000

<210> 3709

<400> 3709

000

<210> 3710

<400> 3710

000

<210> 3711

<400> 3711

000

<210> 3712

<400> 3712

000

<210> 3713

<400> 3713

000

<210

> 3714

<400> 3714

000

<210> 3715

<400> 3715

000

<210> 3716

<400> 3716

000

<210> 3717

<400> 3717

000

<210> 3718

<400> 3718

000

<210> 3719

<400> 3719

000

<210> 3720

<400> 3720

000

<210> 3721

<400> 3721

000

<210> 3722

<400> 3722

000

<210> 3723

<400> 3723

000

<210> 3724

<400> 3724

000

<210> 3725

<400> 3725

000

<210> 3726

<400> 3726

000

<210> 3727

<400> 3727

000

<210> 3728

<400> 3728

000

<210> 3729

<400> 3729

000

<210>

3730

<400> 3730

000

<210> 3731

<400> 3731

000

<210> 3732

<400> 3732

000

<210> 3733

<400> 3733

000

<210> 3734

<400> 3734

000

<210> 3735

<400> 3735

000

<210> 3736

<400> 3736

000

<210> 3737

<400> 3737

000

<210> 3738

<400> 3738

000

<210> 3739

<400> 3739

000

<210> 3740

<400> 3740

000

<210> 3741

<400> 3741

000

<210> 3742

<400> 3742

000

<210> 3743

<400> 3743

000

<210> 3744

<400> 3744

000

<210> 3745

<400> 3745

000

<210> 3746

<400> 3746

000

<210> 3747

<400> 3747

000

<210> 3748

<400> 3748

000

<210> 3749

<400> 3749

000

<210> 3750

<400> 3750

000

<210> 3751

<400> 3751

000

<210> 3752

<400> 3752

000

<210> 3753

<400> 3753

000

<210> 3754

<400> 3754

000

<210> 3755

<400> 3755

000

<210> 3756

<400> 3756

000

<210> 3757

<400> 3757

000

<210> 3758

<400> 3758

000

<210> 3759

<400> 3759

000

<210> 3760
<400> 3760
000
<210> 3761
<400> 3761
000
<210> 3762
<
400> 3762
000
<210> 3763
<400> 3763
000
<210> 3764
<400> 3764
000
<210> 3765
<400> 3765
000
<210> 3766
<400> 3766
000
<210> 3767
<400> 3767
000
<210> 3768
<400> 3768
000
<210> 3769
<400> 3769
000
<210> 3770
<400> 3770
000
<210> 3771

<400> 3771
000
<210> 3772
<400> 3772
000
<210> 3773
<400> 3773
000
<210> 3774
<400> 3774
000
<210> 3775
<400> 3775
000
<210> 3776
<400> 3776
000
<210> 3777
<400> 3777
000
<210> 3778
<400>
> 3778
000
<210> 3779
<400> 3779
000
<210> 3780
<400> 3780
000
<210> 3781
<400> 3781
000
<210> 3782
<400> 3782

000

<210> 3783

<400> 3783

000

<210> 3784

<400> 3784

000

<210> 3785

<400> 3785

000

<210> 3786

<400> 3786

000

<210> 3787

<400> 3787

000

<210> 3788

<400> 3788

000

<210> 3789

<400> 3789

000

<210> 3790

<400> 3790

000

<210> 3791

<400> 3791

000

<210> 3792

<400> 3792

000

<210> 3793

<400> 3793

000

<210> 3794

<400>

3794

000

<210> 3795

<400> 3795

000

<210> 3796

<400> 3796

000

<210> 3797

<400> 3797

000

<210> 3798

<400> 3798

000

<210> 3799

<400> 3799

000

<210> 3800

<400> 3800

000

<210> 3801

<400> 3801

000

<210> 3802

<400> 3802

000

<210> 3803

<400> 3803

000

<210> 3804

<400> 3804

000

<210> 3805

<400> 3805

000

<210> 3806

<400> 3806

000

<210> 3807

<400> 3807

000

<210> 3808

<400> 3808

000

<210> 3809

<400> 3809

000

<210> 3810

<400> 3810

000

<210> 3811

<400> 3811

000

<210> 3812

<400> 3812

000

<210> 3813

<400> 3813

000

<210> 3814

<400> 3814

000

<210> 3815

<400> 3815

000

<210> 3816

<400> 3816

000

<210> 3817

<400> 3817

000

<210> 3818

<400> 3818

000

<210> 3819

<400> 3819

000

<210> 3820

<400> 3820

000

<210> 3821

<400> 3821

000

<210> 3822

<400> 3822

000

<210> 3823

<400> 3823

000

<210> 3824

<400> 3824

000

<210> 3825

<400> 3825

000

<210> 3826

<400> 3826

000

<210> 3827

<400> 3827

000

<210> 3828

<400> 3828
000
<210> 3829
<400> 3829
000
<210> 3830
<400> 3830
000
<210> 3831
<400> 3831
000
<210> 3832
<400> 3832
000
<210> 3833
<400> 3833
000
<210> 3834
<400> 3834
000
<210> 3835
<400> 3835
000
<210> 3836
<400> 3836
000
<210> 3837
<400> 3837
000
<210> 3838
<400> 3838
000
<210> 3839
<400> 3839
000
<210> 3840

<400> 3840

000

<210> 3841

<400> 3841

000

<210> 3842

<400> 3842

000

<

210> 3843

<400> 3843

000

<210> 3844

<400> 3844

000

<210> 3845

<400> 3845

000

<210> 3846

<400> 3846

000

<210> 3847

<400> 3847

000

<210> 3848

<400> 3848

000

<210> 3849

<400> 3849

000

<210> 3850

<400> 3850

000

<210> 3851

<400> 3851

000

<210> 3852

<400> 3852

000

<210> 3853

<400> 3853

000

<210> 3854

<400> 3854

000

<210> 3855

<400> 3855

000

<210> 3856

<400> 3856

000

<210> 3857

<400> 3857

000

<210> 3858

<400> 3858

000

<210

> 3859

<400> 3859

000

<210> 3860

<400> 3860

000

<210> 3861

<400> 3861

000

<210> 3862

<400> 3862

000

<210> 3863

<400> 3863

000

<210> 3864

<400> 3864

000

<210> 3865

<400> 3865

000

<210> 3866

<400> 3866

000

<210> 3867

<400> 3867

000

<210> 3868

<400> 3868

000

<210> 3869

<400> 3869

000

<210> 3870

<400> 3870

000

<210> 3871

<400> 3871

000

<210> 3872

<400> 3872

000

<210> 3873

<400> 3873

000

<210> 3874

<400> 3874

000

<210>

3875

<400> 3875

000

<210> 3876

<400> 3876

000

<210> 3877

<400> 3877

000

<210> 3878

<400> 3878

000

<210> 3879

<400> 3879

000

<210> 3880

<400> 3880

000

<210> 3881

<400> 3881

000

<210> 3882

<400> 3882

000

<210> 3883

<400> 3883

000

<210> 3884

<400> 3884

000

<210> 3885

<400> 3885

000

<210> 3886

<400> 3886
000
<210> 3887
<400> 3887
000
<210> 3888
<400> 3888
000
<210> 3889
<400> 3889
000
<210> 3890
<400> 3890
000
<210> 3891

<400> 3891
000
<210> 3892
<400> 3892
000
<210> 3893
<400> 3893
000
<210> 3894
<400> 3894
000
<210> 3895
<400> 3895
000
<210> 3896
<400> 3896
000
<210> 3897
<400> 3897

000

<210> 3898

<400> 3898

000

<210> 3899

<400> 3899

000

<210> 3900

<400> 3900

000

<210> 3901

<400> 3901

000

<210> 3902

<400> 3902

000

<210> 3903

<400> 3903

000

<210> 3904

<400> 3904

000

<210> 3905

<400> 3905

000

<210> 3906

<400> 3906

000

<210> 3907

<

400> 3907

000

<210> 3908

<400> 3908

000

<210> 3909
<400> 3909
000
<210> 3910
<400> 3910
000
<210> 3911
<400> 3911
000
<210> 3912
<400> 3912
000
<210> 3913
<400> 3913
000
<210> 3914
<400> 3914
000
<210> 3915
<400> 3915
000
<210> 3916
<400> 3916
000
<210> 3917
<400> 3917
000
<210> 3918
<400> 3918
000
<210> 3919
<400> 3919
000
<210> 3920
<400> 3920
000

<210> 3921

<400> 3921

000

<210> 3922

<400> 3922

000

<210> 3923

<400>

> 3923

000

<210> 3924

<400> 3924

000

<210> 3925

<400> 3925

000

<210> 3926

<400> 3926

000

<210> 3927

<400> 3927

000

<210> 3928

<400> 3928

000

<210> 3929

<400> 3929

000

<210> 3930

<400> 3930

000

<210> 3931

<400> 3931

000

<210> 3932

<400> 3932

000

<210> 3933

<400> 3933

000

<210> 3934

<400> 3934

000

<210> 3935

<400> 3935

000

<210> 3936

<400> 3936

000

<210> 3937

<400> 3937

000

<210> 3938

<400> 3938

000

<210> 3939

<400>

3939

000

<210> 3940

<400> 3940

000

<210> 3941

<400> 3941

000

<210> 3942

<400> 3942

000

<210> 3943

<400> 3943

000

<210> 3944

<400> 3944

000

<210> 3945

<400> 3945

000

<210> 3946

<400> 3946

000

<210> 3947

<400> 3947

000

<210> 3948

<400> 3948

000

<210> 3949

<400> 3949

000

<210> 3950

<400> 3950

000

<210> 3951

<400> 3951

000

<210> 3952

<400> 3952

000

<210> 3953

<400> 3953

000

<210> 3954

<400> 3954

000

<210> 3955

<400> 3955

000

<210> 3956

<400> 3956

000

<210> 3957

<400> 3957

000

<210> 3958

<400> 3958

000

<210> 3959

<400> 3959

000

<210> 3960

<400> 3960

000

<210> 3961

<400> 3961

000

<210> 3962

<400> 3962

000

<210> 3963

<400> 3963

000

<210> 3964

<400> 3964

000

<210> 3965

<400> 3965

000

<210> 3966

<400> 3966

000

<210> 3967

<400> 3967

000

<210> 3968

<400> 3968

000

<210> 3969

<400> 3969

000

<210> 3970

<400> 3970

000

<210> 3971

<400> 3971

000

<210> 3972

<400> 3972

000

<210> 3973

<400> 3973

000

<210> 3974

<400> 3974

000

<210> 3975

<400> 3975

000

<210> 3976

<400> 3976

000

<210> 3977

<400> 3977

000

<210> 3978
<400> 3978
000
<210> 3979
<400> 3979
000
<210> 3980
<400> 3980
000
<210> 3981
<400> 3981
000
<210> 3982
<400> 3982
000
<210> 3983
<400> 3983
000
<210> 3984
<400> 3984
000
<210> 3985
<400> 3985
000
<210> 3986
<400> 3986
000
<210> 3987
<400> 3987
000
<
210> 3988
<400> 3988
000
<210> 3989

<400> 3989
000
<210> 3990
<400> 3990
000
<210> 3991
<400> 3991
000
<210> 3992
<400> 3992
000
<210> 3993
<400> 3993
000
<210> 3994
<400> 3994
000
<210> 3995
<400> 3995
000
<210> 3996
<400> 3996
000
<210> 3997
<400> 3997
000
<210> 3998
<400> 3998
000
<210> 3999
<400> 3999
000
<210> 4000
<400> 4000
000
<210> 4001

<400> 4001

000

<210> 4002

<400> 4002

000

<210> 4003

<400> 4003

000

<210

> 4004

<400> 4004

000

<210> 4005

<400> 4005

000

<210> 4006

<400> 4006

000

<210> 4007

<400> 4007

000

<210> 4008

<400> 4008

000

<210> 4009

<400> 4009

000

<210> 4010

<400> 4010

000

<210> 4011

<400> 4011

000

<210> 4012

<400> 4012

000

<210> 4013

<400> 4013

000

<210> 4014

<400> 4014

000

<210> 4015

<400> 4015

000

<210> 4016

<400> 4016

000

<210> 4017

<400> 4017

000

<210> 4018

<400> 4018

000

<210> 4019

<400> 4019

000

<210>

4020

<400> 4020

000

<210> 4021

<400> 4021

000

<210> 4022

<400> 4022

000

<210> 4023

<400> 4023

000

<210> 4024

<400> 4024

000

<210> 4025

<400> 4025

000

<210> 4026

<400> 4026

000

<210> 4027

<400> 4027

000

<210> 4028

<400> 4028

000

<210> 4029

<400> 4029

000

<210> 4030

<400> 4030

000

<210> 4031

<400> 4031

000

<210> 4032

<400> 4032

000

<210> 4033

<400> 4033

000

<210> 4034

<400> 4034

000

<210> 4035

<400> 4035

000

<210> 4036

<400> 4036

000

<210> 4037

<400> 4037

000

<210> 4038

<400> 4038

000

<210> 4039

<400> 4039

000

<210> 4040

<400> 4040

000

<210> 4041

<400> 4041

000

<210> 4042

<400> 4042

000

<210> 4043

<400> 4043

000

<210> 4044

<400> 4044

000

<210> 4045

<400> 4045

000

<210> 4046

<400> 4046

000

<210> 4047

<400> 4047

000

<210> 4048

<400> 4048

000

<210> 4049

<400> 4049

000

<210> 4050

<400> 4050

000

<210> 4051

<400> 4051

000

<210> 4052

<

400> 4052

000

<210> 4053

<400> 4053

000

<210> 4054

<400> 4054

000

<210> 4055

<400> 4055

000

<210> 4056

<400> 4056

000

<210> 4057

<400> 4057

000

<210> 4058

<400> 4058

000

<210> 4059

<400> 4059

000

<210> 4060

<400> 4060

000

<210> 4061

<400> 4061

000

<210> 4062

<400> 4062

000

<210> 4063

<400> 4063

000

<210> 4064

<400> 4064

000

<210> 4065

<400> 4065

000

<210> 4066

<400> 4066

000

<210> 4067

<400> 4067

000

<210> 4068

<400

> 4068

000

<210> 4069

<400> 4069

000

<210> 4070

<400> 4070

000

<210> 4071

<400> 4071

000

<210> 4072

<400> 4072

000

<210> 4073

<400> 4073

000

<210> 4074

<400> 4074

000

<210> 4075

<400> 4075

000

<210> 4076

<400> 4076

000

<210> 4077

<400> 4077

000

<210> 4078

<400> 4078

000

<210> 4079

<400> 4079

000

<210> 4080

<400> 4080

000

<210> 4081

<400> 4081

000

<210> 4082

<400> 4082

000

<210> 4083

<400> 4083

000

<210> 4084

<400>

4084

000

<210> 4085

<400> 4085

000

<210> 4086

<400> 4086

000

<210> 4087

<400> 4087

000

<210> 4088

<400> 4088

000

<210> 4089

<400> 4089

000

<210> 4090

<400> 4090

000

<210> 4091

<400> 4091

000

<210> 4092

<400> 4092

000

<210> 4093

<400> 4093

000

<210> 4094

<400> 4094

000

<210> 4095

<400> 4095

000

<210> 4096

<400> 4096

000

<210> 4097

<400> 4097

000

<210> 4098

<400> 4098

000

<210> 4099

<400> 4099

000

<210> 4100

<400> 4100

000

<210> 4101

<400> 4101

000

<210> 4102

<400> 4102

000

<210> 4103

<400> 4103

000

<210> 4104

<400> 4104

000

<210> 4105

<400> 4105

000

<210> 4106

<400> 4106

000

<210> 4107

<400> 4107

000

<210> 4108

<400> 4108

000

<210> 4109

<400> 4109

000

<210> 4110

<400> 4110

000

<210> 4111

<400> 4111

000

<210> 4112

<400> 4112

000

<210> 4113

<400> 4113

000

<210> 4114

<400> 4114

000

<210> 4115

<400> 4115

000

<210> 4116

<400> 4116

000

<210> 4117

<400> 4117

000

<210> 4118

<400> 4118

000

<210> 4119

<400> 4119

000

<210> 4120

<400> 4120

000

<210> 4121

<400> 4121

000

<210> 4122

<400> 4122

000

<210> 4123

<400> 4123

000

<210> 4124

<400> 4124

000

<210> 4125

<400> 4125

000

<210> 4126

<400> 4126

000

<210> 4127

<400> 4127

000

<210> 4128

<400> 4128

000

<210> 4129

<400> 4129

000

<210> 4130

<400> 4130

000

<210> 4131

<400> 4131

000

<210> 4132

<400> 4132

000

<

210> 4133

<400> 4133

000

<210> 4134

<400> 4134

000

<210> 4135

<400> 4135

000

<210> 4136

<400> 4136

000

<210> 4137

<400> 4137

000

<210> 4138

<400> 4138

000

<210> 4139

<400> 4139
000
<210> 4140
<400> 4140
000
<210> 4141
<400> 4141
000
<210> 4142
<400> 4142
000
<210> 4143
<400> 4143
000
<210> 4144
<400> 4144
000
<210> 4145
<400> 4145
000
<210> 4146
<400> 4146
000
<210> 4147
<400> 4147
000
<210> 4148
<400> 4148
000
<210
> 4149
<400> 4149
000
<210> 4150
<400> 4150

000

<210> 4151

<400> 4151

000

<210> 4152

<400> 4152

000

<210> 4153

<400> 4153

000

<210> 4154

<400> 4154

000

<210> 4155

<400> 4155

000

<210> 4156

<400> 4156

000

<210> 4157

<400> 4157

000

<210> 4158

<400> 4158

000

<210> 4159

<400> 4159

000

<210> 4160

<400> 4160

000

<210> 4161

<400> 4161

000

<210> 4162

<400> 4162

000

<210> 4163

<400> 4163

000

<210> 4164

<400> 4164

000

<210>

4165

<400> 4165

000

<210> 4166

<400> 4166

000

<210> 4167

<400> 4167

000

<210> 4168

<400> 4168

000

<210> 4169

<400> 4169

000

<210> 4170

<400> 4170

000

<210> 4171

<400> 4171

000

<210> 4172

<400> 4172

000

<210> 4173

<400> 4173

000

<210> 4174

<400> 4174

000

<210> 4175

<400> 4175

000

<210> 4176

<400> 4176

000

<210> 4177

<400> 4177

000

<210> 4178

<400> 4178

000

<210> 4179

<400> 4179

000

<210> 4180

<400> 4180

000

<210> 4181

<400> 4181

000

<210> 4182

<400> 4182

000

<210> 4183

<400> 4183

000

<210> 4184

<400> 4184

000

<210> 4185

<400> 4185

000

<210> 4186

<400> 4186

000

<210> 4187

<400> 4187

000

<210> 4188

<400> 4188

000

<210> 4189

<400> 4189

000

<210> 4190

<400> 4190

000

<210> 4191

<400> 4191

000

<210> 4192

<400> 4192

000

<210> 4193

<400> 4193

000

<210> 4194

<400> 4194

000

<210> 4195

<400> 4195

000

<210> 4196

<400> 4196

000

<210> 4197

<

400> 4197

000

<210> 4198

<400> 4198

000

<210> 4199

<400> 4199

000

<210> 4200

<400> 4200

000

<210> 4201

<400> 4201

000

<210> 4202

<400> 4202

000

<210> 4203

<400> 4203

000

<210> 4204

<400> 4204

000

<210> 4205

<400> 4205

000

<210> 4206

<400> 4206

000

<210> 4207

<400> 4207

000

<210> 4208

<400> 4208

000

<210> 4209

<400> 4209

000

<210> 4210

<400> 4210

000

<210> 4211

<400> 4211

000

<210> 4212

<400> 4212

000

<210> 4213

<400

> 4213

000

<210> 4214

<400> 4214

000

<210> 4215

<400> 4215

000

<210> 4216

<400> 4216

000

<210> 4217

<400> 4217

000

<210> 4218

<400> 4218

000

<210> 4219

<400> 4219

000

<210> 4220

<400> 4220

000

<210> 4221

<400> 4221

000

<210> 4222

<400> 4222

000

<210> 4223

<400> 4223

000

<210> 4224

<400> 4224

000

<210> 4225

<400> 4225

000

<210> 4226

<400> 4226

000

<210> 4227

<400> 4227

000

<210> 4228

<400> 4228

000

<210> 4229

<400>

4229

000

<210> 4230

<400> 4230

000

<210> 4231

<400> 4231
000
<210> 4232
<400> 4232
000
<210> 4233
<400> 4233
000
<210> 4234
<400> 4234
000
<210> 4235
<400> 4235
000
<210> 4236
<400> 4236
000
<210> 4237
<400> 4237
000
<210> 4238
<400> 4238
000
<210> 4239
<400> 4239
000
<210> 4240
<400> 4240
000
<210> 4241
<400> 4241
000
<210> 4242
<400> 4242
000
<210> 4243

<400> 4243

000

<210> 4244

<400> 4244

000

<210> 4245

<400> 4245

000

<210> 4246

<400> 4246

000

<210> 4247

<400> 4247

000

<210> 4248

<400> 4248

000

<210> 4249

<400> 4249

000

<210> 4250

<400> 4250

000

<210> 4251

<400> 4251

000

<210> 4252

<400> 4252

000

<210> 4253

<400> 4253

000

<210> 4254

<400> 4254

000

<210> 4255

<400> 4255

000

<210> 4256

<400> 4256

000

<210> 4257

<400> 4257

000

<210> 4258

<400> 4258

000

<210> 4259

<400> 4259

000

<210> 4260

<400> 4260

000

<210> 4261

<400> 4261

000

<210> 4262

<400> 4262

000

<210> 4263

<400> 4263

000

<210> 4264

<400> 4264

000

<210> 4265

<400> 4265

000

<210> 4266

<400> 4266

000

<210> 4267

<400> 4267

000

<210> 4268

<400> 4268

000

<210> 4269

<400> 4269

000

<210> 4270

<400> 4270

000

<210> 4271

<400> 4271

000

<210> 4272

<400> 4272

000

<210> 4273

<400> 4273

000

<210> 4274

<400> 4274

000

<210> 4275

<400> 4275

000

<210> 4276

<400> 4276

000

<210> 4277

<400> 4277

000

<

<210> 4278

<400> 4278

000

<210> 4279

<400> 4279

000

<210> 4280

<400> 4280

000

<210> 4281

<400> 4281

000

<210> 4282

<400> 4282

000

<210> 4283

<400> 4283

000

<210> 4284

<400> 4284

000

<210> 4285

<400> 4285

000

<210> 4286

<400> 4286

000

<210> 4287

<400> 4287

000

<210> 4288

<400> 4288

000

<210> 4289

<400> 4289
000
<210> 4290
<400> 4290
000
<210> 4291
<400> 4291
000
<210> 4292
<400> 4292
000
<210> 4293
<400> 4293
000
<210
> 4294
<400> 4294
000
<210> 4295
<400> 4295
000
<210> 4296
<400> 4296
000
<210> 4297
<400> 4297
000
<210> 4298
<400> 4298
000
<210> 4299
<400> 4299
000
<210> 4300
<400> 4300

000

<210> 4301

<400> 4301

000

<210> 4302

<400> 4302

000

<210> 4303

<400> 4303

000

<210> 4304

<400> 4304

000

<210> 4305

<400> 4305

000

<210> 4306

<400> 4306

000

<210> 4307

<400> 4307

000

<210> 4308

<400> 4308

000

<210> 4309

<400> 4309

000

<210>

4310

<400> 4310

000

<210> 4311

<400> 4311

000

<210> 4312

<400> 4312

000

<210> 4313

<400> 4313

000

<210> 4314

<400> 4314

000

<210> 4315

<400> 4315

000

<210> 4316

<400> 4316

000

<210> 4317

<400> 4317

000

<210> 4318

<400> 4318

000

<210> 4319

<400> 4319

000

<210> 4320

<400> 4320

000

<210> 4321

<400> 4321

000

<210> 4322

<400> 4322

000

<210> 4323

<400> 4323

000

<210> 4324

<400> 4324

000

<210> 4325

<400> 4325

000

<210> 4326

<400> 4326

000

<210> 4327

<400> 4327

000

<210> 4328

<400> 4328

000

<210> 4329

<400> 4329

000

<210> 4330

<400> 4330

000

<210> 4331

<400> 4331

000

<210> 4332

<400> 4332

000

<210> 4333

<400> 4333

000

<210> 4334

<400> 4334

000

<210> 4335

<400> 4335

000

<210> 4336

<400> 4336

000

<210> 4337

<400> 4337

000

<210> 4338

<400> 4338

000

<210> 4339

<400> 4339

000

<210> 4340

<400> 4340

000

<210> 4341

<400> 4341

000

<210> 4342

<

400> 4342

000

<210> 4343

<400> 4343

000

<210> 4344

<400> 4344

000

<210> 4345

<400> 4345

000

<210> 4346

<400> 4346

000

<210> 4347

<400> 4347

000

<210> 4348

<400> 4348

000

<210> 4349

<400> 4349

000

<210> 4350

<400> 4350

000

<210> 4351

<400> 4351

000

<210> 4352

<400> 4352

000

<210> 4353

<400> 4353

000

<210> 4354

<400> 4354

000

<210> 4355

<400> 4355

000

<210> 4356

<400> 4356

000

<210> 4357

<400> 4357

000

<210> 4358

<400

> 4358

000

<210> 4359

<400> 4359

000

<210> 4360

<400> 4360

000

<210> 4361

<400> 4361

000

<210> 4362

<400> 4362

000

<210> 4363

<400> 4363

000

<210> 4364

<400> 4364

000

<210> 4365

<400> 4365

000

<210> 4366

<400> 4366

000

<210> 4367

<400> 4367

000

<210> 4368

<400> 4368

000

<210> 4369

<400> 4369

000

<210> 4370

<400> 4370

000

<210> 4371

<400> 4371

000

<210> 4372

<400> 4372

000

<210> 4373

<400> 4373

000

<210> 4374

<400>

4374

000

<210> 4375

<400> 4375

000

<210> 4376

<400> 4376

000

<210> 4377

<400> 4377

000

<210> 4378

<400> 4378

000

<210> 4379

<400> 4379

000

<210> 4380

<400> 4380

000

<210> 4381

<400> 4381

000

<210> 4382

<400> 4382

000

<210> 4383

<400> 4383

000

<210> 4384

<400> 4384

000

<210> 4385

<400> 4385

000

<210> 4386

<400> 4386

000

<210> 4387

<400> 4387

000

<210> 4388

<400> 4388

000

<210> 4389

<400> 4389

000

<210> 4390

<400> 4390

000

<210> 4391

<400> 4391

000

<210> 4392

<400> 4392

000

<210> 4393

<400> 4393

000

<210> 4394

<400> 4394

000

<210> 4395

<400> 4395

000

<210> 4396

<400> 4396

000

<210> 4397

<400> 4397

000

<210> 4398

<400> 4398

000

<210> 4399

<400> 4399

000

<210> 4400

<400> 4400

000

<210> 4401

<400> 4401

000

<210> 4402

<400> 4402

000

<210> 4403

<400> 4403

000

<210> 4404

<400> 4404

000

<210> 4405

<400> 4405

000

<210> 4406

<400> 4406

000

<210> 4407

<400> 4407

000

<210> 4408

<400> 4408

000

<210> 4409

<400> 4409

000

<210> 4410

<400> 4410

000

<210> 4411

<400> 4411

000

<210> 4412

<400> 4412

000

<210> 4413

<400> 4413

000

<210> 4414

<400> 4414

000

<210> 4415

<400> 4415

000

<210> 4416

<400> 4416

000

<210> 4417

<400> 4417

000

<210> 4418

<400> 4418

000

<210> 4419

<400> 4419

000

<210> 4420

<400> 4420

000

<210> 4421

<400> 4421

000

<210> 4422

<400> 4422

000

<

210> 4423

<400> 4423

000

<210> 4424

<400> 4424

000

<210> 4425

<400> 4425

000

<210> 4426

<400> 4426

000

<210> 4427

<400> 4427

000

<210> 4428

<400> 4428

000

<210> 4429

<400> 4429

000

<210> 4430

<400> 4430

000

<210> 4431

<400> 4431

000

<210> 4432

<400> 4432

000

<210> 4433

<400> 4433

000

<210> 4434

<400> 4434

000

<210> 4435

<400> 4435

000

<210> 4436

<400> 4436

000

<210> 4437

<400> 4437

000

<210> 4438

<400> 4438

000

<210

> 4439

<400> 4439

000

<210> 4440

<400> 4440

000

<210> 4441

<400> 4441

000

<210> 4442

<400> 4442

000

<210> 4443

<400> 4443

000

<210> 4444

<400> 4444

000

<210> 4445

<400> 4445

000

<210> 4446

<400> 4446

000

<210> 4447

<400> 4447

000

<210> 4448

<400> 4448

000

<210> 4449

<400> 4449

000

<210> 4450

<400> 4450
000
<210> 4451
<400> 4451
000
<210> 4452
<400> 4452
000
<210> 4453
<400> 4453
000
<210> 4454
<400> 4454
000
<210>
4455
<400> 4455
000
<210> 4456
<400> 4456
000
<210> 4457
<400> 4457
000
<210> 4458
<400> 4458
000
<210> 4459
<400> 4459
000
<210> 4460
<400> 4460
000
<210> 4461
<400> 4461

000

<210> 4462

<400> 4462

000

<210> 4463

<400> 4463

000

<210> 4464

<400> 4464

000

<210> 4465

<400> 4465

000

<210> 4466

<400> 4466

000

<210> 4467

<400> 4467

000

<210> 4468

<400> 4468

000

<210> 4469

<400> 4469

000

<210> 4470

<400> 4470

000

<210> 4471

<400> 4471

000

<210> 4472

<400> 4472

000

<210> 4473

<400> 4473

000

<210> 4474

<400> 4474

000

<210> 4475

<400> 4475

000

<210> 4476

<400> 4476

000

<210> 4477

<400> 4477

000

<210> 4478

<400> 4478

000

<210> 4479

<400> 4479

000

<210> 4480

<400> 4480

000

<210> 4481

<400> 4481

000

<210> 4482

<400> 4482

000

<210> 4483

<400> 4483

000

<210> 4484

<400> 4484

000

<210> 4485

<400> 4485

000

<210> 4486

<400> 4486

000

<210> 4487

<

400> 4487

000

<210> 4488

<400> 4488

000

<210> 4489

<400> 4489

000

<210> 4490

<400> 4490

000

<210> 4491

<400> 4491

000

<210> 4492

<400> 4492

000

<210> 4493

<400> 4493

000

<210> 4494

<400> 4494

000

<210> 4495

<400> 4495

000

<210> 4496

<400> 4496
000
<210> 4497
<400> 4497
000
<210> 4498
<400> 4498
000
<210> 4499
<400> 4499
000
<210> 4500
<400> 4500
000
<210> 4501
<400> 4501
000
<210> 4502
<400> 4502
000
<210> 4503
<400
> 4503
000
<210> 4504
<400> 4504
000
<210> 4505
<400> 4505
000
<210> 4506
<400> 4506
000
<210> 4507
<400> 4507

000

<210> 4508

<400> 4508

000

<210> 4509

<400> 4509

000

<210> 4510

<400> 4510

000

<210> 4511

<400> 4511

000

<210> 4512

<400> 4512

000

<210> 4513

<400> 4513

000

<210> 4514

<400> 4514

000

<210> 4515

<400> 4515

000

<210> 4516

<400> 4516

000

<210> 4517

<400> 4517

000

<210> 4518

<400> 4518

000

<210> 4519

<400>

4519

000

<210> 4520

<400> 4520

000

<210> 4521

<400> 4521

000

<210> 4522

<400> 4522

000

<210> 4523

<400> 4523

000

<210> 4524

<400> 4524

000

<210> 4525

<400> 4525

000

<210> 4526

<400> 4526

000

<210> 4527

<400> 4527

000

<210> 4528

<400> 4528

000

<210> 4529

<400> 4529

000

<210> 4530

<400> 4530

000

<210> 4531

<400> 4531

000

<210> 4532

<400> 4532

000

<210> 4533

<400> 4533

000

<210> 4534

<400> 4534

000

<210> 4535

<400> 4535

000

<210> 4536

<400> 4536

000

<210> 4537

<400> 4537

000

<210> 4538

<400> 4538

000

<210> 4539

<400> 4539

000

<210> 4540

<400> 4540

000

<210> 4541

<400> 4541

000

<210> 4542

<400> 4542

000

<210> 4543

<400> 4543

000

<210> 4544

<400> 4544

000

<210> 4545

<400> 4545

000

<210> 4546

<400> 4546

000

<210> 4547

<400> 4547

000

<210> 4548

<400> 4548

000

<210> 4549

<400> 4549

000

<210> 4550

<400> 4550

000

<210> 4551

<400> 4551

000

<210> 4552

<400> 4552

000

<210> 4553

<400> 4553
000
<210> 4554
<400> 4554
000
<210> 4555
<400> 4555
000
<210> 4556
<400> 4556
000
<210> 4557
<400> 4557
000
<210> 4558
<400> 4558
000
<210> 4559
<400> 4559
000
<210> 4560
<400> 4560
000
<210> 4561
<400> 4561
000
<210> 4562
<400> 4562
000
<210> 4563
<400> 4563
000
<210> 4564
<400> 4564
000
<210> 4565

<400> 4565

000

<210> 4566

<400> 4566

000

<210> 4567

<400> 4567

000

<

210> 4568

<400> 4568

000

<210> 4569

<400> 4569

000

<210> 4570

<400> 4570

000

<210> 4571

<400> 4571

000

<210> 4572

<400> 4572

000

<210> 4573

<400> 4573

000

<210> 4574

<400> 4574

000

<210> 4575

<400> 4575

000

<210> 4576

<400> 4576

000

<210> 4577

<400> 4577

000

<210> 4578

<400> 4578

000

<210> 4579

<400> 4579

000

<210> 4580

<400> 4580

000

<210> 4581

<400> 4581

000

<210> 4582

<400> 4582

000

<210> 4583

<400> 4583

000

<210

> 4584

<400> 4584

000

<210> 4585

<400> 4585

000

<210> 4586

<400> 4586

000

<210> 4587

<400> 4587

000

<210> 4588
<400> 4588
000
<210> 4589
<400> 4589
000
<210> 4590
<400> 4590
000
<210> 4591
<400> 4591
000
<210> 4592
<400> 4592
000
<210> 4593
<400> 4593
000
<210> 4594
<400> 4594
000
<210> 4595
<400> 4595
000
<210> 4596
<400> 4596
000
<210> 4597
<400> 4597
000
<210> 4598
<400> 4598
000
<210> 4599
<400> 4599
000

<210>

4600

<400> 4600

000

<210> 4601

<400> 4601

000

<210> 4602

<400> 4602

000

<210> 4603

<400> 4603

000

<210> 4604

<400> 4604

000

<210> 4605

<400> 4605

000

<210> 4606

<400> 4606

000

<210> 4607

<400> 4607

000

<210> 4608

<400> 4608

000

<210> 4609

<400> 4609

000

<210> 4610

<400> 4610

000

<210> 4611

<400> 4611

000

<210> 4612

<400> 4612

000

<210> 4613

<400> 4613

000

<210> 4614

<400> 4614

000

<210> 4615

<400> 4615

000

<210> 4616

<400> 4616

000

<210> 4617

<400> 4617

000

<210> 4618

<400> 4618

000

<210> 4619

<400> 4619

000

<210> 4620

<400> 4620

000

<210> 4621

<400> 4621

000

<210> 4622

<400> 4622

000

<210> 4623

<400> 4623

000

<210> 4624

<400> 4624

000

<210> 4625

<400> 4625

000

<210> 4626

<400> 4626

000

<210> 4627

<400> 4627

000

<210> 4628

<400> 4628

000

<210> 4629

<400> 4629

000

<210> 4630

<400> 4630

000

<210> 4631

<400> 4631

000

<210> 4632

<

400> 4632

000

<210> 4633

<400> 4633

000

<210> 4634

<400> 4634

000

<210> 4635

<400> 4635

000

<210> 4636

<400> 4636

000

<210> 4637

<400> 4637

000

<210> 4638

<400> 4638

000

<210> 4639

<400> 4639

000

<210> 4640

<400> 4640

000

<210> 4641

<400> 4641

000

<210> 4642

<400> 4642

000

<210> 4643

<400> 4643

000

<210> 4644

<400> 4644

000

<210> 4645

<400> 4645

000

<210> 4646

<400> 4646

000

<210> 4647

<400> 4647

000

<210> 4648

<400>

> 4648

000

<210> 4649

<400> 4649

000

<210> 4650

<400> 4650

000

<210> 4651

<400> 4651

000

<210> 4652

<400> 4652

000

<210> 4653

<400> 4653

000

<210> 4654

<400> 4654

000

<210> 4655

<400> 4655

000

<210> 4656

<400> 4656

000

<210> 4657

<400> 4657
000
<210> 4658
<400> 4658
000
<210> 4659
<400> 4659
000
<210> 4660
<400> 4660
000
<210> 4661
<400> 4661
000
<210> 4662
<400> 4662
000
<210> 4663
<400> 4663
000
<210> 4664
<400>
4664
000
<210> 4665
<400> 4665
000
<210> 4666
<400> 4666
000
<210> 4667
<400> 4667
000
<210> 4668
<400> 4668

000

<210> 4669

<400> 4669

000

<210> 4670

<400> 4670

000

<210> 4671

<400> 4671

000

<210> 4672

<400> 4672

000

<210> 4673

<400> 4673

000

<210> 4674

<400> 4674

000

<210> 4675

<400> 4675

000

<210> 4676

<400> 4676

000

<210> 4677

<400> 4677

000

<210> 4678

<400> 4678

000

<210> 4679

<400> 4679

000

<210> 4680

<400> 4680

000

<210> 4681

<400> 4681

000

<210> 4682

<400> 4682

000

<210> 4683

<400> 4683

000

<210> 4684

<400> 4684

000

<210> 4685

<400> 4685

000

<210> 4686

<400> 4686

000

<210> 4687

<400> 4687

000

<210> 4688

<400> 4688

000

<210> 4689

<400> 4689

000

<210> 4690

<400> 4690

000

<210> 4691

<400> 4691

000

<210> 4692

<400> 4692

000

<210> 4693

<400> 4693

000

<210> 4694

<400> 4694

000

<210> 4695

<400> 4695

000

<210> 4696

<400> 4696

000

<210> 4697

<400> 4697

000

<210> 4698

<400> 4698

000

<210> 4699

<400> 4699

000

<210> 4700

<400> 4700

000

<210> 4701

<400> 4701

000

<210> 4702

<400> 4702

000

<210> 4703

<400> 4703

000

<210> 4704

<400> 4704

000

<210> 4705

<400> 4705

000

<210> 4706

<400> 4706

000

<210> 4707

<400> 4707

000

<210> 4708

<400> 4708

000

<210> 4709

<400> 4709

000

<210> 4710

<400> 4710

000

<210> 4711

<400> 4711

000

<210> 4712

<400> 4712

000

<

210> 4713

<400> 4713

000

<210> 4714

<400> 4714
000
<210> 4715
<400> 4715
000
<210> 4716
<400> 4716
000
<210> 4717
<400> 4717
000
<210> 4718
<400> 4718
000
<210> 4719
<400> 4719
000
<210> 4720
<400> 4720
000
<210> 4721
<400> 4721
000
<210> 4722
<400> 4722
000
<210> 4723
<400> 4723
000
<210> 4724
<400> 4724
000
<210> 4725
<400> 4725
000
<210> 4726

<400> 4726

000

<210> 4727

<400> 4727

000

<210> 4728

<400> 4728

000

<210

> 4729

<400> 4729

000

<210> 4730

<400> 4730

000

<210> 4731

<400> 4731

000

<210> 4732

<400> 4732

000

<210> 4733

<400> 4733

000

<210> 4734

<400> 4734

000

<210> 4735

<400> 4735

000

<210> 4736

<400> 4736

000

<210> 4737

<400> 4737

000

<210> 4738

<400> 4738

000

<210> 4739

<400> 4739

000

<210> 4740

<400> 4740

000

<210> 4741

<400> 4741

000

<210> 4742

<400> 4742

000

<210> 4743

<400> 4743

000

<210> 4744

<400> 4744

000

<210>

4745

<400> 4745

000

<210> 4746

<400> 4746

000

<210> 4747

<400> 4747

000

<210> 4748

<400> 4748

000

<210> 4749

<400> 4749

000

<210> 4750

<400> 4750

000

<210> 4751

<400> 4751

000

<210> 4752

<400> 4752

000

<210> 4753

<400> 4753

000

<210> 4754

<400> 4754

000

<210> 4755

<400> 4755

000

<210> 4756

<400> 4756

000

<210> 4757

<400> 4757

000

<210> 4758

<400> 4758

000

<210> 4759

<400> 4759

000

<210> 4760

<400> 4760

000

<210> 4761

<400> 4761

000

<210> 4762

<400> 4762

000

<210> 4763

<400> 4763

000

<210> 4764

<400> 4764

000

<210> 4765

<400> 4765

000

<210> 4766

<400> 4766

000

<210> 4767

<400> 4767

000

<210> 4768

<400> 4768

000

<210> 4769

<400> 4769

000

<210> 4770

<400> 4770

000

<210> 4771

<400> 4771

000

<210> 4772

<400> 4772

000

<210> 4773

<400> 4773

000

<210> 4774

<400> 4774

000

<210> 4775

<400> 4775

000

<210> 4776

<400> 4776

000

<210> 4777

<

400> 4777

000

<210> 4778

<400> 4778

000

<210> 4779

<400> 4779

000

<210> 4780

<400> 4780

000

<210> 4781

<400> 4781

000

<210> 4782

<400> 4782

000

<210> 4783

<400> 4783

000

<210> 4784

<400> 4784

000

<210> 4785

<400> 4785

000

<210> 4786

<400> 4786

000

<210> 4787

<400> 4787

000

<210> 4788

<400> 4788

000

<210> 4789

<400> 4789

000

<210> 4790

<400> 4790

000

<210> 4791

<400> 4791

000

<210> 4792

<400> 4792

000

<210> 4793

<400

> 4793

000

<210> 4794

<400> 4794

000

<210> 4795

<400> 4795

000

<210> 4796

<400> 4796

000

<210> 4797

<400> 4797

000

<210> 4798

<400> 4798

000

<210> 4799

<400> 4799

000

<210> 4800

<400> 4800

000

<210> 4801

<400> 4801

000

<210> 4802

<400> 4802

000

<210> 4803

<400> 4803

000

<210> 4804

<400> 4804

000

<210> 4805

<400> 4805

000

<210> 4806

<400> 4806

000

<210> 4807

<400> 4807

000

<210> 4808

<400> 4808

000

<210> 4809

<400>

4809

000

<210> 4810

<400> 4810

000

<210> 4811

<400> 4811

000

<210> 4812

<400> 4812

000

<210> 4813

<400> 4813

000

<210> 4814

<400> 4814

000

<210> 4815

<400> 4815

000

<210> 4816

<400> 4816

000

<210> 4817

<400> 4817

000

<210> 4818

<400> 4818

000

<210> 4819

<400> 4819

000

<210> 4820

<400> 4820

000

<210> 4821

<400> 4821

000

<210> 4822

<400> 4822

000

<210> 4823

<400> 4823

000

<210> 4824

<400> 4824

000

<210> 4825

<400> 4825

000

<210> 4826

<400> 4826

000

<210> 4827

<400> 4827

000

<210> 4828

<400> 4828

000

<210> 4829

<400> 4829

000

<210> 4830

<400> 4830

000

<210> 4831

<400> 4831

000

<210> 4832

<400> 4832

000

<210> 4833

<400> 4833

000

<210> 4834

<400> 4834

000

<210> 4835

<400> 4835

000

<210> 4836

<400> 4836

000

<210> 4837

<400> 4837

000

<210> 4838

<400> 4838

000

<210> 4839

<400> 4839

000

<210> 4840

<400> 4840

000

<210> 4841

<400> 4841

000

<210> 4842

<400> 4842

000

<210> 4843

<400> 4843

000

<210> 4844

<400> 4844

000

<210> 4845

<400> 4845

000

<210> 4846

<400> 4846

000

<210> 4847

<400> 4847

000

<210> 4848

<400> 4848

000

<210> 4849

<400> 4849

000

<210> 4850

<400> 4850

000

<210> 4851

<400> 4851

000

<210> 4852

<400> 4852

000

<210> 4853

<400> 4853

000

<210> 4854

<400> 4854

000

<210> 4855

<400> 4855

000

<210> 4856

<400> 4856

000

<210> 4857

<400> 4857

000

<

210> 4858

<400> 4858

000

<210> 4859

<400> 4859

000

<210> 4860

<400> 4860

000

<210> 4861

<400> 4861

000

<210> 4862

<400> 4862

000

<210> 4863

<400> 4863

000

<210> 4864

<400> 4864

000

<210> 4865

<400> 4865

000

<210> 4866

<400> 4866

000

<210> 4867

<400> 4867

000

<210> 4868

<400> 4868

000

<210> 4869

<400> 4869

000

<210> 4870

<400> 4870

000

<210> 4871

<400> 4871

000

<210> 4872

<400> 4872

000

<210> 4873

<400> 4873

000

<210>

> 4874

<400> 4874

000

<210> 4875

<400> 4875

000

<210> 4876

<400> 4876

000

<210> 4877

<400> 4877

000

<210> 4878

<400> 4878

000

<210> 4879

<400> 4879

000

<210> 4880

<400> 4880

000

<210> 4881

<400> 4881

000

<210> 4882

<400> 4882

000

<210> 4883

<400> 4883

000

<210> 4884

<400> 4884

000

<210> 4885

<400> 4885

000

<210> 4886

<400> 4886

000

<210> 4887

<400> 4887

000

<210> 4888

<400> 4888

000

<210> 4889

<400> 4889

000

<210>

4890

<400> 4890

000

<210> 4891

<400> 4891

000

<210> 4892

<400> 4892

000

<210> 4893

<400> 4893

000

<210> 4894

<400> 4894

000

<210> 4895

<400> 4895

000

<210> 4896

<400> 4896

000

<210> 4897

<400> 4897

000

<210> 4898

<400> 4898

000

<210> 4899
<400> 4899
000
<210> 4900
<400> 4900
000
<210> 4901
<400> 4901
000
<210> 4902
<400> 4902
000
<210> 4903
<400> 4903
000
<210> 4904
<400> 4904
000
<210> 4905
<400> 4905
000
<210> 4906

<400> 4906
000
<210> 4907
<400> 4907
000
<210> 4908
<400> 4908
000
<210> 4909
<400> 4909
000
<210> 4910

<400> 4910
000
<210> 4911
<400> 4911
000
<210> 4912
<400> 4912
000
<210> 4913
<400> 4913
000
<210> 4914
<400> 4914
000
<210> 4915
<400> 4915
000
<210> 4916
<400> 4916
000
<210> 4917
<400> 4917
000
<210> 4918
<400> 4918
000
<210> 4919
<400> 4919
000
<210> 4920
<400> 4920
000
<210> 4921
<400> 4921
000
<210> 4922

<

400> 4922

000

<210> 4923

<400> 4923

000

<210> 4924

<400> 4924

000

<210> 4925

<400> 4925

000

<210> 4926

<400> 4926

000

<210> 4927

<400> 4927

000

<210> 4928

<400> 4928

000

<210> 4929

<400> 4929

000

<210> 4930

<400> 4930

000

<210> 4931

<400> 4931

000

<210> 4932

<400> 4932

000

<210> 4933

<400> 4933

000

<210> 4934

<400> 4934

000

<210> 4935

<400> 4935

000

<210> 4936

<400> 4936

000

<210> 4937

<400> 4937

000

<210> 4938

<400

> 4938

000

<210> 4939

<400> 4939

000

<210> 4940

<400> 4940

000

<210> 4941

<400> 4941

000

<210> 4942

<400> 4942

000

<210> 4943

<400> 4943

000

<210> 4944

<400> 4944

000

<210> 4945
<400> 4945
000
<210> 4946
<400> 4946
000
<210> 4947
<400> 4947
000
<210> 4948
<400> 4948
000
<210> 4949
<400> 4949
000
<210> 4950
<400> 4950
000
<210> 4951
<400> 4951
000
<210> 4952
<400> 4952
000
<210> 4953
<400> 4953
000
<210> 4954
<400>
4954
000
<210> 4955
<400> 4955
000
<210> 4956

<400> 4956

000

<210> 4957

<400> 4957

000

<210> 4958

<400> 4958

000

<210> 4959

<400> 4959

000

<210> 4960

<400> 4960

000

<210> 4961

<400> 4961

000

<210> 4962

<400> 4962

000

<210> 4963

<400> 4963

000

<210> 4964

<400> 4964

000

<210> 4965

<400> 4965

000

<210> 4966

<400> 4966

000

<210> 4967

<400> 4967

000

<210> 4968

<400> 4968

000

<210> 4969

<400> 4969

000

<210> 4970

<400> 4970

000

<210> 4971

<400> 4971

000

<210> 4972

<400> 4972

000

<210> 4973

<400> 4973

000

<210> 4974

<400> 4974

000

<210> 4975

<400> 4975

000

<210> 4976

<400> 4976

000

<210> 4977

<400> 4977

000

<210> 4978

<400> 4978

000

<210> 4979

<400> 4979

000

<210> 4980

<400> 4980

000

<210> 4981

<400> 4981

000

<210> 4982

<400> 4982

000

<210> 4983

<400> 4983

000

<210> 4984

<400> 4984

000

<210> 4985

<400> 4985

000

<210> 4986

<400> 4986

000

<210> 4987

<400> 4987

000

<210> 4988

<400> 4988

000

<210> 4989

<400> 4989

000

<210> 4990

<400> 4990

000

<210> 4991

<400> 4991

000

<210> 4992

<400> 4992

000

<210> 4993

<400> 4993

000

<210> 4994

<400> 4994

000

<210> 4995

<400> 4995

000

<210> 4996

<400> 4996

000

<210> 4997

<400> 4997

000

<210> 4998

<400> 4998

000

<210> 4999

<400> 4999

000

<210> 5000

<400> 5000

000

<210> 5001

<400> 5001

000

<210> 5002

<400> 5002

000

<

<210> 5003

<400> 5003

000

<210> 5004

<400> 5004

000

<210> 5005

<400> 5005

000

<210> 5006

<400> 5006

000

<210> 5007

<400> 5007

000

<210> 5008

<400> 5008

000

<210> 5009

<400> 5009

000

<210> 5010

<400> 5010

000

<210> 5011

<400> 5011

000

<210> 5012

<400> 5012

000

<210> 5013

<400> 5013

000

<210> 5014

<400> 5014
000
<210> 5015
<400> 5015
000
<210> 5016
<400> 5016
000
<210> 5017
<400> 5017
000
<210> 5018
<400> 5018
000
<210
> 5019
<400> 5019
000
<210> 5020
<400> 5020
000
<210> 5021
<400> 5021
000
<210> 5022
<400> 5022
000
<210> 5023
<400> 5023
000
<210> 5024
<400> 5024
000
<210> 5025
<400> 5025

000

<210> 5026

<400> 5026

000

<210> 5027

<400> 5027

000

<210> 5028

<400> 5028

000

<210> 5029

<400> 5029

000

<210> 5030

<400> 5030

000

<210> 5031

<400> 5031

000

<210> 5032

<400> 5032

000

<210> 5033

<400> 5033

000

<210> 5034

<400> 5034

000

<210>

5035

<400> 5035

000

<210> 5036

<400> 5036

000

<210> 5037

<400> 5037

000

<210> 5038

<400> 5038

000

<210> 5039

<400> 5039

000

<210> 5040

<400> 5040

000

<210> 5041

<400> 5041

000

<210> 5042

<400> 5042

000

<210> 5043

<400> 5043

000

<210> 5044

<400> 5044

000

<210> 5045

<400> 5045

000

<210> 5046

<400> 5046

000

<210> 5047

<400> 5047

000

<210> 5048

<400> 5048

000

<210> 5049

<400> 5049

000

<210> 5050

<400> 5050

000

<210> 5051

<400> 5051

000

<210> 5052

<400> 5052

000

<210> 5053

<400> 5053

000

<210> 5054

<400> 5054

000

<210> 5055

<400> 5055

000

<210> 5056

<400> 5056

000

<210> 5057

<400> 5057

000

<210> 5058

<400> 5058

000

<210> 5059

<400> 5059

000

<210> 5060

<400> 5060
000
<210> 5061
<400> 5061
000
<210> 5062
<400> 5062
000
<210> 5063
<400> 5063
000
<210> 5064
<400> 5064
000
<210> 5065
<400> 5065
000
<210> 5066
<400> 5066
000
<210> 5067
<
400> 5067
000
<210> 5068
<400> 5068
000
<210> 5069
<400> 5069
000
<210> 5070
<400> 5070
000
<210> 5071
<400> 5071

000

<210> 5072

<400> 5072

000

<210> 5073

<400> 5073

000

<210> 5074

<400> 5074

000

<210> 5075

<400> 5075

000

<210> 5076

<400> 5076

000

<210> 5077

<400> 5077

000

<210> 5078

<400> 5078

000

<210> 5079

<400> 5079

000

<210> 5080

<400> 5080

000

<210> 5081

<400> 5081

000

<210> 5082

<400> 5082

000

<210> 5083

<400

> 5083

000

<210> 5084

<400> 5084

000

<210> 5085

<400> 5085

000

<210> 5086

<400> 5086

000

<210> 5087

<400> 5087

000

<210> 5088

<400> 5088

000

<210> 5089

<400> 5089

000

<210> 5090

<400> 5090

000

<210> 5091

<400> 5091

000

<210> 5092

<400> 5092

000

<210> 5093

<400> 5093

000

<210> 5094

<400> 5094

000

<210> 5095

<400> 5095

000

<210> 5096

<400> 5096

000

<210> 5097

<400> 5097

000

<210> 5098

<400> 5098

000

<210> 5099

<400>

5099

000

<210> 5100

<400> 5100

000

<210> 5101

<400> 5101

000

<210> 5102

<400> 5102

000

<210> 5103

<400> 5103

000

<210> 5104

<400> 5104

000

<210> 5105

<400> 5105

000

<210> 5106
<400> 5106
000
<210> 5107
<400> 5107
000
<210> 5108
<400> 5108
000
<210> 5109
<400> 5109
000
<210> 5110
<400> 5110
000
<210> 5111
<400> 5111
000
<210> 5112
<400> 5112
000
<210> 5113
<400> 5113
000
<210> 5114
<400> 5114
000
<210> 5115
<400> 5115

000
<210> 5116
<400> 5116
000
<210> 5117

<400> 5117
000
<210> 5118
<400> 5118
000
<210> 5119
<400> 5119
000
<210> 5120
<400> 5120
000
<210> 5121
<400> 5121
000
<210> 5122
<400> 5122
000
<210> 5123
<400> 5123
000
<210> 5124
<400> 5124
000
<210> 5125
<400> 5125
000
<210> 5126
<400> 5126
000
<210> 5127
<400> 5127
000
<210> 5128
<400> 5128
000
<210> 5129

<400> 5129

000

<210> 5130

<400> 5130

000

<210> 5131

<400> 5131

000

<210> 5132

<400> 5132

000

<210> 5133

<400> 5133

000

<210> 5134

<400> 5134

000

<210> 5135

<400> 5135

000

<210> 5136

<400> 5136

000

<210> 5137

<400> 5137

000

<210> 5138

<400> 5138

000

<210> 5139

<400> 5139

000

<210> 5140

<400> 5140

000

<210> 5141

<400> 5141

000

<210> 5142

<400> 5142

000

<210> 5143

<400> 5143

000

<210> 5144

<400> 5144

000

<210> 5145

<400> 5145

000

<210> 5146

<400> 5146

000

<210> 5147

<400> 5147

000

<

210> 5148

<400> 5148

000

<210> 5149

<400> 5149

000

<210> 5150

<400> 5150

000

<210> 5151

<400> 5151

000

<210> 5152

<400> 5152

000

<210> 5153

<400> 5153

000

<210> 5154

<400> 5154

000

<210> 5155

<400> 5155

000

<210> 5156

<400> 5156

000

<210> 5157

<400> 5157

000

<210> 5158

<400> 5158

000

<210> 5159

<400> 5159

000

<210> 5160

<400> 5160

000

<210> 5161

<400> 5161

000

<210> 5162

<400> 5162

000

<210> 5163

<400> 5163

000

<210

> 5164

<400> 5164

000

<210> 5165

<400> 5165

000

<210> 5166

<400> 5166

000

<210> 5167

<400> 5167

000

<210> 5168

<400> 5168

000

<210> 5169

<400> 5169

000

<210> 5170

<400> 5170

000

<210> 5171

<400> 5171

000

<210> 5172

<400> 5172

000

<210> 5173

<400> 5173

000

<210> 5174

<400> 5174

000

<210> 5175

<400> 5175
000
<210> 5176
<400> 5176
000
<210> 5177
<400> 5177
000
<210> 5178
<400> 5178
000
<210> 5179
<400> 5179
000
<210>
5180
<400> 5180
000
<210> 5181
<400> 5181
000
<210> 5182
<400> 5182
000
<210> 5183
<400> 5183
000
<210> 5184
<400> 5184
000
<210> 5185
<400> 5185
000
<210> 5186
<400> 5186

000

<210> 5187

<400> 5187

000

<210> 5188

<400> 5188

000

<210> 5189

<400> 5189

000

<210> 5190

<400> 5190

000

<210> 5191

<400> 5191

000

<210> 5192

<400> 5192

000

<210> 5193

<400> 5193

000

<210> 5194

<400> 5194

000

<210> 5195

<400> 5195

000

<210> 5196

<400> 5196

000

<210> 5197

<400> 5197

000

<210> 5198

<400> 5198

000

<210> 5199

<400> 5199

000

<210> 5200

<400> 5200

000

<210> 5201

<400> 5201

000

<210> 5202

<400> 5202

000

<210> 5203

<400> 5203

000

<210> 5204

<400> 5204

000

<210> 5205

<400> 5205

000

<210> 5206

<400> 5206

000

<210> 5207

<400> 5207

000

<210> 5208

<400> 5208

000

<210> 5209

<400> 5209

000

<210> 5210
<400> 5210
000
<210> 5211
<400> 5211
000
<210> 5212
<
400> 5212
000
<210> 5213
<400> 5213
000
<210> 5214
<400> 5214
000
<210> 5215
<400> 5215
000
<210> 5216
<400> 5216
000
<210> 5217
<400> 5217
000
<210> 5218
<400> 5218
000
<210> 5219
<400> 5219
000
<210> 5220
<400> 5220
000
<210> 5221

<400> 5221
000
<210> 5222
<400> 5222
000
<210> 5223
<400> 5223
000
<210> 5224
<400> 5224
000
<210> 5225
<400> 5225
000
<210> 5226
<400> 5226
000
<210> 5227
<400> 5227
000
<210> 5228
<400>
> 5228
000
<210> 5229
<400> 5229
000
<210> 5230
<400> 5230
000
<210> 5231
<400> 5231
000
<210> 5232
<400> 5232

000

<210> 5233

<400> 5233

000

<210> 5234

<400> 5234

000

<210> 5235

<400> 5235

000

<210> 5236

<400> 5236

000

<210> 5237

<400> 5237

000

<210> 5238

<400> 5238

000

<210> 5239

<400> 5239

000

<210> 5240

<400> 5240

000

<210> 5241

<400> 5241

000

<210> 5242

<400> 5242

000

<210> 5243

<400> 5243

000

<210> 5244

<400>

5244

000

<210> 5245

<400> 5245

000

<210> 5246

<400> 5246

000

<210> 5247

<400> 5247

000

<210> 5248

<400> 5248

000

<210> 5249

<400> 5249

000

<210> 5250

<400> 5250

000

<210> 5251

<400> 5251

000

<210> 5252

<400> 5252

000

<210> 5253

<400> 5253

000

<210> 5254

<400> 5254

000

<210> 5255

<400> 5255

000

<210> 5256

<400> 5256

000

<210> 5257

<400> 5257

000

<210> 5258

<400> 5258

000

<210> 5259

<400> 5259

000

<210> 5260

<400> 5260

000

<210> 5261

<400> 5261

000

<210> 5262

<400> 5262

000

<210> 5263

<400> 5263

000

<210> 5264

<400> 5264

000

<210> 5265

<400> 5265

000

<210> 5266

<400> 5266

000

<210> 5267

<400> 5267

000

<210> 5268

<400> 5268

000

<210> 5269

<400> 5269

000

<210> 5270

<400> 5270

000

<210> 5271

<400> 5271

000

<210> 5272

<400> 5272

000

<210> 5273

<400> 5273

000

<210> 5274

<400> 5274

000

<210> 5275

<400> 5275

000

<210> 5276

<400> 5276

000

<210> 5277

<400> 5277

000

<210> 5278

<400> 5278

000

<210> 5279

<400> 5279

000

<210> 5280

<400> 5280

000

<210> 5281

<400> 5281

000

<210> 5282

<400> 5282

000

<210> 5283

<400> 5283

000

<210> 5284

<400> 5284

000

<210> 5285

<400> 5285

000

<210> 5286

<400> 5286

000

<210> 5287

<400> 5287

000

<210> 5288

<400> 5288

000

<210> 5289

<400> 5289

000

<210> 5290

<400> 5290

000

<210> 5291

<400> 5291

000

<210> 5292

<400> 5292

000

<

210> 5293

<400> 5293

000

<210> 5294

<400> 5294

000

<210> 5295

<400> 5295

000

<210> 5296

<400> 5296

000

<210> 5297

<400> 5297

000

<210> 5298

<400> 5298

000

<210> 5299

<400> 5299

000

<210> 5300

<400> 5300

000

<210> 5301

<400> 5301

000

<210> 5302

<400> 5302

000

<210> 5303

<400> 5303

000

<210> 5304

<400> 5304

000

<210> 5305

<400> 5305

000

<210> 5306

<400> 5306

000

<210> 5307

<400> 5307

000

<210> 5308

<400> 5308

000

<210

> 5309

<400> 5309

000

<210> 5310

<400> 5310

000

<210> 5311

<400> 5311

000

<210> 5312

<400> 5312

000

<210> 5313
<400> 5313
000
<210> 5314
<400> 5314
000
<210> 5315
<400> 5315
000
<210> 5316
<400> 5316
000
<210> 5317
<400> 5317
000
<210> 5318
<400> 5318
000
<210> 5319
<400> 5319
000
<210> 5320
<400> 5320
000
<210> 5321
<400> 5321
000
<210> 5322
<400> 5322
000
<210> 5323
<400> 5323
000
<210> 5324
<400> 5324
000

<210>

5325

<400> 5325

000

<210> 5326

<400> 5326

000

<210> 5327

<400> 5327

000

<210> 5328

<400> 5328

000

<210> 5329

<400> 5329

000

<210> 5330

<400> 5330

000

<210> 5331

<400> 5331

000

<210> 5332

<400> 5332

000

<210> 5333

<400> 5333

000

<210> 5334

<400> 5334

000

<210> 5335

<400> 5335

000

<210> 5336

<400> 5336

000

<210> 5337

<400> 5337

000

<210> 5338

<400> 5338

000

<210> 5339

<400> 5339

000

<210> 5340

<400> 5340

000

<210> 5341

<400> 5341

000

<210> 5342

<400> 5342

000

<210> 5343

<400> 5343

000

<210> 5344

<400> 5344

000

<210> 5345

<400> 5345

000

<210> 5346

<400> 5346

000

<210> 5347

<400> 5347

000

<210> 5348

<400> 5348

000

<210> 5349

<400> 5349

000

<210> 5350

<400> 5350

000

<210> 5351

<400> 5351

000

<210> 5352

<400> 5352

000

<210> 5353

<400> 5353

000

<210> 5354

<400> 5354

000

<210> 5355

<400> 5355

000

<210> 5356

<400> 5356

000

<210> 5357

<

400> 5357

000

<210> 5358

<400> 5358

000

<210> 5359

<400> 5359

000

<210> 5360

<400> 5360

000

<210> 5361

<400> 5361

000

<210> 5362

<400> 5362

000

<210> 5363

<400> 5363

000

<210> 5364

<400> 5364

000

<210> 5365

<400> 5365

000

<210> 5366

<400> 5366

000

<210> 5367

<400> 5367

000

<210> 5368

<400> 5368

000

<210> 5369

<400> 5369

000

<210> 5370

<400> 5370

000

<210> 5371

<400> 5371

000

<210> 5372

<400> 5372

000

<210> 5373

<400>

> 5373

000

<210> 5374

<400> 5374

000

<210> 5375

<400> 5375

000

<210> 5376

<400> 5376

000

<210> 5377

<400> 5377

000

<210> 5378

<400> 5378

000

<210> 5379

<400> 5379

000

<210> 5380

<400> 5380

000

<210> 5381

<400> 5381

000

<210> 5382

<400> 5382

000

<210> 5383

<400> 5383

000

<210> 5384

<400> 5384

000

<210> 5385

<400> 5385

000

<210> 5386

<400> 5386

000

<210> 5387

<400> 5387

000

<210> 5388

<400> 5388

000

<210> 5389

<400>

5389

000

<210> 5390

<400> 5390

000

<210> 5391

<400> 5391

000

<210> 5392

<400> 5392

000

<210> 5393

<400> 5393

000

<210> 5394

<400> 5394

000

<210> 5395

<400> 5395

000

<210> 5396

<400> 5396

000

<210> 5397

<400> 5397

000

<210> 5398

<400> 5398

000

<210> 5399

<400> 5399

000

<210> 5400

<400> 5400

000

<210> 5401

<400> 5401

000

<210> 5402

<400> 5402

000

<210> 5403

<400> 5403

000

<210> 5404

<400> 5404

000

<210> 5405

<400> 5405

000

<210> 5406

<400> 5406

000

<210> 5407

<400> 5407

000

<210> 5408

<400> 5408

000

<210> 5409

<400> 5409

000

<210> 5410

<400> 5410

000

<210> 5411

<400> 5411

000

<210> 5412

<400> 5412

000

<210> 5413

<400> 5413

000

<210> 5414

<400> 5414

000

<210> 5415

<400> 5415

000

<210> 5416

<400> 5416

000

<210> 5417

<400> 5417

000

<210> 5418

<400> 5418

000

<210> 5419

<400> 5419

000

<210> 5420

<400> 5420

000

<210> 5421

<400> 5421

000

<210> 5422

<400> 5422

000

<210> 5423

<400> 5423

000

<210> 5424

<400> 5424

000

<210> 5425

<400> 5425

000

<210> 5426

<400> 5426

000

<210> 5427

<400> 5427

000

<210> 5428

<400> 5428

000

<210> 5429

<400> 5429

000

<210> 5430

<400> 5430

000

<210> 5431

<400> 5431

000

<210> 5432

<400> 5432

000

<210> 5433

<400> 5433

000

<210> 5434

<400> 5434

000

<210> 5435

<400> 5435

000

<210> 5436

<400> 5436

000

<210> 5437

<400> 5437

000

<

210> 5438

<400> 5438

000

<210> 5439

<400> 5439
000
<210> 5440
<400> 5440
000
<210> 5441
<400> 5441
000
<210> 5442
<400> 5442
000
<210> 5443
<400> 5443
000
<210> 5444
<400> 5444
000
<210> 5445
<400> 5445
000
<210> 5446
<400> 5446
000
<210> 5447
<400> 5447
000
<210> 5448
<400> 5448
000
<210> 5449
<400> 5449
000
<210> 5450
<400> 5450
000
<210> 5451

<400> 5451
000
<210> 5452
<400> 5452
000
<210> 5453
<400> 5453
000
<210
> 5454
<400> 5454
000
<210> 5455
<400> 5455
000
<210> 5456
<400> 5456
000
<210> 5457
<400> 5457
000
<210> 5458
<400> 5458
000
<210> 5459
<400> 5459
000
<210> 5460
<400> 5460
000
<210> 5461
<400> 5461
000
<210> 5462
<400> 5462

000

<210> 5463

<400> 5463

000

<210> 5464

<400> 5464

000

<210> 5465

<400> 5465

000

<210> 5466

<400> 5466

000

<210> 5467

<400> 5467

000

<210> 5468

<400> 5468

000

<210> 5469

<400> 5469

000

<210>

5470

<400> 5470

000

<210> 5471

<400> 5471

000

<210> 5472

<400> 5472

000

<210> 5473

<400> 5473

000

<210> 5474

<400> 5474

000

<210> 5475

<400> 5475

000

<210> 5476

<400> 5476

000

<210> 5477

<400> 5477

000

<210> 5478

<400> 5478

000

<210> 5479

<400> 5479

000

<210> 5480

<400> 5480

000

<210> 5481

<400> 5481

000

<210> 5482

<400> 5482

000

<210> 5483

<400> 5483

000

<210> 5484

<400> 5484

000

<210> 5485

<400> 5485

000

<210> 5486

<400> 5486

000

<210> 5487

<400> 5487

000

<210> 5488

<400> 5488

000

<210> 5489

<400> 5489

000

<210> 5490

<400> 5490

000

<210> 5491

<400> 5491

000

<210> 5492

<400> 5492

000

<210> 5493

<400> 5493

000

<210> 5494

<400> 5494

000

<210> 5495

<400> 5495

000

<210> 5496

<400> 5496

000

<210> 5497

<400> 5497

000

<210> 5498

<400> 5498

000

<210> 5499

<400> 5499

000

<210> 5500

<400> 5500

000

<210> 5501

<400> 5501

000

<210> 5502

<

400> 5502

000

<210> 5503

<400> 5503

000

<210> 5504

<400> 5504

000

<210> 5505

<400> 5505

000

<210> 5506

<400> 5506

000

<210> 5507

<400> 5507

000

<210> 5508

<400> 5508

000

<210> 5509

<400> 5509

000

<210> 5510

<400> 5510

000

<210> 5511

<400> 5511

000

<210> 5512

<400> 5512

000

<210> 5513

<400> 5513

000

<210> 5514

<400> 5514

000

<210> 5515

<400> 5515

000

<210> 5516

<400> 5516

000

<210> 5517

<400> 5517

000

<210> 5518

<400

> 5518

000

<210> 5519

<400> 5519

000

<210> 5520

<400> 5520

000

<210> 5521

<400> 5521

000

<210> 5522

<400> 5522

000

<210> 5523

<400> 5523

000

<210> 5524

<400> 5524

000

<210> 5525

<400> 5525

000

<210> 5526

<400> 5526

000

<210> 5527

<400> 5527

000

<210> 5528

<400> 5528

000

<210> 5529

<400> 5529

000

<210> 5530

<400> 5530

000

<210> 5531

<400> 5531

000

<210> 5532

<400> 5532

000

<210> 5533

<400> 5533

000

<210> 5534

<400>

5534

000

<210> 5535

<400> 5535

000

<210> 5536

<400> 5536

000

<210> 5537

<400> 5537

000

<210> 5538

<400> 5538

000

<210> 5539

<400> 5539

000

<210> 5540

<400> 5540

000

<210> 5541

<400> 5541

000

<210> 5542

<400> 5542

000

<210> 5543

<400> 5543

000

<210> 5544

<400> 5544

000

<210> 5545

<400> 5545

000

<210> 5546

<400> 5546

000

<210> 5547

<400> 5547

000

<210> 5548

<400> 5548

000

<210> 5549

<400> 5549

000

<210> 5550

<400> 5550

000

<210> 5551

<400> 5551

000

<210> 5552

<400> 5552

000

<210> 5553

<400> 5553

000

<210> 5554

<400> 5554

000

<210> 5555

<400> 5555

000

<210> 5556

<400> 5556

000

<210> 5557

<400> 5557

000

<210> 5558

<400> 5558

000

<210> 5559

<400> 5559

000

<210> 5560

<400> 5560

000

<210> 5561

<400> 5561

000

<210> 5562

<400> 5562

000

<210> 5563

<400> 5563

000

<210> 5564

<400> 5564

000

<210> 5565

<400> 5565

000

<210> 5566

<400> 5566

000

<210> 5567

<400> 5567

000

<210> 5568

<400> 5568

000

<210> 5569

<400> 5569

000

<210> 5570

<400> 5570

000

<210> 5571

<400> 5571

000

<210> 5572

<400> 5572

000

<210> 5573

<400> 5573

000

<210> 5574

<400> 5574

000

<210> 5575

<400> 5575

000

<210> 5576

<400> 5576

000

<210> 5577

<400> 5577

000

<210> 5578

<400> 5578

000

<210> 5579

<400> 5579

000

<210> 5580

<400> 5580

000

<210> 5581

<400> 5581

000

<210> 5582

<400> 5582

000

<

210> 5583

<400> 5583

000

<210> 5584

<400> 5584

000

<210> 5585

<400> 5585

000

<210> 5586

<400> 5586

000

<210> 5587

<400> 5587

000

<210> 5588

<400> 5588

000

<210> 5589

<400> 5589
000
<210> 5590
<400> 5590
000
<210> 5591
<400> 5591
000
<210> 5592
<400> 5592
000
<210> 5593
<400> 5593
000
<210> 5594
<400> 5594
000
<210> 5595
<400> 5595
000
<210> 5596
<400> 5596
000
<210> 5597
<400> 5597
000
<210> 5598
<400> 5598
000
<210
> 5599
<400> 5599
000
<210> 5600
<400> 5600

000

<210> 5601

<400> 5601

000

<210> 5602

<400> 5602

000

<210> 5603

<400> 5603

000

<210> 5604

<400> 5604

000

<210> 5605

<400> 5605

000

<210> 5606

<400> 5606

000

<210> 5607

<400> 5607

000

<210> 5608

<400> 5608

000

<210> 5609

<400> 5609

000

<210> 5610

<400> 5610

000

<210> 5611

<400> 5611

000

<210> 5612

<400> 5612

000

<210> 5613

<400> 5613

000

<210> 5614

<400> 5614

000

<210>

5615

<400> 5615

000

<210> 5616

<400> 5616

000

<210> 5617

<400> 5617

000

<210> 5618

<400> 5618

000

<210> 5619

<400> 5619

000

<210> 5620

<400> 5620

000

<210> 5621

<400> 5621

000

<210> 5622

<400> 5622

000

<210> 5623

<400> 5623

000

<210> 5624

<400> 5624

000

<210> 5625

<400> 5625

000

<210> 5626

<400> 5626

000

<210> 5627

<400> 5627

000

<210> 5628

<400> 5628

000

<210> 5629

<400> 5629

000

<210> 5630

<400> 5630

000

<210> 5631

<400> 5631

000

<210> 5632

<400> 5632

000

<210> 5633

<400> 5633

000

<210> 5634

<400> 5634

000

<210> 5635

<400> 5635
000
<210> 5636
<400> 5636
000
<210> 5637
<400> 5637
000
<210> 5638
<400> 5638
000
<210> 5639
<400> 5639
000
<210> 5640
<400> 5640
000
<210> 5641
<400> 5641
000
<210> 5642
<400> 5642
000
<210> 5643
<400> 5643
000
<210> 5644
<400> 5644
000
<210> 5645
<400> 5645
000
<210> 5646
<400> 5646
000
<210> 5647

<

400> 5647

000

<210> 5648

<400> 5648

000

<210> 5649

<400> 5649

000

<210> 5650

<400> 5650

000

<210> 5651

<400> 5651

000

<210> 5652

<400> 5652

000

<210> 5653

<400> 5653

000

<210> 5654

<400> 5654

000

<210> 5655

<400> 5655

000

<210> 5656

<400> 5656

000

<210> 5657

<400> 5657

000

<210> 5658

<400> 5658

000

<210> 5659

<400> 5659

000

<210> 5660

<400> 5660

000

<210> 5661

<400> 5661

000

<210> 5662

<400> 5662

000

<210> 5663

<400

> 5663

000

<210> 5664

<400> 5664

000

<210> 5665

<400> 5665

000

<210> 5666

<400> 5666

000

<210> 5667

<400> 5667

000

<210> 5668

<400> 5668

000

<210> 5669

<400> 5669

000

<210> 5670
<400> 5670
000
<210> 5671
<400> 5671
000
<210> 5672
<400> 5672
000
<210> 5673
<400> 5673
000
<210> 5674
<400> 5674
000
<210> 5675
<400> 5675
000
<210> 5676
<400> 5676
000
<210> 5677
<400> 5677
000
<210> 5678
<400> 5678
000
<210> 5679
<400>
5679
000
<210> 5680
<400> 5680
000
<210> 5681

<400> 5681
000
<210> 5682
<400> 5682
000
<210> 5683
<400> 5683
000
<210> 5684
<400> 5684
000
<210> 5685
<400> 5685
000
<210> 5686
<400> 5686
000
<210> 5687
<400> 5687
000
<210> 5688
<400> 5688
000
<210> 5689
<400> 5689
000
<210> 5690
<400> 5690
000
<210> 5691
<400> 5691
000
<210> 5692
<400> 5692
000
<210> 5693

<400> 5693

000

<210> 5694

<400> 5694

000

<210> 5695

<400> 5695

000

<210> 5696

<400> 5696

000

<210> 5697

<400> 5697

000

<210> 5698

<400> 5698

000

<210> 5699

<400> 5699

000

<210> 5700

<400> 5700

000

<210> 5701

<400> 5701

000

<210> 5702

<400> 5702

000

<210> 5703

<400> 5703

000

<210> 5704

<400> 5704

000

<210> 5705

<400> 5705

000

<210> 5706

<400> 5706

000

<210> 5707

<400> 5707

000

<210> 5708

<400> 5708

000

<210> 5709

<400> 5709

000

<210> 5710

<400> 5710

000

<210> 5711

<400> 5711

000

<210> 5712

<400> 5712

000

<210> 5713

<400> 5713

000

<210> 5714

<400> 5714

000

<210> 5715

<400> 5715

000

<210> 5716

<400> 5716

000

<210> 5717

<400> 5717

000

<210> 5718

<400> 5718

000

<210> 5719

<400> 5719

000

<210> 5720

<400> 5720

000

<210> 5721

<400> 5721

000

<210> 5722

<400> 5722

000

<210> 5723

<400> 5723

000

<210> 5724

<400> 5724

000

<210> 5725

<400> 5725

000

<210> 5726

<400> 5726

000

<210> 5727

<400> 5727

000

<

<210> 5728

<400> 5728

000

<210> 5729

<400> 5729

000

<210> 5730

<400> 5730

000

<210> 5731

<400> 5731

000

<210> 5732

<400> 5732

000

<210> 5733

<400> 5733

000

<210> 5734

<400> 5734

000

<210> 5735

<400> 5735

000

<210> 5736

<400> 5736

000

<210> 5737

<400> 5737

000

<210> 5738

<400> 5738

000

<210> 5739

<400> 5739
000
<210> 5740
<400> 5740
000
<210> 5741
<400> 5741
000
<210> 5742
<400> 5742
000
<210> 5743
<400> 5743
000
<210
> 5744
<400> 5744
000
<210> 5745
<400> 5745
000
<210> 5746
<400> 5746
000
<210> 5747
<400> 5747
000
<210> 5748
<400> 5748
000
<210> 5749
<400> 5749
000
<210> 5750
<400> 5750

000

<210> 5751

<400> 5751

000

<210> 5752

<400> 5752

000

<210> 5753

<400> 5753

000

<210> 5754

<400> 5754

000

<210> 5755

<400> 5755

000

<210> 5756

<400> 5756

000

<210> 5757

<400> 5757

000

<210> 5758

<400> 5758

000

<210> 5759

<400> 5759

000

<210>

5760

<400> 5760

000

<210> 5761

<400> 5761

000

<210> 5762

<400> 5762

000

<210> 5763

<400> 5763

000

<210> 5764

<400> 5764

000

<210> 5765

<400> 5765

000

<210> 5766

<400> 5766

000

<210> 5767

<400> 5767

000

<210> 5768

<400> 5768

000

<210> 5769

<400> 5769

000

<210> 5770

<400> 5770

000

<210> 5771

<400> 5771

000

<210> 5772

<400> 5772

000

<210> 5773

<400> 5773

000

<210> 5774

<400> 5774

000

<210> 5775

<400> 5775

000

<210> 5776

<400> 5776

000

<210> 5777

<400> 5777

000

<210> 5778

<400> 5778

000

<210> 5779

<400> 5779

000

<210> 5780

<400> 5780

000

<210> 5781

<400> 5781

000

<210> 5782

<400> 5782

000

<210> 5783

<400> 5783

000

<210> 5784

<400> 5784

000

<210> 5785

<400> 5785

000

<210> 5786

<400> 5786

000

<210> 5787

<400> 5787

000

<210> 5788

<400> 5788

000

<210> 5789

<400> 5789

000

<210> 5790

<400> 5790

000

<210> 5791

<400> 5791

000

<210> 5792

<

400> 5792

000

<210> 5793

<400> 5793

000

<210> 5794

<400> 5794

000

<210> 5795

<400> 5795

000

<210> 5796

<400> 5796

000

<210> 5797

<400> 5797

000

<210> 5798

<400> 5798

000

<210> 5799

<400> 5799

000

<210> 5800

<400> 5800

000

<210> 5801

<400> 5801

000

<210> 5802

<400> 5802

000

<210> 5803

<400> 5803

000

<210> 5804

<400> 5804

000

<210> 5805

<400> 5805

000

<210> 5806

<400> 5806

000

<210> 5807

<400> 5807

000

<210> 5808

<400

> 5808

000

<210> 5809

<400> 5809

000

<210> 5810

<400> 5810

000

<210> 5811

<400> 5811

000

<210> 5812

<400> 5812

000

<210> 5813

<400> 5813

000

<210> 5814

<400> 5814

000

<210> 5815

<400> 5815

000

<210> 5816

<400> 5816

000

<210> 5817

<400> 5817

000

<210> 5818

<400> 5818

000

<210> 5819

<400> 5819

000

<210> 5820

<400> 5820

000

<210> 5821

<400> 5821

000

<210> 5822

<400> 5822

000

<210> 5823

<400> 5823

000

<210> 5824

<400>

5824

000

<210> 5825

<400> 5825

000

<210> 5826

<400> 5826

000

<210> 5827

<400> 5827

000

<210> 5828

<400> 5828

000

<210> 5829

<400> 5829

000

<210> 5830

<400> 5830

000

<210> 5831

<400> 5831

000

<210> 5832

<400> 5832

000

<210> 5833

<400> 5833

000

<210> 5834

<400> 5834

000

<210> 5835

<400> 5835

000

<210> 5836

<400> 5836

000

<210> 5837

<400> 5837

000

<210> 5838

<400> 5838

000

<210> 5839

<400> 5839

000

<210> 5840

<400> 5840

000

<210> 5841

<400> 5841

000

<210> 5842

<400> 5842

000

<210> 5843

<400> 5843

000

<210> 5844

<400> 5844

000

<210> 5845

<400> 5845

000

<210> 5846

<400> 5846

000

<210> 5847

<400> 5847

000

<210> 5848

<400> 5848

000

<210> 5849

<400> 5849

000

<210> 5850

<400> 5850

000

<210> 5851

<400> 5851

000

<210> 5852

<400> 5852

000

<210> 5853

<400> 5853

000

<210> 5854

<400> 5854

000

<210> 5855

<400> 5855

000

<210> 5856

<400> 5856

000

<210> 5857

<400> 5857

000

<210> 5858

<400> 5858

000

<210> 5859

<400> 5859

000

<210> 5860

<400> 5860

000

<210> 5861

<400> 5861

000

<210> 5862

<400> 5862

000

<210> 5863

<400> 5863

000

<210> 5864

<400> 5864

000

<210> 5865

<400> 5865

000

<210> 5866

<400> 5866

000

<210> 5867

<400> 5867

000

<210> 5868

<400> 5868

000

<210> 5869

<400> 5869

000

<210> 5870

<400> 5870

000

<210> 5871

<400> 5871

000

<210> 5872

<400> 5872

000

<

210> 5873

<400> 5873

000

<210> 5874

<400> 5874

000

<210> 5875

<400> 5875

000

<210> 5876

<400> 5876

000

<210> 5877
<400> 5877
000
<210> 5878
<400> 5878
000
<210> 5879
<400> 5879
000
<210> 5880
<400> 5880
000
<210> 5881
<400> 5881
000
<210> 5882
<400> 5882
000
<210> 5883
<400> 5883
000
<210> 5884
<400> 5884
000
<210> 5885
<400> 5885
000
<210> 5886
<400> 5886
000
<210> 5887
<400> 5887
000
<210> 5888
<400> 5888
000

<210

> 5889

<400> 5889

000

<210> 5890

<400> 5890

000

<210> 5891

<400> 5891

000

<210> 5892

<400> 5892

000

<210> 5893

<400> 5893

000

<210> 5894

<400> 5894

000

<210> 5895

<400> 5895

000

<210> 5896

<400> 5896

000

<210> 5897

<400> 5897

000

<210> 5898

<400> 5898

000

<210> 5899

<400> 5899

000

<210> 5900

<400> 5900
000
<210> 5901
<400> 5901
000
<210> 5902
<400> 5902
000
<210> 5903
<400> 5903
000
<210> 5904
<400> 5904
000
<210>
5905
<400> 5905
000
<210> 5906
<400> 5906
000
<210> 5907
<400> 5907
000
<210> 5908
<400> 5908
000
<210> 5909
<400> 5909
000
<210> 5910
<400> 5910
000
<210> 5911
<400> 5911

000

<210> 5912

<400> 5912

000

<210> 5913

<400> 5913

000

<210> 5914

<400> 5914

000

<210> 5915

<400> 5915

000

<210> 5916

<400> 5916

000

<210> 5917

<400> 5917

000

<210> 5918

<400> 5918

000

<210> 5919

<400> 5919

000

<210> 5920

<400> 5920

000

<210> 5921

<400> 5921

000

<210> 5922

<400> 5922

000

<210> 5923

<400> 5923

000

<210> 5924

<400> 5924

000

<210> 5925

<400> 5925

000

<210> 5926

<400> 5926

000

<210> 5927

<400> 5927

000

<210> 5928

<400> 5928

000

<210> 5929

<400> 5929

000

<210> 5930

<400> 5930

000

<210> 5931

<400> 5931

000

<210> 5932

<400> 5932

000

<210> 5933

<400> 5933

000

<210> 5934

<400> 5934

000

<210> 5935
<400> 5935
000
<210> 5936
<400> 5936
000
<210> 5937
<
400> 5937
000
<210> 5938
<400> 5938
000
<210> 5939
<400> 5939
000
<210> 5940
<400> 5940
000
<210> 5941
<400> 5941
000
<210> 5942
<400> 5942
000
<210> 5943
<400> 5943
000
<210> 5944
<400> 5944
000
<210> 5945
<400> 5945
000
<210> 5946

<400> 5946
000
<210> 5947
<400> 5947
000
<210> 5948
<400> 5948
000
<210> 5949
<400> 5949
000
<210> 5950
<400> 5950
000
<210> 5951
<400> 5951
000
<210> 5952
<400> 5952
000
<210> 5953
<400>
> 5953
000
<210> 5954
<400> 5954
000
<210> 5955
<400> 5955
000
<210> 5956
<400> 5956
000
<210> 5957
<400> 5957

000

<210> 5958

<400> 5958

000

<210> 5959

<400> 5959

000

<210> 5960

<400> 5960

000

<210> 5961

<400> 5961

000

<210> 5962

<400> 5962

000

<210> 5963

<400> 5963

000

<210> 5964

<400> 5964

000

<210> 5965

<400> 5965

000

<210> 5966

<400> 5966

000

<210> 5967

<400> 5967

000

<210> 5968

<400> 5968

000

<210> 5969

<400>

5969

000

<210> 5970

<400> 5970

000

<210> 5971

<400> 5971

000

<210> 5972

<400> 5972

000

<210> 5973

<400> 5973

000

<210> 5974

<400> 5974

000

<210> 5975

<400> 5975

000

<210> 5976

<400> 5976

000

<210> 5977

<400> 5977

000

<210> 5978

<400> 5978

000

<210> 5979

<400> 5979

000

<210> 5980

<400> 5980

000

<210> 5981

<400> 5981

000

<210> 5982

<400> 5982

000

<210> 5983

<400> 5983

000

<210> 5984

<400> 5984

000

<210> 5985

<400> 5985

000

<210> 5986

<400> 5986

000

<210> 5987

<400> 5987

000

<210> 5988

<400> 5988

000

<210> 5989

<400> 5989

000

<210> 5990

<400> 5990

000

<210> 5991

<400> 5991

000

<210> 5992

<400> 5992

000

<210> 5993

<400> 5993

000

<210> 5994

<400> 5994

000

<210> 5995

<400> 5995

000

<210> 5996

<400> 5996

000

<210> 5997

<400> 5997

000

<210> 5998

<400> 5998

000

<210> 5999

<400> 5999

000

<210> 6000

<400> 6000

000

<210> 6001

<400> 6001

000

<210> 6002

<400> 6002

000

<210> 6003

<400> 6003
000
<210> 6004
<400> 6004
000
<210> 6005
<400> 6005
000
<210> 6006
<400> 6006
000
<210> 6007
<400> 6007
000
<210> 6008
<400> 6008
000
<210> 6009
<400> 6009
000
<210> 6010
<400> 6010
000
<210> 6011
<400> 6011
000
<210> 6012
<400> 6012
000
<210> 6013
<400> 6013
000
<210> 6014
<400> 6014
000
<210> 6015

<400> 6015

000

<210> 6016

<400> 6016

000

<210> 6017

<400> 6017

000

<

210> 6018

<400> 6018

000

<210> 6019

<400> 6019

000

<210> 6020

<400> 6020

000

<210> 6021

<400> 6021

000

<210> 6022

<400> 6022

000

<210> 6023

<400> 6023

000

<210> 6024

<400> 6024

000

<210> 6025

<400> 6025

000

<210> 6026

<400> 6026

000

<210> 6027

<400> 6027

000

<210> 6028

<400> 6028

000

<210> 6029

<400> 6029

000

<210> 6030

<400> 6030

000

<210> 6031

<400> 6031

000

<210> 6032

<400> 6032

000

<210> 6033

<400> 6033

000

<210

> 6034

<400> 6034

000

<210> 6035

<400> 6035

000

<210> 6036

<400> 6036

000

<210> 6037

<400> 6037

000

<210> 6038

<400> 6038

000

<210> 6039

<400> 6039

000

<210> 6040

<400> 6040

000

<210> 6041

<400> 6041

000

<210> 6042

<400> 6042

000

<210> 6043

<400> 6043

000

<210> 6044

<400> 6044

000

<210> 6045

<400> 6045

000

<210> 6046

<400> 6046

000

<210> 6047

<400> 6047

000

<210> 6048

<400> 6048

000

<210> 6049

<400> 6049

000

<210>

6050

<400> 6050

000

<210> 6051

<400> 6051

000

<210> 6052

<400> 6052

000

<210> 6053

<400> 6053

000

<210> 6054

<400> 6054

000

<210> 6055

<400> 6055

000

<210> 6056

<400> 6056

000

<210> 6057

<400> 6057

000

<210> 6058

<400> 6058

000

<210> 6059

<400> 6059

000

<210> 6060

<400> 6060

000

<210> 6061

<400> 6061

000

<210> 6062

<400> 6062

000

<210> 6063

<400> 6063

000

<210> 6064

<400> 6064

000

<210> 6065

<400> 6065

000

<210> 6066

<400> 6066

000

<210> 6067

<400> 6067

000

<210> 6068

<400> 6068

000

<210> 6069

<400> 6069

000

<210> 6070

<400> 6070

000

<210> 6071

<400> 6071

000

<210> 6072

<400> 6072

000

<210> 6073

<400> 6073

000

<210> 6074

<400> 6074

000

<210> 6075

<400> 6075

000

<210> 6076

<400> 6076

000

<210> 6077

<400> 6077

000

<210> 6078

<400> 6078

000

<210> 6079

<400> 6079

000

<210> 6080

<400> 6080

000

<210> 6081

<400> 6081

000

<210> 6082

<

400> 6082

000

<210> 6083

<400> 6083

000

<210> 6084

<400> 6084

000

<210> 6085

<400> 6085

000

<210> 6086

<400> 6086

000

<210> 6087

<400> 6087

000

<210> 6088

<400> 6088

000

<210> 6089

<400> 6089

000

<210> 6090

<400> 6090

000

<210> 6091

<400> 6091

000

<210> 6092

<400> 6092

000

<210> 6093

<400> 6093

000

<210> 6094

<400> 6094

000

<210> 6095

<400> 6095

000

<210> 6096
<400> 6096
000
<210> 6097
<400> 6097
000
<210> 6098
<400>
> 6098
000
<210> 6099
<400> 6099
000
<210> 6100
<400> 6100
000
<210> 6101
<400> 6101
000
<210> 6102
<400> 6102
000
<210> 6103
<400> 6103
000
<210> 6104
<400> 6104
000
<210> 6105
<400> 6105
000
<210> 6106
<400> 6106
000
<210> 6107

<400> 6107
000
<210> 6108
<400> 6108
000
<210> 6109
<400> 6109
000
<210> 6110
<400> 6110
000
<210> 6111
<400> 6111
000
<210> 6112
<400> 6112
000
<210> 6113
<400> 6113
000
<210> 6114
<400>
6114
000
<210> 6115
<400> 6115
000
<210> 6116
<400> 6116
000
<210> 6117
<400> 6117
000
<210> 6118
<400> 6118

000

<210> 6119

<400> 6119

000

<210> 6120

<400> 6120

000

<210> 6121

<400> 6121

000

<210> 6122

<400> 6122

000

<210> 6123

<400> 6123

000

<210> 6124

<400> 6124

000

<210> 6125

<400> 6125

000

<210> 6126

<400> 6126

000

<210> 6127

<400> 6127

000

<210> 6128

<400> 6128

000

<210> 6129

<400> 6129

000

<210> 6130

<400> 6130

000

<210> 6131

<400> 6131

000

<210> 6132

<400> 6132

000

<210> 6133

<400> 6133

000

<210> 6134

<400> 6134

000

<210> 6135

<400> 6135

000

<210> 6136

<400> 6136

000

<210> 6137

<400> 6137

000

<210> 6138

<400> 6138

000

<210> 6139

<400> 6139

000

<210> 6140

<400> 6140

000

<210> 6141

<400> 6141

000

<210> 6142

<400> 6142

000

<210> 6143

<400> 6143

000

<210> 6144

<400> 6144

000

<210> 6145

<400> 6145

000

<210> 6146

<400> 6146

000

<210> 6147

<400> 6147

000

<210> 6148

<400> 6148

000

<210> 6149

<400> 6149

000

<210> 6150

<400> 6150

000

<210> 6151

<400> 6151

000

<210> 6152

<400> 6152

000

<210> 6153
<400> 6153
000
<210> 6154
<400> 6154
000
<210> 6155
<400> 6155
000
<210> 6156
<400> 6156
000
<210> 6157
<400> 6157
000
<210> 6158
<400> 6158
000
<210> 6159
<400> 6159
000
<210> 6160
<400> 6160
000
<210> 6161
<400> 6161
000
<210> 6162
<400> 6162
000
<
210> 6163
<400> 6163
000
<210> 6164

<400> 6164
000
<210> 6165
<400> 6165
000
<210> 6166
<400> 6166
000
<210> 6167
<400> 6167
000
<210> 6168
<400> 6168
000
<210> 6169
<400> 6169
000
<210> 6170
<400> 6170
000
<210> 6171
<400> 6171
000
<210> 6172
<400> 6172
000
<210> 6173
<400> 6173
000
<210> 6174
<400> 6174
000
<210> 6175
<400> 6175
000
<210> 6176

<400> 6176

000

<210> 6177

<400> 6177

000

<210> 6178

<400> 6178

000

<210

> 6179

<400> 6179

000

<210> 6180

<400> 6180

000

<210> 6181

<400> 6181

000

<210> 6182

<400> 6182

000

<210> 6183

<400> 6183

000

<210> 6184

<400> 6184

000

<210> 6185

<400> 6185

000

<210> 6186

<400> 6186

000

<210> 6187

<400> 6187

000

<210> 6188

<400> 6188

000

<210> 6189

<400> 6189

000

<210> 6190

<400> 6190

000

<210> 6191

<400> 6191

000

<210> 6192

<400> 6192

000

<210> 6193

<400> 6193

000

<210> 6194

<400> 6194

000

<210>

6195

<400> 6195

000

<210> 6196

<400> 6196

000

<210> 6197

<400> 6197

000

<210> 6198

<400> 6198

000

<210> 6199
<400> 6199
000
<210> 6200
<400> 6200
000
<210> 6201
<400> 6201
000
<210> 6202
<400> 6202
000
<210> 6203
<400> 6203
000
<210> 6204
<400> 6204
000
<210> 6205
<400> 6205
000
<210> 6206
<400> 6206
000
<210> 6207
<400> 6207
000
<210> 6208
<400> 6208
000
<210> 6209
<400> 6209
000
<210> 6210
<400> 6210
000

<210> 6211

<400> 6211

000

<210> 6212

<400> 6212

000

<210> 6213

<400> 6213

000

<210> 6214

<400> 6214

000

<210> 6215

<400> 6215

000

<210> 6216

<400> 6216

000

<210> 6217

<400> 6217

000

<210> 6218

<400> 6218

000

<210> 6219

<400> 6219

000

<210> 6220

<400> 6220

000

<210> 6221

<400> 6221

000

<210> 6222

<400> 6222

000

<210> 6223

<400> 6223

000

<210> 6224

<400> 6224

000

<210> 6225

<400> 6225

000

<210> 6226

<400> 6226

000

<210> 6227

<

400> 6227

000

<210> 6228

<400> 6228

000

<210> 6229

<400> 6229

000

<210> 6230

<400> 6230

000

<210> 6231

<400> 6231

000

<210> 6232

<400> 6232

000

<210> 6233

<400> 6233

000

<210> 6234

<400> 6234

000

<210> 6235

<400> 6235

000

<210> 6236

<400> 6236

000

<210> 6237

<400> 6237

000

<210> 6238

<400> 6238

000

<210> 6239

<400> 6239

000

<210> 6240

<400> 6240

000

<210> 6241

<400> 6241

000

<210> 6242

<400> 6242

000

<210> 6243

<400>

> 6243

000

<210> 6244

<400> 6244

000

<210> 6245

<400> 6245

000

<210> 6246

<400> 6246

000

<210> 6247

<400> 6247

000

<210> 6248

<400> 6248

000

<210> 6249

<400> 6249

000

<210> 6250

<400> 6250

000

<210> 6251

<400> 6251

000

<210> 6252

<400> 6252

000

<210> 6253

<400> 6253

000

<210> 6254

<400> 6254

000

<210> 6255

<400> 6255

000

<210> 6256

<400> 6256

000

<210> 6257

<400> 6257

000

<210> 6258

<400> 6258

000

<210> 6259

<400>

6259

000

<210> 6260

<400> 6260

000

<210> 6261

<400> 6261

000

<210> 6262

<400> 6262

000

<210> 6263

<400> 6263

000

<210> 6264

<400> 6264

000

<210> 6265

<400> 6265

000

<210> 6266

<400> 6266

000

<210> 6267

<400> 6267

000

<210> 6268

<400> 6268

000

<210> 6269

<400> 6269

000

<210> 6270

<400> 6270

000

<210> 6271

<400> 6271

000

<210> 6272

<400> 6272

000

<210> 6273

<400> 6273

000

<210> 6274

<400> 6274

000

<210> 6275

<400> 6275

000

<210> 6276

<400> 6276

000

<210> 6277

<400> 6277

000

<210> 6278

<400> 6278

000

<210> 6279

<400> 6279

000

<210> 6280

<400> 6280

000

<210> 6281

<400> 6281

000

<210> 6282

<400> 6282

000

<210> 6283

<400> 6283

000

<210> 6284

<400> 6284

000

<210> 6285

<400> 6285

000

<210> 6286

<400> 6286

000

<210> 6287

<400> 6287

000

<210> 6288

<400> 6288

000

<210> 6289

<400> 6289

000

<210> 6290

<400> 6290

000

<210> 6291

<400> 6291

000

<210> 6292

<400> 6292

000

<210> 6293

<400> 6293

000

<210> 6294

<400> 6294

000

<210> 6295

<400> 6295

000

<210> 6296

<400> 6296

000

<210> 6297

<400> 6297

000

<210> 6298

<400> 6298

000

<210> 6299

<400> 6299

000

<210> 6300

<400> 6300

000

<210> 6301

<400> 6301

000

<210> 6302

<400> 6302

000

<210> 6303

<400> 6303

000

<210> 6304

<400> 6304

000

<210> 6305

<400> 6305

000

<210> 6306

<400> 6306

000

<210> 6307

<400> 6307

000

<

210> 6308

<400> 6308

000

<210> 6309

<400> 6309

000

<210> 6310

<400> 6310

000

<210> 6311

<400> 6311

000

<210> 6312

<400> 6312

000

<210> 6313

<400> 6313

000

<210> 6314

<400> 6314
000
<210> 6315
<400> 6315
000
<210> 6316
<400> 6316
000
<210> 6317
<400> 6317
000
<210> 6318
<400> 6318
000
<210> 6319
<400> 6319
000
<210> 6320
<400> 6320
000
<210> 6321
<400> 6321
000
<210> 6322
<400> 6322
000
<210> 6323
<400> 6323
000
<210
> 6324
<400> 6324
000
<210> 6325
<400> 6325

000

<210> 6326

<400> 6326

000

<210> 6327

<400> 6327

000

<210> 6328

<400> 6328

000

<210> 6329

<400> 6329

000

<210> 6330

<400> 6330

000

<210> 6331

<400> 6331

000

<210> 6332

<400> 6332

000

<210> 6333

<400> 6333

000

<210> 6334

<400> 6334

000

<210> 6335

<400> 6335

000

<210> 6336

<400> 6336

000

<210> 6337

<400> 6337

000

<210> 6338

<400> 6338

000

<210> 6339

<400> 6339

000

<210>

6340

<400> 6340

000

<210> 6341

<400> 6341

000

<210> 6342

<400> 6342

000

<210> 6343

<400> 6343

000

<210> 6344

<400> 6344

000

<210> 6345

<400> 6345

000

<210> 6346

<400> 6346

000

<210> 6347

<400> 6347

000

<210> 6348

<400> 6348

000

<210> 6349

<400> 6349

000

<210> 6350

<400> 6350

000

<210> 6351

<400> 6351

000

<210> 6352

<400> 6352

000

<210> 6353

<400> 6353

000

<210> 6354

<400> 6354

000

<210> 6355

<400> 6355

000

<210> 6356

<400> 6356

000

<210> 6357

<400> 6357

000

<210> 6358

<400> 6358

000

<210> 6359

<400> 6359

000

<210> 6360

<400> 6360
000
<210> 6361
<400> 6361
000
<210> 6362
<400> 6362
000
<210> 6363
<400> 6363
000
<210> 6364
<400> 6364
000
<210> 6365
<400> 6365
000
<210> 6366
<400> 6366
000
<210> 6367
<400> 6367
000
<210> 6368
<400> 6368
000
<210> 6369
<400> 6369
000
<210> 6370
<400> 6370
000
<210> 6371
<400> 6371
000
<210> 6372

<

400> 6372

000

<210> 6373

<400> 6373

000

<210> 6374

<400> 6374

000

<210> 6375

<400> 6375

000

<210> 6376

<400> 6376

000

<210> 6377

<400> 6377

000

<210> 6378

<400> 6378

000

<210> 6379

<400> 6379

000

<210> 6380

<400> 6380

000

<210> 6381

<400> 6381

000

<210> 6382

<400> 6382

000

<210> 6383

<400> 6383

000

<210> 6384

<400> 6384

000

<210> 6385

<400> 6385

000

<210> 6386

<400> 6386

000

<210> 6387

<400> 6387

000

<210> 6388

<400

> 6388

000

<210> 6389

<400> 6389

000

<210> 6390

<400> 6390

000

<210> 6391

<400> 6391

000

<210> 6392

<400> 6392

000

<210> 6393

<400> 6393

000

<210> 6394

<400> 6394

000

<210> 6395
<400> 6395
000
<210> 6396
<400> 6396
000
<210> 6397
<400> 6397
000
<210> 6398
<400> 6398
000
<210> 6399
<400> 6399
000
<210> 6400
<400> 6400
000
<210> 6401
<400> 6401
000
<210> 6402
<400> 6402
000
<210> 6403
<400> 6403
000
<210> 6404
<400>
6404
000
<210> 6405
<400> 6405
000
<210> 6406

<400> 6406
000
<210> 6407
<400> 6407
000
<210> 6408
<400> 6408
000
<210> 6409
<400> 6409
000
<210> 6410
<400> 6410
000
<210> 6411
<400> 6411
000
<210> 6412
<400> 6412
000
<210> 6413
<400> 6413
000
<210> 6414
<400> 6414
000
<210> 6415
<400> 6415
000
<210> 6416
<400> 6416
000
<210> 6417
<400> 6417
000
<210> 6418

<400> 6418

000

<210> 6419

<400> 6419

000

<210> 6420

<400> 6420

000

<210> 6421

<400> 6421

000

<210> 6422

<400> 6422

000

<210> 6423

<400> 6423

000

<210> 6424

<400> 6424

000

<210> 6425

<400> 6425

000

<210> 6426

<400> 6426

000

<210> 6427

<400> 6427

000

<210> 6428

<400> 6428

000

<210> 6429

<400> 6429

000

<210> 6430

<400> 6430

000

<210> 6431

<400> 6431

000

<210> 6432

<400> 6432

000

<210> 6433

<400> 6433

000

<210> 6434

<400> 6434

000

<210> 6435

<400> 6435

000

<210> 6436

<400> 6436

000

<210> 6437

<400> 6437

000

<210> 6438

<400> 6438

000

<210> 6439

<400> 6439

000

<210> 6440

<400> 6440

000

<210> 6441
<400> 6441
000
<210> 6442
<400> 6442
000
<210> 6443
<400> 6443
000
<210> 6444
<400> 6444
000
<210> 6445
<400> 6445
000
<210> 6446
<400> 6446
000
<210> 6447
<400> 6447
000
<210> 6448
<400> 6448
000
<210> 6449
<400> 6449
000
<210> 6450
<400> 6450
000
<210> 6451
<400> 6451
000
<210> 6452
<400> 6452
000

<

<210> 6453

<400> 6453

000

<210> 6454

<400> 6454

000

<210> 6455

<400> 6455

000

<210> 6456

<400> 6456

000

<210> 6457

<400> 6457

000

<210> 6458

<400> 6458

000

<210> 6459

<400> 6459

000

<210> 6460

<400> 6460

000

<210> 6461

<400> 6461

000

<210> 6462

<400> 6462

000

<210> 6463

<400> 6463

000

<210> 6464

<400> 6464
000
<210> 6465
<400> 6465
000
<210> 6466
<400> 6466
000
<210> 6467
<400> 6467
000
<210> 6468
<400> 6468
000
<210
> 6469
<400> 6469
000
<210> 6470
<400> 6470
000
<210> 6471
<400> 6471
000
<210> 6472
<400> 6472
000
<210> 6473
<400> 6473
000
<210> 6474
<400> 6474
000
<210> 6475
<400> 6475

000

<210> 6476

<400> 6476

000

<210> 6477

<400> 6477

000

<210> 6478

<400> 6478

000

<210> 6479

<400> 6479

000

<210> 6480

<400> 6480

000

<210> 6481

<400> 6481

000

<210> 6482

<400> 6482

000

<210> 6483

<400> 6483

000

<210> 6484

<400> 6484

000

<210>

6485

<400> 6485

000

<210> 6486

<400> 6486

000

<210> 6487

<400> 6487

000

<210> 6488

<400> 6488

000

<210> 6489

<400> 6489

000

<210> 6490

<400> 6490

000

<210> 6491

<400> 6491

000

<210> 6492

<400> 6492

000

<210> 6493

<400> 6493

000

<210> 6494

<400> 6494

000

<210> 6495

<400> 6495

000

<210> 6496

<400> 6496

000

<210> 6497

<400> 6497

000

<210> 6498

<400> 6498

000

<210> 6499

<400> 6499

000

<210> 6500

<400> 6500

000

<210> 6501

<400> 6501

000

<210> 6502

<400> 6502

000

<210> 6503

<400> 6503

000

<210> 6504

<400> 6504

000

<210> 6505

<400> 6505

000

<210> 6506

<400> 6506

000

<210> 6507

<400> 6507

000

<210> 6508

<400> 6508

000

<210> 6509

<400> 6509

000

<210> 6510

<400> 6510
000
<210> 6511
<400> 6511
000
<210> 6512
<400> 6512
000
<210> 6513
<400> 6513
000
<210> 6514
<400> 6514
000
<210> 6515
<400> 6515
000
<210> 6516
<400> 6516
000
<210> 6517
<
400> 6517
000
<210> 6518
<400> 6518
000
<210> 6519
<400> 6519
000
<210> 6520
<400> 6520
000
<210> 6521
<400> 6521

000

<210> 6522

<400> 6522

000

<210> 6523

<400> 6523

000

<210> 6524

<400> 6524

000

<210> 6525

<400> 6525

000

<210> 6526

<400> 6526

000

<210> 6527

<400> 6527

000

<210> 6528

<400> 6528

000

<210> 6529

<400> 6529

000

<210> 6530

<400> 6530

000

<210> 6531

<400> 6531

000

<210> 6532

<400> 6532

000

<210> 6533

<400

> 6533

000

<210> 6534

<400> 6534

000

<210> 6535

<400> 6535

000

<210> 6536

<400> 6536

000

<210> 6537

<400> 6537

000

<210> 6538

<400> 6538

000

<210> 6539

<400> 6539

000

<210> 6540

<400> 6540

000

<210> 6541

<400> 6541

000

<210> 6542

<400> 6542

000

<210> 6543

<400> 6543

000

<210> 6544

<400> 6544

000

<210> 6545

<400> 6545

000

<210> 6546

<400> 6546

000

<210> 6547

<400> 6547

000

<210> 6548

<400> 6548

000

<210> 6549

<400>

6549

000

<210> 6550

<400> 6550

000

<210> 6551

<400> 6551

000

<210> 6552

<400> 6552

000

<210> 6553

<400> 6553

000

<210> 6554

<400> 6554

000

<210> 6555

<400> 6555

000

<210> 6556

<400> 6556

000

<210> 6557

<400> 6557

000

<210> 6558

<400> 6558

000

<210> 6559

<400> 6559

000

<210> 6560

<400> 6560

000

<210> 6561

<400> 6561

000

<210> 6562

<400> 6562

000

<210> 6563

<400> 6563

000

<210> 6564

<400> 6564

000

<210> 6565

<400> 6565

000

<210> 6566

<400> 6566

000

<210> 6567

<400> 6567

000

<210> 6568

<400> 6568

000

<210> 6569

<400> 6569

000

<210> 6570

<400> 6570

000

<210> 6571

<400> 6571

000

<210> 6572

<400> 6572

000

<210> 6573

<400> 6573

000

<210> 6574

<400> 6574

000

<210> 6575

<400> 6575

000

<210> 6576

<400> 6576

000

<210> 6577

<400> 6577

000

<210> 6578

<400> 6578

000

<210> 6579

<400> 6579

000

<210> 6580

<400> 6580

000

<210> 6581

<400> 6581

000

<210> 6582

<400> 6582

000

<210> 6583

<400> 6583

000

<210> 6584

<400> 6584

000

<210> 6585

<400> 6585

000

<210> 6586

<400> 6586

000

<210> 6587

<400> 6587

000

<210> 6588

<400> 6588

000

<210> 6589

<400> 6589

000

<210> 6590

<400> 6590

000

<210> 6591

<400> 6591

000

<210> 6592

<400> 6592

000

<210> 6593

<400> 6593

000

<210> 6594

<400> 6594

000

<210> 6595

<400> 6595

000

<210> 6596

<400> 6596

000

<210> 6597

<400> 6597

000

<

210> 6598

<400> 6598

000

<210> 6599

<400> 6599

000

<210> 6600

<400> 6600

000

<210> 6601

<400> 6601

000

<210> 6602

<400> 6602

000

<210> 6603

<400> 6603

000

<210> 6604

<400> 6604

000

<210> 6605

<400> 6605

000

<210> 6606

<400> 6606

000

<210> 6607

<400> 6607

000

<210> 6608

<400> 6608

000

<210> 6609

<400> 6609

000

<210> 6610

<400> 6610

000

<210> 6611

<400> 6611

000

<210> 6612

<400> 6612

000

<210> 6613

<400> 6613

000

<210

> 6614

<400> 6614

000

<210> 6615

<400> 6615

000

<210> 6616

<400> 6616

000

<210> 6617

<400> 6617

000

<210> 6618

<400> 6618

000

<210> 6619

<400> 6619

000

<210> 6620

<400> 6620

000

<210> 6621

<400> 6621

000

<210> 6622

<400> 6622

000

<210> 6623

<400> 6623

000

<210> 6624

<400> 6624

000

<210> 6625

<400> 6625

000

<210> 6626

<400> 6626

000

<210> 6627

<400> 6627

000

<210> 6628

<400> 6628

000

<210> 6629

<400> 6629

000

<210>

6630

<400> 6630

000

<210> 6631

<400> 6631

000

<210> 6632

<400> 6632

000

<210> 6633

<400> 6633

000

<210> 6634

<400> 6634

000

<210> 6635

<400> 6635

000

<210> 6636

<400> 6636

000

<210> 6637

<400> 6637

000

<210> 6638

<400> 6638

000

<210> 6639

<400> 6639

000

<210> 6640

<400> 6640

000

<210> 6641

<400> 6641

000

<210> 6642

<400> 6642

000

<210> 6643

<400> 6643

000

<210> 6644

<400> 6644

000

<210> 6645

<400> 6645

000

<210> 6646

<400> 6646

000

<210> 6647

<400> 6647

000

<210> 6648

<400> 6648

000

<210> 6649

<400> 6649

000

<210> 6650

<400> 6650

000

<210> 6651

<400> 6651

000

<210> 6652

<400> 6652

000

<210> 6653

<400> 6653

000

<210> 6654

<400> 6654

000

<210> 6655

<400> 6655

000

<210> 6656

<400> 6656

000

<210> 6657

<400> 6657

000

<210> 6658

<400> 6658

000

<210> 6659

<400> 6659

000

<210> 6660
<400> 6660
000
<210> 6661
<400> 6661
000
<210> 6662
<
400> 6662
000
<210> 6663
<400> 6663
000
<210> 6664
<400> 6664
000
<210> 6665
<400> 6665
000
<210> 6666
<400> 6666
000
<210> 6667
<400> 6667
000
<210> 6668
<400> 6668
000
<210> 6669
<400> 6669
000
<210> 6670
<400> 6670
000
<210> 6671

<400> 6671
000
<210> 6672
<400> 6672
000
<210> 6673
<400> 6673
000
<210> 6674
<400> 6674
000
<210> 6675
<400> 6675
000
<210> 6676
<400> 6676
000
<210> 6677
<400> 6677
000
<210> 6678
<400>
> 6678
000
<210> 6679
<400> 6679
000
<210> 6680
<400> 6680
000
<210> 6681
<400> 6681
000
<210> 6682
<400> 6682

000

<210> 6683

<400> 6683

000

<210> 6684

<400> 6684

000

<210> 6685

<400> 6685

000

<210> 6686

<400> 6686

000

<210> 6687

<400> 6687

000

<210> 6688

<400> 6688

000

<210> 6689

<400> 6689

000

<210> 6690

<400> 6690

000

<210> 6691

<400> 6691

000

<210> 6692

<400> 6692

000

<210> 6693

<400> 6693

000

<210> 6694

<400>

6694

000

<210> 6695

<400> 6695

000

<210> 6696

<400> 6696

000

<210> 6697

<400> 6697

000

<210> 6698

<400> 6698

000

<210> 6699

<400> 6699

000

<210> 6700

<400> 6700

000

<210> 6701

<400> 6701

000

<210> 6702

<400> 6702

000

<210> 6703

<400> 6703

000

<210> 6704

<400> 6704

000

<210> 6705

<400> 6705

000

<210> 6706

<400> 6706

000

<210> 6707

<400> 6707

000

<210> 6708

<400> 6708

000

<210> 6709

<400> 6709

000

<210> 6710

<400> 6710

000

<210> 6711

<400> 6711

000

<210> 6712

<400> 6712

000

<210> 6713

<400> 6713

000

<210> 6714

<400> 6714

000

<210> 6715

<400> 6715

000

<210> 6716

<400> 6716

000

<210> 6717

<400> 6717

000

<210> 6718

<400> 6718

000

<210> 6719

<400> 6719

000

<210> 6720

<400> 6720

000

<210> 6721

<400> 6721

000

<210> 6722

<400> 6722

000

<210> 6723

<400> 6723

000

<210> 6724

<400> 6724

000

<210> 6725

<400> 6725

000

<210> 6726

<400> 6726

000

<210> 6727

<400> 6727

000

<210> 6728

<400> 6728

000

<210> 6729

<400> 6729

000

<210> 6730

<400> 6730

000

<210> 6731

<400> 6731

000

<210> 6732

<400> 6732

000

<210> 6733

<400> 6733

000

<210> 6734

<400> 6734

000

<210> 6735

<400> 6735

000

<210> 6736

<400> 6736

000

<210> 6737

<400> 6737

000

<210> 6738

<400> 6738

000

<210> 6739

<400> 6739

000

<210> 6740

<400> 6740

000

<210> 6741

<400> 6741

000

<210> 6742

<400> 6742

000

<

210> 6743

<400> 6743

000

<210> 6744

<400> 6744

000

<210> 6745

<400> 6745

000

<210> 6746

<400> 6746

000

<210> 6747

<400> 6747

000

<210> 6748

<400> 6748

000

<210> 6749

<400> 6749

000

<210> 6750

<400> 6750

000

<210> 6751

<400> 6751

000

<210> 6752

<400> 6752

000

<210> 6753

<400> 6753

000

<210> 6754

<400> 6754

000

<210> 6755

<400> 6755

000

<210> 6756

<400> 6756

000

<210> 6757

<400> 6757

000

<210> 6758

<400> 6758

000

<210

> 6759

<400> 6759

000

<210> 6760

<400> 6760

000

<210> 6761

<400> 6761

000

<210> 6762

<400> 6762

000

<210> 6763

<400> 6763

000

<210> 6764

<400> 6764

000

<210> 6765

<400> 6765

000

<210> 6766

<400> 6766

000

<210> 6767

<400> 6767

000

<210> 6768

<400> 6768

000

<210> 6769

<400> 6769

000

<210> 6770

<400> 6770

000

<210> 6771

<400> 6771

000

<210> 6772

<400> 6772

000

<210> 6773

<400> 6773

000

<210> 6774

<400> 6774

000

<210>

6775

<400> 6775

000

<210> 6776

<400> 6776

000

<210> 6777

<400> 6777

000

<210> 6778

<400> 6778

000

<210> 6779

<400> 6779

000

<210> 6780

<400> 6780

000

<210> 6781

<400> 6781

000

<210> 6782

<400> 6782

000

<210> 6783

<400> 6783

000

<210> 6784

<400> 6784

000

<210> 6785

<400> 6785

000

<210> 6786

<400> 6786

000

<210> 6787

<400> 6787

000

<210> 6788

<400> 6788

000

<210> 6789

<400> 6789

000

<210> 6790

<400> 6790

000

<210> 6791

<400> 6791

000

<210> 6792

<400> 6792

000

<210> 6793

<400> 6793

000

<210> 6794

<400> 6794

000

<210> 6795

<400> 6795

000

<210> 6796

<400> 6796

000

<210> 6797

<400> 6797

000

<210> 6798

<400> 6798

000

<210> 6799

<400> 6799

000

<210> 6800

<400> 6800

000

<210> 6801

<400> 6801

000

<210> 6802

<400> 6802

000

<210> 6803

<400> 6803

000

<210> 6804

<400> 6804

000

<210> 6805

<400> 6805

000

<210> 6806

<400> 6806

000

<210> 6807

<

400> 6807

000

<210> 6808

<400> 6808

000

<210> 6809
<400> 6809
000
<210> 6810
<400> 6810
000
<210> 6811
<400> 6811
000
<210> 6812
<400> 6812
000
<210> 6813
<400> 6813
000
<210> 6814
<400> 6814
000
<210> 6815
<400> 6815
000
<210> 6816
<400> 6816
000
<210> 6817
<400> 6817
000
<210> 6818
<400> 6818
000
<210> 6819
<400> 6819
000
<210> 6820
<400> 6820
000

<210> 6821

<400> 6821

000

<210> 6822

<400> 6822

000

<210> 6823

<400>

> 6823

000

<210> 6824

<400> 6824

000

<210> 6825

<400> 6825

000

<210> 6826

<400> 6826

000

<210> 6827

<400> 6827

000

<210> 6828

<400> 6828

000

<210> 6829

<400> 6829

000

<210> 6830

<400> 6830

000

<210> 6831

<400> 6831

000

<210> 6832

<400> 6832
000
<210> 6833
<400> 6833
000
<210> 6834
<400> 6834
000
<210> 6835
<400> 6835
000
<210> 6836
<400> 6836
000
<210> 6837
<400> 6837
000
<210> 6838
<400> 6838
000
<210> 6839
<400>
6839
000
<210> 6840
<400> 6840
000
<210> 6841
<400> 6841
000
<210> 6842
<400> 6842
000
<210> 6843
<400> 6843

000

<210> 6844

<400> 6844

000

<210> 6845

<400> 6845

000

<210> 6846

<400> 6846

000

<210> 6847

<400> 6847

000

<210> 6848

<400> 6848

000

<210> 6849

<400> 6849

000

<210> 6850

<400> 6850

000

<210> 6851

<400> 6851

000

<210> 6852

<400> 6852

000

<210> 6853

<400> 6853

000

<210> 6854

<400> 6854

000

<210> 6855

<400> 6855

000

<210> 6856

<400> 6856

000

<210> 6857

<400> 6857

000

<210> 6858

<400> 6858

000

<210> 6859

<400> 6859

000

<210> 6860

<400> 6860

000

<210> 6861

<400> 6861

000

<210> 6862

<400> 6862

000

<210> 6863

<400> 6863

000

<210> 6864

<400> 6864

000

<210> 6865

<400> 6865

000

<210> 6866

<400> 6866

000

<210> 6867

<400> 6867

000

<210> 6868

<400> 6868

000

<210> 6869

<400> 6869

000

<210> 6870

<400> 6870

000

<210> 6871

<400> 6871

000

<210> 6872

<400> 6872

000

<210> 6873

<400> 6873

000

<210> 6874

<400> 6874

000

<210> 6875

<400> 6875

000

<210> 6876

<400> 6876

000

<210> 6877

<400> 6877

000

<210> 6878

<400> 6878

000

<210> 6879

<400> 6879

000

<210> 6880

<400> 6880

000

<210> 6881

<400> 6881

000

<210> 6882

<400> 6882

000

<210> 6883

<400> 6883

000

<210> 6884

<400> 6884

000

<210> 6885

<400> 6885

000

<210> 6886

<400> 6886

000

<210> 6887

<400> 6887

000

<

210> 6888

<400> 6888

000

<210> 6889

<400> 6889
000
<210> 6890
<400> 6890
000
<210> 6891
<400> 6891
000
<210> 6892
<400> 6892
000
<210> 6893
<400> 6893
000
<210> 6894
<400> 6894
000
<210> 6895
<400> 6895
000
<210> 6896
<400> 6896
000
<210> 6897
<400> 6897
000
<210> 6898
<400> 6898
000
<210> 6899
<400> 6899
000
<210> 6900
<400> 6900
000
<210> 6901

<400> 6901

000

<210> 6902

<400> 6902

000

<210> 6903

<400> 6903

000

<210

> 6904

<400> 6904

000

<210> 6905

<400> 6905

000

<210> 6906

<400> 6906

000

<210> 6907

<400> 6907

000

<210> 6908

<400> 6908

000

<210> 6909

<400> 6909

000

<210> 6910

<400> 6910

000

<210> 6911

<400> 6911

000

<210> 6912

<400> 6912

000

<210> 6913

<400> 6913

000

<210> 6914

<400> 6914

000

<210> 6915

<400> 6915

000

<210> 6916

<400> 6916

000

<210> 6917

<400> 6917

000

<210> 6918

<400> 6918

000

<210> 6919

<400> 6919

000

<210>

6920

<400> 6920

000

<210> 6921

<400> 6921

000

<210> 6922

<400> 6922

000

<210> 6923

<400> 6923

000

<210> 6924

<400> 6924

000

<210> 6925

<400> 6925

000

<210> 6926

<400> 6926

000

<210> 6927

<400> 6927

000

<210> 6928

<400> 6928

000

<210> 6929

<400> 6929

000

<210> 6930

<400> 6930

000

<210> 6931

<400> 6931

000

<210> 6932

<400> 6932

000

<210> 6933

<400> 6933

000

<210> 6934

<400> 6934

000

<210> 6935

<400> 6935

000

<210> 6936

<400> 6936

000

<210> 6937

<400> 6937

000

<210> 6938

<400> 6938

000

<210> 6939

<400> 6939

000

<210> 6940

<400> 6940

000

<210> 6941

<400> 6941

000

<210> 6942

<400> 6942

000

<210> 6943

<400> 6943

000

<210> 6944

<400> 6944

000

<210> 6945

<400> 6945

000

<210> 6946

<400> 6946

000

<210> 6947

<400> 6947

000

<210> 6948

<400> 6948

000

<210> 6949

<400> 6949

000

<210> 6950

<400> 6950

000

<210> 6951

<400> 6951

000

<210> 6952

<

400> 6952

000

<210> 6953

<400> 6953

000

<210> 6954

<400> 6954

000

<210> 6955

<400> 6955

000

<210> 6956

<400> 6956

000

<210> 6957

<400> 6957

000

<210> 6958

<400> 6958

000

<210> 6959

<400> 6959

000

<210> 6960

<400> 6960

000

<210> 6961

<400> 6961

000

<210> 6962

<400> 6962

000

<210> 6963

<400> 6963

000

<210> 6964

<400> 6964

000

<210> 6965

<400> 6965

000

<210> 6966

<400> 6966

000

<210> 6967

<400> 6967

000

<210> 6968

<400

> 6968

000

<210> 6969

<400> 6969

000

<210> 6970

<400> 6970

000

<210> 6971

<400> 6971

000

<210> 6972

<400> 6972

000

<210> 6973

<400> 6973

000

<210> 6974

<400> 6974

000

<210> 6975

<400> 6975

000

<210> 6976

<400> 6976

000

<210> 6977

<400> 6977

000

<210> 6978

<400> 6978

000

<210> 6979

<400> 6979

000

<210> 6980

<400> 6980

000

<210> 6981

<400> 6981

000

<210> 6982

<400> 6982

000

<210> 6983

<400> 6983

000

<210> 6984

<400>

6984

000

<210> 6985

<400> 6985

000

<210> 6986

<400> 6986

000

<210> 6987

<400> 6987

000

<210> 6988

<400> 6988

000

<210> 6989

<400> 6989

000

<210> 6990

<400> 6990

000

<210> 6991

<400> 6991

000

<210> 6992

<400> 6992

000

<210> 6993

<400> 6993

000

<210> 6994

<400> 6994

000

<210> 6995

<400> 6995

000

<210> 6996

<400> 6996

000

<210> 6997

<400> 6997

000

<210> 6998

<400> 6998

000

<210> 6999

<400> 6999

000

<210> 7000

<400> 7000

000

<210> 7001

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7001

Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Glu Pro Leu Gly Leu Val Ala Thr

1

5

10

15

<210> 7002

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7002

Ala Ser Gly Arg Ser Thr Asn Ala Gly Pro Ser Gly Leu Ala Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7003

<211> 16

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7003

Ala Ser Gly Arg Ser Thr Asn Ala Gly Pro Gln Gly Leu Ala Gly Gln

1 5 10 15

<210> 7004

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7004

Ala Ser Gly Arg Ser Thr Asn Ala Gly Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7005

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7005

Ala Ser Ser Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7006

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7006

Ala Ser Ser Arg Thr Thr Asn Thr Gly Pro Ser Thr Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7007

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7007

Ala Ala Gly Arg Ser Asp Asn Gly Thr Pro Leu Glu Leu Val Ala Pro

1 5 10 15

<210> 7008

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7008

Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Glu Pro Leu Gly Leu Val Ala Thr

1 5 10 15

<210> 7009

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7009

Ala Ser Gly Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7010

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7010

Leu Phe Gly Arg Asn Asp Asn His Glu Pro Leu Glu Leu Gly Gly Gly

1 5 10 15

<210> 7011

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7011

Thr Ala Gly Arg Ser Asp Asn Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Phe Gly

1 5 10 15

<210> 7012

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7012

Leu Asp Gly Arg Ser Asp Asn Phe His Pro Pro Glu Leu Val Ala Gly

1 5 10 15

<210> 7013

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7013

Leu Glu Gly Arg Ser Asp Asn Glu Glu Pro Glu Asn Leu Val Ala Gly

1 5 10 15

<210> 7014

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7014

Leu Lys Gly Arg Ser Asp Asn Asn Ala Pro Leu Ala Leu Val Ala Gly

1 5 10 15

<210> 7015

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7015

Val Tyr Ser Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro His Gly Leu Thr Gly Arg

1 5 10 15

<210> 7016

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> Synthetic

<400> 7016

Ala Asn Ser Arg Gly Thr Asn Lys Gly Phe Ala Gly Leu Ile Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7017

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7017

Ala Ser Ser Arg Leu Thr Asn Glu Ala Pro Ala Gly Leu Thr Ile Pro

1 5 10 15

<210> 7018

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7018

Asp Gln Ser Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro Glu Gly Leu Thr Asp Pro

1 5 10 15

<210> 7019

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7019

Glu Ser Ser Arg Gly Thr Asn Ile Gly Gln Gly Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7020

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7020

Ser Ser Ser Arg Gly Thr Asn Gln Asp Pro Ala Gly Leu Thr Ile Pro

1 5 10 15

<210> 7021

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7021

Ala Ser Ser Arg Gly Gln Asn His Ser Pro Met Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7022

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7022

Ala Tyr Ser Arg Gly Pro Asn Ala Gly Pro Ala Gly Leu Glu Gly Arg

1 5 10 15

<210> 7023

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7023

Ala Ser Glu Arg Gly Asn Asn Ala Gly Pro Ala Asn Leu Thr Gly Phe

1 5 10 15

<210> 7024

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7024

Ala Ser His Arg Gly Thr Asn Pro Lys Pro Ala Ile Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7025

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> Synthetic

<400> 7025

Met Ser Ser Arg Arg Thr Asn Ala Asn Pro Ala Gln Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7026

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7026

Gly Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu Pro Leu Glu Leu Gly Ala Ala

1 5 10 15

<210> 7027

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7027

Leu Ala Gly Arg Ser Glu Asn Thr Ala Pro Leu Glu Leu Thr Ala Gly

1 5 10 15

<210> 7028

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7028

Leu Glu Gly Arg Pro Asp Asn His Glu Pro Leu Ala Leu Val Ala Ser

1 5 10 15

<210> 7029

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7029

Leu Ser Gly Arg Ser Asp Asn Glu Glu Pro Leu Ala Leu Pro Ala Gly

1 5 10 15

<210> 7030

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7030

Glu Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu Pro Leu Glu Leu Ser Ala Pro

1 5 10 15

<210> 7031

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7031

Glu Gly Gly Arg Ser Asp Asn His Gly Pro Leu Glu Leu Val Ser Gly

1 5 10 15

<210> 7032

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7032

Leu Ser Gly Arg Ser Asp Asn Glu Ala Pro Leu Glu Leu Glu Ala Gly

1 5 10 15

<210> 7033

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7033

Leu Gly Gly Arg Ala Asp Asn His Glu Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly

1 5 10 15

<210> 7034

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> Synthetic

<400> 7034

Pro Pro Ser Arg Gly Thr Asn Ala Glu Pro Ala Gly Leu Thr Gly Glu

1 5 10 15

<210> 7035

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7035

Ala Ser Thr Arg Gly Glu Asn Ala Gly Pro Ala Gly Leu Glu Ala Pro

1 5 10 15

<210> 7036

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7036

Glu Ser Ser Arg Gly Thr Asn Gly Ala Pro Glu Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7037

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7037

Ala Ser Ser Arg Ala Thr Asn Glu Ser Pro Ala Gly Leu Thr Gly Glu

1 5 10 15

<210> 7038

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7038

Ala Ser Ser Arg Gly Glu Asn Pro Pro Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7039

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7039

Ala Ala Ser Arg Gly Thr Asn Thr Gly Pro Ala Glu Leu Thr Gly Ser

1 5 10 15

<210> 7040

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7040

Ala Gly Ser Arg Thr Thr Asn Ala Gly Pro Gly Gly Leu Glu Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7041

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7041

Ala Pro Ser Arg Gly Glu Asn Ala Gly Pro Ala Thr Leu Thr Gly Ala

1 5 10 15

<210> 7042

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7042

Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Gly Pro Pro Thr Leu Thr Ala Pro

1 5 10 15

<210> 7043

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> Synthetic

<400> 7043

Asn Pro Gly Arg Ala Ala Asn Glu Gly Pro Pro Gly Leu Pro Gly Ser

1 5 10 15

<210> 7044

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7044

Glu Ser Ser Arg Ala Ala Asn Leu Thr Pro Pro Glu Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7045

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7045

Ala Ser Gly Arg Ala Ala Asn Glu Thr Pro Pro Gly Leu Thr Gly Ala

1 5 10 15

<210> 7046

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7046

Asn Ser Gly Arg Gly Glu Asn Leu Gly Ala Pro Gly Leu Thr Gly Thr

1 5 10 15

<210> 7047

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7047

Thr Thr Gly Arg Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7048

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7048

Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7049

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7049

Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7050

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7050

Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7051

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7051

Thr Thr Gly Arg Ala Glu Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu
 1 5 10 15
 Thr Gly Pro

<210> 7052

<211

> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7052

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu
 1 5 10 15
 Thr Gly Pro

<210> 7053

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7053

Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Ala Asn Ala Thr Pro Ala Gly Leu
 1 5 10 15
 Thr Gly Pro

<210> 7054

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7054

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Glu Gly Ala Thr Ser Ala Gly Ala
 1 5 10 15
 Thr Gly Pro

<210> 7055

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7055

Thr Thr Gly Glu Ala Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr Ser Ala Gly Ala

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7056

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7056

Thr Thr Gly Glu Ala Gly Glu Ala Ala Gly Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7057

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7057

Thr Thr Gly Ala Ala Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7058

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7058

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Gly Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7059

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7059

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr Ser Ala Gly Ala

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7060

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7060

Thr Thr Gly Glu Ala Gly Glu Ala Ala Gly Ala Thr Ser Ala Gly Ala

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7061

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7061

Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Glu Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly

1 5 10 15

<210> 7062

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7062

Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Ala Pro Glu Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

<210> 7063

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7063

Glu Pro Gly Arg Ala Ala Asn His Glu Pro Ser Gly Leu Thr Glu Gly

1 5 10 15

<210> 7064

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7064

Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn His Thr Gly Ala Pro Pro Gly Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7065

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7065

Thr Thr Gly Arg Thr Gly Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Gly Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7066

<211>

> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7066

Arg Thr Gly Arg Ser Gly Glu Ala Ala Asn Glu Thr Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Glu Gly Pro

<210> 7067

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7067

Arg Thr Gly Arg Thr Gly Glu Ser Ala Asn Glu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Gly Gly Pro

<210> 7068

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7068

Ser Thr Gly Arg Thr Gly Glu Pro Ala Asn Glu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Ser Gly Pro

<210> 7069

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7069

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Pro Ala Asn Ala Thr Pro Thr Gly Leu

1 5 10 15

Ser Gly Pro

<210> 7070

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7070

Arg Thr Gly Arg Pro Gly Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Thr Gly Leu

1 5 10 15

Pro Gly Pro

<210> 7071

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7071

Arg Thr Gly Arg Gly Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr Pro Ser Gly Leu

1 5 10 15

Gly Gly Pro

<210> 7072

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7072

Ser Thr Gly Arg Ser Gly Glu Ser Ala Asn Ala Thr Pro Gly Gly Leu

1 5 10 15

Gly Gly Pro

<210> 7073

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7073

Arg Thr Gly Arg Thr Gly Glu Glu Ala Asn Ala Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Pro Gly Pro

<210> 7074

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7074

Ala Thr Gly Arg Pro Gly Glu Pro Ala Asn Thr Thr Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Glu Gly Pro

<210> 7075

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7075

Ser Thr Gly Arg Ser Gly Glu Pro Ala Asn Ala Thr Pro Gly Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7076

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7076

Pro Thr Gly Arg Gly Gly Glu Gly Ala Asn Thr Thr Pro Thr Gly Leu

1 5 10 15

Pro Gly Pro

<210> 7077

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7077

Pro Thr Gly Arg Ser Gly Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Ser Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7078

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7078

Thr Thr Gly Arg Ala Ser Glu Gly Ala Asn Ser Thr Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Thr Glu Pro

<210> 7079

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7079

Thr Tyr Gly Arg Ala Ala Glu Ala Ala Asn Thr Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Ala Pro

<210> 7080

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7080

Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Ala Glu Leu

1 5 10 15

Thr Glu Pro

<210> 7081

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7081

Thr Val Gly Arg Ala Ser Glu Glu Ala Asn Thr Thr Pro Ala Ser Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7082

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7082

Thr Thr Gly Arg Ala Pro Glu Ala Ala Asn Ala Thr Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7083

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7083

Thr Trp Gly Arg Ala Thr Glu Pro Ala Asn Ala Thr Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Thr Ser Pro

<210> 7084

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7084

Thr Val Gly Arg Ala Ser Glu Ser Ala Asn Ala Thr Pro Ala Glu Leu

1 5 10 15

Thr Ser Pro

<210> 7085

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7085

Thr Val Gly Arg Ala Pro Glu Gly Ala Asn Ser Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7086

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7086

Thr Trp Gly Arg Ala Thr Glu Ala Pro Asn Leu Glu Pro Ala Thr Leu

1 5 10 15

Thr Thr Pro

<210> 7087

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7087

Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Pro Asn Leu Thr Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Thr Glu Pro

<210> 7088

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7088

Thr Gln Gly Arg Ala Thr Glu Ala Pro Asn Leu Ser Pro Ala Ala Leu

1 5 10 15

Thr Ser Pro

<210> 7089

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7089

Thr Gln Gly Arg Ala Ala Glu Ala Pro Asn Leu Thr Pro Ala Thr Leu

1 5 10 15

Thr Ala Pro

<210> 7090

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7090

Thr Ser Gly Arg Ala Pro Glu Ala Thr Asn Leu Ala Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7091

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7091

Thr Gln Gly Arg Ala Ala Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Glu Pro

<210> 7092

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7092

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Ser Ala Pro Asn Leu Pro Pro Thr Gly Leu

1 5 10 15

Thr Thr Pro

<210> 7093

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7093

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Gly Ala Glu Asn Leu Pro Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Thr Ala Pro

<210> 7094

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7094

Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Thr Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Thr Ala Pro

<210> 7095

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7095

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Thr Ala Thr Asn Leu Pro Pro Ser Gly Leu
1 5 10 15

Thr Thr Pro

<210> 7096

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7096

Thr Thr Ala Arg Ala Gly Glu Ala Glu Asn Leu Ser Pro Ser Gly Leu
1 5 10 15

Thr Ala Pro

<210> 7097

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7097

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Gly Ala Gly Asn Leu Ala Pro Gly Gly Leu
1 5 10 15

Thr Glu Pro

<210> 7098

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7098

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Thr Ala Thr Asn Leu Pro Pro Glu Gly Leu
1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7099

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7099

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Gly Ala Ala Asn Leu Ala Pro Thr Gly Leu

1 5 10 15

Thr Glu Pro

<210> 7100

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7100

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Thr Ala Glu Asn Leu Ala Pro Ser Gly Leu

1 5 10 15

Thr Thr Pro

<210> 7101

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7101

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Ser Ala Thr Asn Leu Gly Pro Gly Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7102

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7102

Thr Thr Ala Arg Ala Gly Gly Ala Glu Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Glu Pro

<210> 7103

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7103

Thr Thr Ala Arg Ala Gly Ser Ala Glu Asn Leu Ser Pro Ser Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7104

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7104

Thr Thr Ala Arg Ala Gly Gly Ala Gly Asn Leu Ala Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Thr Thr Pro

<210> 7105

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7105

Thr Thr Ser Arg Ala Gly Ala Ala Glu Asn Leu Thr Pro Thr Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7106

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7106

Thr Tyr Gly Arg Thr Thr Thr Pro Gly Asn Glu Pro Pro Ala Ser Leu

1 5 10 15

Glu Ala Glu

<210> 7107

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7107

Thr Tyr Ser Arg Gly Glu Ser Gly Pro Asn Glu Pro Pro Pro Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7108

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7108

Ala Trp Gly Arg Thr Gly Ala Ser Glu Asn Glu Thr Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Gly Gly Glu

<210> 7109

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7109

Arg Trp Gly Arg Ala Glu Thr Thr Pro Asn Thr Pro Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Glu Thr Glu

<210> 7110

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7110

Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn His Thr Gly Ala Glu Pro Pro Glu Leu

1 5 10 15

Gly Ala Gly

<210> 7111

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7111

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Glu Ser

<210> 7112

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7112

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Ala Leu

1 5 10 15

Thr Glu Ser

<210> 7113

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7113

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Thr Glu Ser

<210> 7114

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7114

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu

1 5 10 15

Thr Glu Ser

<210> 7115

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7115

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Ala

<210> 7116

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7116

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Ala

<210> 7117

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7117

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu

1 5 10 15

Thr Gly Ala

<210> 7118

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7118

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Glu Ala

<210> 7119

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7119

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Thr Glu Ala

<210> 7120

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7120

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Thr Glu Ala

<210> 7121

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7121

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu

1 5 10 15

Thr Glu Ala

<210> 7122

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7122

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu

1 5 10 15

Thr Gly Pro

<210> 7123

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7123

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Gly

<210> 7124

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7124

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Thr Gly Gly

<210> 7125

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7125

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Ala Leu

1 5 10 15

Thr Gly Gly

<210> 7126

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7126

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu

1 5 10 15

Thr Gly Gly

<210> 7127

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7127

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu

1 5 10 15

Thr Glu Gly

<210> 7128

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7128

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu

1 5 10 15

Thr Glu Gly

<210> 7129

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7129

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Pro Leu

1 5 10 15

Thr Glu Gly

<210> 7130

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7130

Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu

1 5 10 15

Thr Glu Gly

<210> 7131

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7131

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ala Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7132

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7132

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ala Pro Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7133

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7133

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Glu Gly Gly Tyr Ala Ala Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7134

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7134

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Pro Gly Gly Tyr Ala Leu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7135

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7135

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Ala Phe Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7136

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7136

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Ser Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Thr Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7137

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7137

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Gly Tyr Ala Thr Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7138

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7138

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Gly Tyr Ala Asn Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7139

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7139

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Gly Tyr Ala His Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7140

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7140

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Tyr Gly Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7141

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7141

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Pro Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7142

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7142

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Tyr Val Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Thr Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7143

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7143

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Gly Tyr Leu Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7144

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7144

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Gly Tyr Ser Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7145

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7145

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Gly Tyr Thr Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7146

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7146

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Tyr Gln Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7147

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7147

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Glu Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7148

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7148

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Ile Gly Pro Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Thr Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7149

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7149

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7150

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7150

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Ile Gly Ser Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7151

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7151

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ile Gly Thr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7152

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7152

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Ile Gly Asn Ala Glu Leu Arg Met Gly

1

5

10

15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7153

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7153

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Ile Gly Gln Ala Glu Leu Arg Met Gly

1

5

10

15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7154

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7154

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Pro Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1

5

10

15

Gly Thr Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7155

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7155

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Ala Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7156

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7156

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Val Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7157

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7157

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Leu Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7158

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7158

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Ile Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7159

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7159

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Phe Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7160

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7160

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Tyr Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Thr Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7161

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7161

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Ser Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7162

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7162

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Asn Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7163

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7163

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Glu Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7164

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7164

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly His Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7165

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7165

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Ala Glu Ala Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7166

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7166

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Glu Val Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Thr Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7167

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7167

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Gly Tyr Ala Glu Ile Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7168

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7168

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Gly Tyr Ala Glu Phe Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7169

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7169

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Gly Tyr Ala Glu Tyr Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7170

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7170

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Tyr Ala Glu Ser Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7171

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7171

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Ala Glu Thr Arg Met Gly

1 5 10 15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7172

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7172

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Ala Met Gly

1 5 10 15

Gly Thr Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7173

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7173

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Val Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7174

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7174

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Leu Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7175

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7175

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Ile Met Gly

1

5

10

15

Gly Glu Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7176

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7176

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Trp Met Gly

1

5

10

15

Gly Pro Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7177

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7177

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Ser Met Gly

1

5

10

15

Gly Ser Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7178

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7178

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Thr Met Gly

1 5 10 15

Gly Thr Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7179

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7179

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Gln Met Gly

1 5 10 15

Gly Ala Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7180

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7180

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Asn Met Gly

1 5 10 15

Gly Gly Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7181

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7181

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Glu Met Gly

1 5 10 15

Gly Glu Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7182

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7182

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Pro Gly

1 5 10 15

Gly Pro Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7183

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7183

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Ala Gly

1 5 10 15

Gly Ser Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7184

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7184

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Leu Gly

1 5 10 15

Gly Thr Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7185

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7185

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Ile Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7186

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7186

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7187

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7187

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Asn Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7188

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7188

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Gln Gly

1

5

10

15

Gly Pro Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7189

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7189

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Asp Gly

1

5

10

15

Gly Ser Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7190

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7190

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Glu Gly

1

5

10

15

Gly Thr Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7191

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7191

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg His Gly
1 5 10 15

Gly Ala Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25

<210> 7192

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7192

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

Gly Gly Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25

<210> 7193

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7193

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

Gly Glu Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25

<210> 7194

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7194

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Met Val

1 5 10 15

Gly Pro Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7195

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7195

Gly Ser Ala Pro Gly Glu Ala Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Met Leu

1 5 10 15

Gly Ser Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7196

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7196

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Met Ile

1 5 10 15

Gly Thr Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7197

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7197

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Met Tyr

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7198

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7198

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Met Ser

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7199

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7199

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Met Asn

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7200

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7200

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Arg Met Gln

1 5 10 15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7201

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7201

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Asn His Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

Gly Ala Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7202

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7202

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Asn Thr Ala Pro Glu Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

Ser Thr Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7203

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7203

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Gly Ala Pro Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

Gly Thr Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7204

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7204

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Asn His Glu Pro Ser Gly Leu Thr Glu Gly

1 5 10 15

Ser Pro Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7205

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7205

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Asn Thr Glu Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly

1 5 10 15

Thr Glu Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7206

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7206

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Pro Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

Pro Gly Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7207

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7207

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Thr Pro Ala Pro Leu Gly Gly Glu

1 5 10 15

Pro Gly Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7208

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7208

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Ala Gly Pro Pro Glu Gly Leu Glu Thr Glu

1 5 10 15

Ala Gly Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7209

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7209

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Thr Ser Gly Gln Gly Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

Glu Ser Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7210

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7210

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ala Gly Gly Ala Ala Asn Leu Val Arg Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7211

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7211

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Gly Gly Gly Ala Ala Pro Leu Val Arg Gly

1

5

10

15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7212

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7212

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

1

5

10

15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7213

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7213

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Pro Gly Gly Ala Ala Leu Leu Val Arg Gly

1

5

10

15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7214

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7214

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

1 5 10 15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7215

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7215

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Ala Ala Ser Leu Val Arg Gly

1 5 10 15

Gly Thr Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7216

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7216

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

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7217

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7217

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Pro Gly Gly Ala Ala Gly Leu Val Arg Gly

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7218

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7218

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Gly Gly Ala Ala Asp Leu Val Arg Gly

1 5 10 15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7219

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7219

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

1 5 10 15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7220

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7220

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

1 5 10 15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7221

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7221

Gly Ser Ala Pro Gly Pro Gly Gly Gly Ala Val Asn Leu Val Arg Gly

1 5 10 15

Gly Thr Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7222

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7222

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

1 5 10 15

Gly Ala Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25

<210> 7223

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7223

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

1 5 10 15

Gly Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7224

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7224

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

1

5

10

15

Gly Glu Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7225

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7225

Gly Ser Ala Pro Gly Gly Thr Gly Gly Ala Gln Asn Leu Val Arg Gly

1

5

10

15

Gly Pro Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7226

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7226

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

1

5

10

15

Gly Ser Ile Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20

25

<210> 7227

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7227

Gly Ser Ala Pro Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Glu Pro Leu Gly

1 5 10 15

Leu Val Ala Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7228

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7228

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Gly Arg Ser Thr Asn Ala Gly Pro Ser Gly

1 5 10 15

Leu Ala Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7229

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7229

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Gly Arg Ser Thr Asn Ala Gly Pro Gln Gly

1 5 10 15

Leu Ala Gly Gln Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7230

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7230

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Gly Arg Ser Thr Asn Ala Gly Pro Pro Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7231

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7231

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7232

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7232

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Arg Thr Thr Asn Thr Gly Pro Ser Thr

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7233

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7233

Gly Ser Ala Pro Ala Ala Gly Arg Ser Asp Asn Gly Thr Pro Leu Glu

1 5 10 15

Leu Val Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7234

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7234

Gly Ser Ala Pro Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Glu Pro Leu Gly

1 5 10 15

Leu Val Ala Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7235

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7235

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Gly Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7236

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7236

Gly Ser Ala Pro Leu Phe Gly Arg Asn Asp Asn His Glu Pro Leu Glu

1 5 10 15

Leu Gly Gly Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7237

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7237

Gly Ser Ala Pro Thr Ala Gly Arg Ser Asp Asn Leu Glu Pro Leu Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

<210> 7238

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7238

Gly Ser Ala Pro Leu Asp Gly Arg Ser Asp Asn Phe His Pro Pro Glu

1 5 10 15

Leu Val Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7239

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7239

Gly Ser Ala Pro Leu Glu Gly Arg Ser Asp Asn Glu Glu Pro Glu Asn

1 5 10 15

Leu Val Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7240

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7240

Gly Ser Ala Pro Leu Lys Gly Arg Ser Asp Asn Asn Ala Pro Leu Ala

1 5 10 15

Leu Val Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7241

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7241

Gly Ser Ala Pro Val Tyr Ser Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro His Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7242

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7242

Gly Ser Ala Pro Ala Asn Ser Arg Gly Thr Asn Lys Gly Phe Ala Gly

1 5 10 15

Leu Ile Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7243

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7243

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Arg Leu Thr Asn Glu Ala Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Ile Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7244

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7244

Gly Ser Ala Pro Asp Gln Ser Arg Gly Thr Asn Ala Gly Pro Glu Gly

1 5 10 15

Leu Thr Asp Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7245

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7245

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Ser Arg Gly Thr Asn Ile Gly Gln Gly Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7246

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7246

Gly Ser Ala Pro Ser Ser Ser Arg Gly Thr Asn Gln Asp Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Ile Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25 30

<210> 7247

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7247

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Arg Gly Gln Asn His Ser Pro Met Gly
1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25 30

<210> 7248

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7248

Gly Ser Ala Pro Ala Tyr Ser Arg Gly Pro Asn Ala Gly Pro Ala Gly
1 5 10 15

Leu Glu Gly Arg Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25 30

<210> 7249

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7249

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Glu Arg Gly Asn Asn Ala Gly Pro Ala Asn
1 5 10 15

Leu Thr Gly Phe Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25 30

<210> 7250

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7250

Gly Ser Ala Pro Ala Ser His Arg Gly Thr Asn Pro Lys Pro Ala Ile

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7251

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7251

Gly Ser Ala Pro Met Ser Ser Arg Arg Thr Asn Ala Asn Pro Ala Gln

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7252

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7252

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu Pro Leu Glu

1 5 10 15

Leu Gly Ala Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7253

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7253

Gly Ser Ala Pro Leu Ala Gly Arg Ser Glu Asn Thr Ala Pro Leu Glu

1 5 10 15

Leu Thr Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7254

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7254

Gly Ser Ala Pro Leu Glu Gly Arg Pro Asp Asn His Glu Pro Leu Ala

1 5 10 15

Leu Val Ala Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7255

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7255

Gly Ser Ala Pro Leu Ser Gly Arg Ser Asp Asn Glu Glu Pro Leu Ala

1 5 10 15

Leu Pro Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7256

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7256

Gly Ser Ala Pro Glu Ala Gly Arg Thr Asp Asn His Glu Pro Leu Glu

1 5 10 15

Leu Ser Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7257

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7257

Gly Ser Ala Pro Glu Gly Gly Arg Ser Asp Asn His Gly Pro Leu Glu

1 5 10 15

Leu Val Ser Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7258

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7258

Gly Ser Ala Pro Leu Ser Gly Arg Ser Asp Asn Glu Ala Pro Leu Glu

1 5 10 15

Leu Glu Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7259

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7259

Gly Ser Ala Pro Leu Gly Gly Arg Ala Asp Asn His Glu Pro Pro Glu

1 5 10 15

Leu Gly Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7260

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7260

Gly Ser Ala Pro Pro Pro Ser Arg Gly Thr Asn Ala Glu Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Glu Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7261

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7261

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Thr Arg Gly Glu Asn Ala Gly Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Glu Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7262

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7262

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Ser Arg Gly Thr Asn Gly Ala Pro Glu Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7263

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7263

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Arg Ala Thr Asn Glu Ser Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Glu Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7264

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7264

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Arg Gly Glu Asn Pro Pro Pro Gly Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7265

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7265

Gly Ser Ala Pro Ala Ala Ser Arg Gly Thr Asn Thr Gly Pro Ala Glu

1 5 10 15

Leu Thr Gly Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7266

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7266

Gly Ser Ala Pro Ala Gly Ser Arg Thr Thr Asn Ala Gly Pro Gly Gly
1 5 10 15

Leu Glu Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25 30

<210> 7267

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7267

Gly Ser Ala Pro Ala Pro Ser Arg Gly Glu Asn Ala Gly Pro Ala Thr
1 5 10 15

Leu Thr Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25 30

<210> 7268

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7268

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Gly Pro Pro Thr
1 5 10 15

Leu Thr Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
20 25 30

<210> 7269

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7269

Gly Ser Ala Pro Asn Pro Gly Arg Ala Ala Asn Glu Gly Pro Pro Gly

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7270

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7270

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Ser Arg Ala Ala Asn Leu Thr Pro Pro Glu

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7271

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7271

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Gly Arg Ala Ala Asn Glu Thr Pro Pro Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7272

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7272

Gly Ser Ala Pro Asn Ser Gly Arg Gly Glu Asn Leu Gly Ala Pro Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7273

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7273

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7274

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7274

Gly Ser Ala Pro Glu Ala Gly Arg Ser Ala Asn His Thr Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7275

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7275

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Thr Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7276

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7276

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7277

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7277

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Glu Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7278

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7278

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7279

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7279

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7280

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7280

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Glu Gly Ala Thr

1 5 10 15

Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7281

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7281

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Glu Ala Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7282

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7282

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Glu Ala Gly Glu Ala Ala Gly Leu Thr
1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7283

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7283

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Ala Ala Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr
1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7284

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7284

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Gly Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7285

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7285

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7286

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7286

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Glu Ala Gly Glu Ala Ala Gly Ala Thr

1 5 10 15

Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7287

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7287

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Glu Pro Pro Glu

1 5 10 15

Leu Gly Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7288

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

> Synthetic

<400> 7288

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn Thr Ala Pro Glu Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7289

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7289

Gly Ser Ala Pro Glu Pro Gly Arg Ala Ala Asn His Glu Pro Ser Gly

1 5 10 15

Leu Thr Glu Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7290

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7290

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn His Thr Gly Ala Pro

1 5 10 15

Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7291

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7291

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Thr Gly Glu Gly Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7292

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7292

Gly Ser Ala Pro Arg Thr Gly Arg Ser Gly Glu Ala Ala Asn Glu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Gly Leu Glu Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7293

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7293

Gly Ser Ala Pro Arg Thr Gly Arg Thr Gly Glu Ser Ala Asn Glu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Gly Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7294

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7294

Gly Ser Ala Pro Ser Thr Gly Arg Thr Gly Glu Pro Ala Asn Glu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Ser Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7295

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7295

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Pro Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Thr Gly Leu Ser Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7296

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7296

Gly Ser Ala Pro Arg Thr Gly Arg Pro Gly Glu Gly Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Thr Gly Leu Pro Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7297

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7297

Gly Ser Ala Pro Arg Thr Gly Arg Gly Gly Glu Ala Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Leu Gly Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7298

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7298

Gly Ser Ala Pro Ser Thr Gly Arg Ser Gly Glu Ser Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Gly Gly Leu Gly Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7299

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7299

Gly Ser Ala Pro Arg Thr Gly Arg Thr Gly Glu Glu Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Pro Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7300

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7300

Gly Ser Ala Pro Ala Thr Gly Arg Pro Gly Glu Pro Ala Asn Thr Thr

1 5 10 15

Pro Glu Gly Leu Glu Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7301

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7301

Gly Ser Ala Pro Ser Thr Gly Arg Ser Gly Glu Pro Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7302

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7302

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Arg Gly Gly Glu Gly Ala Asn Thr Thr

1 5 10 15

Pro Thr Gly Leu Pro Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7303

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7303

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Arg Ser Gly Glu Gly Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7304

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7304

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Ser Glu Gly Ala Asn Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ala Pro Leu Thr Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7305

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7305

Gly Ser Ala Pro Thr Tyr Gly Arg Ala Ala Glu Ala Ala Asn Thr Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7306

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7306

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Gly Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Ala Glu Leu Thr Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7307

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7307

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

1 5 10 15

Pro Ala Ser Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7308

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7308

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Pro Glu Ala Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Ala Pro Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7309

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7309

Gly Ser Ala Pro Thr Trp Gly Arg Ala Thr Glu Pro Ala Asn Ala Thr

1 5 10 15

Pro Ala Pro Leu Thr Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7310

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7310

Gly Ser Ala Pro Thr Val Gly Arg Ala Ser Glu Ser Ala Asn Ala Thr
1 5 10 15

Pro Ala Glu Leu Thr Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7311

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7311

Gly Ser Ala Pro Thr Val Gly Arg Ala Pro Glu Gly Ala Asn Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7312

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7312

Gly Ser Ala Pro Thr Trp Gly Arg Ala Thr Glu Ala Pro Asn Leu Glu

1 5 10 15

Pro Ala Thr Leu Thr Thr Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7313

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7313

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Thr Glu Ala Pro Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Pro Leu Thr Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7314

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7314

Gly Ser Ala Pro Thr Gln Gly Arg Ala Thr Glu Ala Pro Asn Leu Ser

1 5 10 15

Pro Ala Ala Leu Thr Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7315

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7315

Gly Ser Ala Pro Thr Gln Gly Arg Ala Ala Glu Ala Pro Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Thr Leu Thr Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7316

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7316

Gly Ser Ala Pro Thr Ser Gly Arg Ala Pro Glu Ala Thr Asn Leu Ala

1 5 10 15

Pro Ala Pro Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7317

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7317

Gly Ser Ala Pro Thr Gln Gly Arg Ala Ala Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7318

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7318

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Ser Ala Pro Asn Leu Pro

1 5 10 15

Pro Thr Gly Leu Thr Thr Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7319

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7319

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Gly Ala Glu Asn Leu Pro

1 5 10 15

Pro Glu Gly Leu Thr Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7320

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7320

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Thr Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Gly Leu Thr Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7321

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7321

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Thr Ala Thr Asn Leu Pro
1 5 10 15

Pro Ser Gly Leu Thr Thr Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7322

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7322

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Ala Arg Ala Gly Glu Ala Glu Asn Leu Ser
1 5 10 15

Pro Ser Gly Leu Thr Ala Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7323

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7323

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Gly Ala Gly Asn Leu Ala

1 5 10 15

Pro Gly Gly Leu Thr Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7324

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7324

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Thr Ala Thr Asn Leu Pro

1 5 10 15

Pro Glu Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7325

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7325

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Gly Ala Ala Asn Leu Ala

1 5 10 15

Pro Thr Gly Leu Thr Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7326

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7326

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Thr Ala Glu Asn Leu Ala

1 5 10 15

Pro Ser Gly Leu Thr Thr Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7327

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7327

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Ser Ala Thr Asn Leu Gly

1 5 10 15

Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7328

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7328

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Ala Arg Ala Gly Gly Ala Glu Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7329

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7329

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Ala Arg Ala Gly Ser Ala Glu Asn Leu Ser

1 5 10 15

Pro Ser Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7330

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7330

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Ala Arg Ala Gly Gly Ala Gly Asn Leu Ala

1 5 10 15

Pro Glu Gly Leu Thr Thr Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7331

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7331

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Ser Arg Ala Gly Ala Ala Glu Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Thr Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7332

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7332

Gly Ser Ala Pro Thr Tyr Gly Arg Thr Thr Thr Pro Gly Asn Glu Pro
1 5 10 15
Pro Ala Ser Leu Glu Ala Glu Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7333

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7333

Gly Ser Ala Pro Thr Tyr Ser Arg Gly Glu Ser Gly Pro Asn Glu Pro
1 5 10 15
Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30

Thr

<210> 7334

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7334

Gly Ser Ala Pro Ala Trp Gly Arg Thr Gly Ala Ser Glu Asn Glu Thr

1 5 10 15
Pro Ala Pro Leu Gly Gly Glu Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
20 25 30
Thr

<210> 7335

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7335

Gly Ser Ala Pro Arg Trp Gly Arg Ala Glu Thr Thr Pro Asn Thr Pro

1 5 10 15
Pro Glu Gly Leu Glu Thr Glu Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30
Thr

<210> 7336

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7336

Gly Ser Ala Pro Glu Ser Gly Arg Ala Ala Asn His Thr Gly Ala Glu

1 5 10 15
Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30
Thr

<210> 7337

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7337

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7338

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7338

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Ala Leu Thr Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7339

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7339

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Pro Leu Thr Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7340

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7340

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Pro Leu Thr Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7341

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7341

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7342

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7342

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Gly Leu Thr Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7343

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7343

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Pro Leu Thr Gly Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7344

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7344

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7345

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7345

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Gly Leu Thr Glu Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7346

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7346

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Pro Leu Thr Glu Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7347

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7347

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Pro Leu Thr Glu Ala Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7348

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7348

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1	5	10	15
Pro Glu Pro Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly			
	20	25	30
Thr			

<210> 7349

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7349

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1	5	10	15
Pro Ala Gly Leu Thr Gly Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly			
	20	25	30
Thr			

<210> 7350

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7350

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1	5	10	15
Pro Glu Gly Leu Thr Gly Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly			
	20	25	30
Thr			

<210> 7351

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7351

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Ala Leu Thr Gly Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7352

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7352

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Pro Leu Thr Gly Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7353

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7353

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Glu Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 20 25 30

Thr

<210> 7354

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7354

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr
 1 5 10 15
 Pro Glu Gly Leu Thr Glu Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 20 25 30

Thr

<210> 7355

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7355

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr
 1 5 10 15
 Pro Ala Pro Leu Thr Glu Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
 20 25 30

Thr

<210> 7356

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7356

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Ala Asn Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Pro Leu Thr Glu Gly Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7357

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7357

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Arg Ala Gly Glu Ala Glu Gly Ala Thr

1 5 10 15

Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7358

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7358

Gly Ser Ala Pro Glu Ala Gly Arg Ser Ala Glu Ala Thr Ser Ala Gly

1 5 10 15

Ala Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7359

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7359

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Thr Tyr Ser Arg Gly Glu Ser Gly

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7360

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7360

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Thr Asp Thr His

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7361

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7361

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Glu Pro Gly Arg Ala Ala Glu His

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7362

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7362

Gly Ser Ala Pro Ser Pro Ala Gly Glu Ser Ser Arg Gly Thr Thr Ile

1 5 10 15

Ala Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7363

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7363

Gly Ser Ala Pro Thr Thr Gly Glu Ala Gly Glu Ala Ala Gly Leu Thr

1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

20 25 30

Thr

<210> 7364

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7364

Gly Ser Ala Pro Glu Ala Gly Glu Ser Ala Gly Ala Thr Pro Ala Gly

1 5 10 15

Leu Thr Gly Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7365

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7365

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Ala Pro Leu Glu Leu Glu Ala Gly

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7366

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7366

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Glu Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7367

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7367

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Glu Pro Ser Gly Leu Thr Glu Gly

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7368

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7368

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Ala Pro Leu Thr Glu Pro

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7369

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7369

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Ala Glu Leu Thr Glu Pro

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7370

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7370

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Pro Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7371

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7371

Gly Ser Ala Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Ala Pro Leu Gly Gly Glu

1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7372

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7372

Gly Ser Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ala Pro Glu Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

Ala Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7373

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7373

Gly Ser Ala Pro Ser Pro Ala Gly Pro Pro Glu Gly Leu Glu Thr Glu

1 5 10 15

Ala Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7374

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7374

Gly Ser Ala Pro Ser Pro Thr Ser Gly Gln Gly Gly Leu Thr Gly Pro

1 5 10 15

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7375

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7375

Gly Ser Ala Pro Ser Glu Ser Ala Pro Pro Glu Gly Leu Glu Thr Glu
 1 5 10 15
 Ser Thr Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 20 25 30

<210> 7376

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7376

Gly Ser Ala Pro Ser Glu Gly Ser Glu Pro Leu Glu Leu Gly Ala Ala
 1 5 10 15
 Ser Glu Thr Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 20 25 30

<210> 7377

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7377

Gly Ser Ala Pro Ser Glu Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Glu Ala Pro
 1 5 10 15
 Ser Glu Thr Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 20 25 30

<210> 7378

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7378

Gly Ser Ala Pro Ser Glu Pro Thr Pro Pro Ala Ser Leu Glu Ala Glu
 1 5 10 15
 Pro Gly Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

20 25 30

<210> 7379

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7379

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7380

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7380

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Gly Gly Gly Tyr

1 5 10 15

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

20 25

<210> 7381

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7381

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Glu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Ala Leu Arg Met Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7382

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7382

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Pro Gly Gly Tyr

1 5 10 15

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

20 25

<210> 7383

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7383

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Phe Leu Arg Met Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7384

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7384

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Ser Leu Arg Met Gly Gly Thr Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7385

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7385

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Thr Leu Arg Met Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7386

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7386

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Asn Leu Arg Met Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7387

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7387

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala His Leu Arg Met Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7388

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7388

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Gly Glu Leu Arg Met Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7389

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7389

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Pro Glu Leu Arg Met Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7390

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7390

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Val Glu Leu Arg Met Gly Gly Thr Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7391

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7391

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Leu Glu Leu Arg Met Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7392

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7392

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ser Glu Leu Arg Met Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7393

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7393

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Thr Glu Leu Arg Met Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7394

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7394

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Gln Glu Leu Arg Met Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7395

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7395

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Glu Glu Leu Arg Met Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7396

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7396

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Ile Gly Pro

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Thr Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7397

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7397

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7398

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7398

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Ile Gly Ser

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7399

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7399

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Ile Gly Thr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7400

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7400

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ile Gly Asn

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7401

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7401

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Ile Gly Gln

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7402

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7402

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Pro Tyr

1

5

10

15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Thr Ala Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7403

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7403

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Ala Tyr

1

5

10

15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7404

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7404

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Val Tyr

1

5

10

15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7405

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7405

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Leu Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7406

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7406

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Ile Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7407

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7407

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Phe Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7408

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7408

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Tyr Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Thr Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7409

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7409

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Ser Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7410

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7410

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Asn Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7411

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7411

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Glu Tyr

1 5 10 15
Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro
20 25

<210> 7412

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7412

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly His Tyr

1 5 10 15
Ala Glu Leu Arg Met Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro
20 25

<210> 7413

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7413

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15
Ala Glu Ala Arg Met Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro
20 25

<210> 7414

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7414

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Tyr

1 5 10 15
Ala Glu Val Arg Met Gly Gly Thr Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7415

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7415

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Ile Arg Met Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7416

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7416

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Phe Arg Met Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7417

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7417

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Tyr Arg Met Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7418

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7418

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Ser Arg Met Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7419

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7419

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Thr Arg Met Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7420

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7420

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Ala Met Gly Gly Thr Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7421

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7421

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

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

20 25

<210> 7422

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7422

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Leu Met Gly Gly Gly Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7423

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7423

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Ile Met Gly Gly Glu Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7424

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7424

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Trp Met Gly Gly Pro Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7425

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7425

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Ser Met Gly Gly Ser Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7426

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7426

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Thr Met Gly Gly Thr Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7427

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7427

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Gln Met Gly Gly Ala Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7428

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7428

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Asn Met Gly Gly Gly Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7429

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7429

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Glu Met Gly Gly Glu Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7430

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7430

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Pro Gly Gly Pro Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7431

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7431

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Ala Gly Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7432

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7432

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Leu Gly Gly Thr Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7433

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7433

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Ile Gly Gly Ala Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7434

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7434

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Ser Gly Gly Gly Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7435

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7435

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Asn Gly Gly Glu Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7436

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7436

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Gln Gly Gly Pro Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7437

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7437

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Asp Gly Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7438

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7438

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Tyr

1

5

10

15

Ala Glu Leu Arg Glu Gly Gly Thr Ile Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7439

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7439

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Tyr

1

5

10

15

Ala Glu Leu Arg His Gly Gly Ala Ala Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7440

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7440

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Tyr

1

5

10

15

Ala Glu Leu Arg Met Pro Gly Gly Ile Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7441

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7441

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Ala Gly Glu Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7442

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7442

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Val Gly Pro Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7443

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7443

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Leu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7444

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7444

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Ile Gly Thr Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7445

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7445

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Tyr Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7446

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7446

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Tyr

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Met Ser Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7447

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7447

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Tyr

1 5 10 15
Ala Glu Leu Arg Met Asn Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro
20 25

<210> 7448

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7448

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Tyr

1 5 10 15
Ala Glu Leu Arg Met Gln Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro
20 25

<210> 7449

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7449

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Asn His Thr Pro

1 5 10 15
Ala Gly Leu Thr Gly Pro Gly Ala Arg Pro Gly Ser Pro
20 25

<210> 7450

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7450

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Asn Thr Ala Pro

1 5 10 15
Glu Gly Leu Thr Gly Pro Ser Thr Arg Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7451

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7451

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Gly Ala Pro Pro

1 5 10 15

Gly Gly Leu Thr Gly Pro Gly Thr Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7452

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7452

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Asn His Glu Pro

1 5 10 15

Ser Gly Leu Thr Glu Gly Ser Pro Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7453

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7453

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Asn Thr Glu Pro

1 5 10 15

Pro Glu Leu Gly Ala Gly Thr Glu Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7454

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7454

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Pro Pro

1 5 10 15

Pro Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7455

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7455

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Thr Pro

1 5 10 15

Ala Pro Leu Gly Gly Glu Pro Gly Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7456

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7456

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Ala Gly Pro Pro

1 5 10 15

Glu Gly Leu Glu Thr Glu Ala Gly Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7457

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7457

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Thr Ser Gly Gln

1 5 10 15

Gly Gly Leu Thr Gly Pro Glu Ser Arg Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7458

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7458

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Ala Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ala Asn Leu Val Arg Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7459

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7459

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Gly Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ala Pro Leu Val Arg Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7460

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7460

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Glu Gly Gly Ala

1 5 10 15

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

20 25

<210> 7461

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7461

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Pro Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ala Leu Leu Val Arg Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7462

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7462

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ala Phe Leu Val Arg Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7463

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7463

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ala Ser Leu Val Arg Gly Gly Thr Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7464

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7464

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ala Thr Leu Val Arg Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7465

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7465

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ala Gly Leu Val Arg Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7466

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7466

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ala Asp Leu Val Arg Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7467

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7467

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Ala

1 5 10 15

Gly Asn Leu Val Arg Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7468

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7468

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Ala

1 5 10 15

Pro Asn Leu Val Arg Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7469

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7469

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Pro Gly Gly Gly Ala

1 5 10 15

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

20 25

<210> 7470

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7470

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ser Glu Gly Gly Ala

1 5 10 15

Leu Asn Leu Val Arg Gly Gly Ala Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7471

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7471

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Thr Pro Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ser Asn Leu Val Arg Gly Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7472

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7472

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Ala

1 5 10 15

Thr Asn Leu Val Arg Gly Gly Glu Ile Pro Gly Ser Pro

20 25

<210> 7473

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7473

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Ala

1 5 10 15

Gln Asn Leu Val Arg Gly Gly Pro Ala Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7474

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7474

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Glu Ala Gly Gly Ala

1

5

10

15

Glu Asn Leu Val Arg Gly Gly Ser Ile Pro Gly Ser Pro

20

25

<210> 7475

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7475

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Ser Ala

1

5

10

15

Asn His Glu Pro Leu Gly Leu Val Ala Thr Pro Gly Ser Pro

20

25

30

<210> 7476

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7476

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Gly Arg Ser Thr

1

5

10

15

Asn Ala Gly Pro Ser Gly Leu Ala Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20

25

30

<210> 7477

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7477

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Gly Arg Ser Thr

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro Gln Gly Leu Ala Gly Gln Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7478

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7478

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Gly Arg Ser Thr

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7479

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7479

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Ser Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7480

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7480

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Ser Arg Thr Thr

1 5 10 15

Asn Thr Gly Pro Ser Thr Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7481

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7481

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ala Gly Arg Ser Asp

1 5 10 15

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

20 25 30

<210> 7482

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7482

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Ser Ala

1 5 10 15

Asn His Glu Pro Leu Gly Leu Val Ala Thr Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7483

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7483

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Gly Arg Gly Thr

1 5 10 15
Asn Ala Gly Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7484

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7484

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Phe Gly Arg Asn Asp

1 5 10 15
Asn His Glu Pro Leu Glu Leu Gly Gly Gly Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7485

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7485

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Ala Gly Arg Ser Asp

1 5 10 15
Asn Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Phe Gly Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7486

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7486

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Asp Gly Arg Ser Asp

1 5 10 15
Asn Phe His Pro Pro Glu Leu Val Ala Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7487

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7487

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Glu Gly Arg Ser Asp

1 5 10 15

Asn Glu Glu Pro Glu Asn Leu Val Ala Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7488

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7488

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Lys Gly Arg Ser Asp

1 5 10 15

Asn Asn Ala Pro Leu Ala Leu Val Ala Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7489

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7489

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Val Tyr Ser Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro His Gly Leu Thr Gly Arg Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7490

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7490

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Asn Ser Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Lys Gly Phe Ala Gly Leu Ile Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7491

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7491

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Ser Arg Leu Thr

1 5 10 15

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

20 25 30

<210> 7492

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7492

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Asp Gln Ser Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro Glu Gly Leu Thr Asp Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7493

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7493

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Ser Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Ile Gly Gln Gly Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7494

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7494

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ser Ser Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Gln Asp Pro Ala Gly Leu Thr Ile Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7495

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7495

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Ser Arg Gly Gln

1 5 10 15

Asn His Ser Pro Met Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7496

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7496

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Tyr Ser Arg Gly Pro

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro Ala Gly Leu Glu Gly Arg Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7497

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7497

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Glu Arg Gly Asn

1 5 10 15

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

20 25 30

<210> 7498

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7498

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser His Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Pro Lys Pro Ala Ile Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7499

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7499

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Met Ser Ser Arg Arg Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asn Pro Ala Gln Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7500

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7500

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Gly Ala Gly Arg Thr Asp

1 5 10 15

Asn His Glu Pro Leu Glu Leu Gly Ala Ala Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7501

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7501

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Ala Gly Arg Ser Glu

1 5 10 15

Asn Thr Ala Pro Leu Glu Leu Thr Ala Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7502

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7502

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Glu Gly Arg Pro Asp

1 5 10 15

Asn His Glu Pro Leu Ala Leu Val Ala Ser Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7503

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7503

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Ser Gly Arg Ser Asp

1 5 10 15

Asn Glu Glu Pro Leu Ala Leu Pro Ala Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7504

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7504

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Thr Asp

1 5 10 15

Asn His Glu Pro Leu Glu Leu Ser Ala Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7505

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7505

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Gly Gly Arg Ser Asp

1 5 10 15

Asn His Gly Pro Leu Glu Leu Val Ser Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7506

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7506

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Ser Gly Arg Ser Asp

1 5 10 15

Asn Glu Ala Pro Leu Glu Leu Glu Ala Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7507

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7507

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Leu Gly Gly Arg Ala Asp

1 5 10 15

Asn His Glu Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7508

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7508

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Pro Pro Ser Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Ala Glu Pro Ala Gly Leu Thr Gly Glu Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7509

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7509

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Thr Arg Gly Glu

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro Ala Gly Leu Glu Ala Pro Pro Gly Ser Pro
 20 25 30

<210> 7510

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7510

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Ser Arg Gly Thr
 1 5 10 15

Asn Gly Ala Pro Glu Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro
 20 25 30

<210> 7511

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7511

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
 1 5 10 15

Asn Glu Ser Pro Ala Gly Leu Thr Gly Glu Pro Gly Ser Pro
 20 25 30

<210> 7512

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7512

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Ser Arg Gly Glu

1 5 10 15

Asn Pro Pro Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro
 20 25 30

<210> 7513

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7513

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ala Ser Arg Gly Thr

1 5 10 15

Asn Thr Gly Pro Ala Glu Leu Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7514

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7514

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Gly Ser Arg Thr Thr

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro Gly Gly Leu Glu Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7515

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7515

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Arg Gly Glu

1 5 10 15

Asn Ala Gly Pro Ala Thr Leu Thr Gly Ala Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7516

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7516

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn Thr Gly Pro Pro Thr Leu Thr Ala Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7517

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7517

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Asn Pro Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn Glu Gly Pro Pro Gly Leu Pro Gly Ser Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7518

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7518

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Ser Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn Leu Thr Pro Pro Glu Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7519

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7519

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Ser Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15
Asn Glu Thr Pro Pro Gly Leu Thr Gly Ala Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7520

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7520

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Asn Ser Gly Arg Gly Glu

1 5 10 15
Asn Leu Gly Ala Pro Gly Leu Thr Gly Thr Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7521

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7521

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15
Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7522

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7522

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Ser Ala

1 5 10 15
Asn His Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7523

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7523

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn Thr Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7524

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7524

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Thr

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7525

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7525

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Glu

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7526

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7526

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7527

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7527

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Thr

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Ala Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7528

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7528

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Glu Gly Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7529

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7529

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Glu Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7530

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7530

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Glu Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Gly Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7531

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7531

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Ala Ala Gly

1	5	10	15
Glu	Ala	Ala	Asn
Ala	Thr	Pro	Ala
Gly	Leu	Thr	Gly
Pro	Pro	Gly	Ser
20	25	30	
Pro			

<210> 7532

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7532

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1	5	10	15
Glu	Ala	Ala	Gly
Leu	Thr	Pro	Ala
Gly	Leu	Thr	Gly
Pro	Pro	Gly	Ser
20	25	30	
Pro			

<210> 7533

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7533

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1	5	10	15
Glu	Ala	Ala	Asn
Ala	Thr	Ser	Ala
Gly	Ala	Thr	Gly
Pro	Pro	Gly	Ser
20	25	30	
Pro			

<210> 7534

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7534

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Glu Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Gly Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7535

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7535

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn Thr Glu Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7536

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7536

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn Thr Ala Pro Glu Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7537

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7537

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Pro Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn His Glu Pro Ser Gly Leu Thr Glu Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7538

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7538

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn His Thr Gly Ala Pro Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7539

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7539

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Thr Gly

1 5 10 15

Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7540

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7540

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Thr Gly Arg Ser Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Glu Thr Pro Glu Gly Leu Glu Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7541

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7541

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Thr Gly Arg Thr Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Asn Glu Thr Pro Ala Gly Leu Gly Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7542

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7542

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Thr Gly Arg Thr Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Asn Glu Thr Pro Ala Gly Leu Ser Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7543

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7543

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Asn Ala Thr Pro Thr Gly Leu Ser Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7544

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7544

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Thr Gly Arg Pro Gly

1 5 10 15

Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Thr Gly Leu Pro Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7545

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7545

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Thr Gly Arg Gly Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Ala Thr Pro Ser Gly Leu Gly Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7546

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7546

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Thr Gly Arg Ser Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Asn Ala Thr Pro Gly Gly Leu Gly Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7547

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7547

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Thr Gly Arg Thr Gly

1 5 10 15

Glu Glu Ala Asn Ala Thr Pro Ala Gly Leu Pro Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7548

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7548

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Thr Gly Arg Pro Gly

1	5	10	15
Glu Pro Ala Asn Thr Thr Pro Glu Gly Leu Glu Gly Pro Pro Gly Ser			
	20	25	30
Pro			

<210> 7549

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7549

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Thr Gly Arg Ser Gly

1	5	10	15
Glu Pro Ala Asn Ala Thr Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser			
	20	25	30
Pro			

<210> 7550

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7550

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Pro Thr Gly Arg Gly Gly

1	5	10	15
Glu Gly Ala Asn Thr Thr Pro Thr Gly Leu Pro Gly Pro Pro Gly Ser			
	20	25	30
Pro			

<210> 7551

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7551

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Pro Thr Gly Arg Ser Gly

1 5 10 15

Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Ser Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7552

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7552

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ala Asn Ser Thr Pro Ala Pro Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7553

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7553

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Tyr Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Thr Thr Pro Ala Gly Leu Thr Ala Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7554

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7554

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Thr

1 5 10 15

Glu Gly Ala Asn Ala Thr Pro Ala Glu Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7555

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7555

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Val Gly Arg Ala Ser

1 5 10 15

Glu Glu Ala Asn Thr Thr Pro Ala Ser Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7556

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7556

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Pro
 1 5 10 15
 Glu Ala Ala Asn Ala Thr Pro Ala Pro Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7557

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7557

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Trp Gly Arg Ala Thr
 1 5 10 15
 Glu Pro Ala Asn Ala Thr Pro Ala Pro Leu Thr Ser Pro Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7558

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7558

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Val Gly Arg Ala Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Asn Ala Thr Pro Ala Glu Leu Thr Ser Pro Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7559

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7559

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Val Gly Arg Ala Pro

1 5 10 15

Glu Gly Ala Asn Ser Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7560

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7560

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Trp Gly Arg Ala Thr

1 5 10 15

Glu Ala Pro Asn Leu Glu Pro Ala Thr Leu Thr Thr Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7561

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7561

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Thr

1 5 10 15

Glu Ala Pro Asn Leu Thr Pro Ala Pro Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7562

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7562

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Gln Gly Arg Ala Thr

1 5 10 15

Glu Ala Pro Asn Leu Ser Pro Ala Ala Leu Thr Ser Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7563

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7563

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Gln Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Glu Ala Pro Asn Leu Thr Pro Ala Thr Leu Thr Ala Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7564

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7564

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Ser Gly Arg Ala Pro

1 5 10 15

Glu Ala Thr Asn Leu Ala Pro Ala Pro Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7565

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7565

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Gln Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7566

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7566

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Ser Ala Pro Asn Leu Pro Pro Thr Gly Leu Thr Thr Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7567

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7567

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Gly Ala Glu Asn Leu Pro Pro Glu Gly Leu Thr Ala Pro Pro Gly Ser
 20 25 30

Pro

<210> 7568

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7568

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Thr Ala Thr Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu Thr Ala Pro Pro Gly Ser
 20 25 30

Pro

<210> 7569

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7569

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Thr Ala Thr Asn Leu Pro Pro Ser Gly Leu Thr Thr Pro Pro Gly Ser
 20 25 30

Pro

<210> 7570

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7570

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Ala Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Glu Asn Leu Ser Pro Ser Gly Leu Thr Ala Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7571

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7571

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Gly Ala Gly Asn Leu Ala Pro Gly Gly Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7572

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7572

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Thr Ala Thr Asn Leu Pro Pro Glu Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7573

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7573

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Gly Ala Ala Asn Leu Ala Pro Thr Gly Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7574

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7574

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Thr Ala Glu Asn Leu Ala Pro Ser Gly Leu Thr Thr Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7575

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7575

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Ser Ala Thr Asn Leu Gly Pro Gly Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7576

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7576

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Ala Arg Ala Gly

1 5 10 15

Gly Ala Glu Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7577

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7577

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Ala Arg Ala Gly

1 5 10 15

Ser Ala Glu Asn Leu Ser Pro Ser Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7578

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7578

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Ala Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Gly Ala Gly Asn Leu Ala Pro Glu Gly Leu Thr Thr Pro Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7579

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7579

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Ala Ala Glu Asn Leu Thr Pro Thr Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7580

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7580

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Tyr Gly Arg Thr Thr
 1 5 10 15

Thr Pro Gly Asn Glu Pro Pro Ala Ser Leu Glu Ala Glu Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7581

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7581

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Tyr Ser Arg Gly Glu

1 5 10 15

Ser Gly Pro Asn Glu Pro Pro Pro Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7582

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7582

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ala Trp Gly Arg Thr Gly

1 5 10 15

Ala Ser Glu Asn Glu Thr Pro Ala Pro Leu Gly Gly Glu Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7583

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7583

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Arg Trp Gly Arg Ala Glu

1 5 10 15

Thr Thr Pro Asn Thr Pro Pro Glu Gly Leu Glu Thr Glu Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7584

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7584

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ser Gly Arg Ala Ala

1 5 10 15

Asn His Thr Gly Ala Glu Pro Pro Glu Leu Gly Ala Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7585

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7585

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ser Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7586

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7586

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Ala Leu Thr Glu Ser Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7587

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7587

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Pro Leu Thr Glu Ser Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7588

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7588

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu Thr Glu Ser Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7589

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7589

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Ala Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7590

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7590

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu Thr Gly Ala Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7591

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7591

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu Thr Gly Ala Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7592

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7592

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ala Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7593

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7593

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu Thr Glu Ala Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7594

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7594

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Pro Leu Thr Glu Ala Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7595

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7595

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu Thr Glu Ala Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7596

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7596

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7597

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7597

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7598

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7598

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu Thr Gly Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7599

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7599

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Ala Leu Thr Gly Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7600

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7600

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu Thr Gly Gly Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7601

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7601

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Glu Gly Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

<210> 7602

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7602

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly
 1 5 10 15
 Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Gly Leu Thr Glu Gly Pro Gly Ser
 20 25 30
 Pro

Pro

<210> 7603

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7603

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Ala Pro Leu Thr Glu Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7604

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7604

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Asn Leu Thr Pro Glu Pro Leu Thr Glu Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7605

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7605

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Arg Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Glu Gly Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7606

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7606

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Arg Ser Ala

1 5 10 15

Glu Ala Thr Ser Ala Gly Ala Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7607

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

> Synthetic

<400> 7607

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Thr Tyr

1 5 10 15

Ser Arg Gly Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7608

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7608

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Glu Ala

1 5 10 15

Gly Arg Thr Asp Thr His Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7609

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7609

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Glu Pro

1 5 10 15

Gly Arg Ala Ala Glu His Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7610

<211> 30

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7610

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Pro Ala Gly Glu Ser

1 5 10 15

Ser Arg Gly Thr Thr Ile Ala Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7611

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7611

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Thr Thr Gly Glu Ala Gly

1 5 10 15

Glu Ala Ala Gly Leu Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser

20 25 30

Pro

<210> 7612

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7612

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Glu Ala Gly Glu Ser Ala

1 5 10 15

Gly Ala Thr Pro Ala Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7613

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7613

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Ala Pro

1 5 10 15

Leu Glu Leu Glu Ala Gly Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7614

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7614

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Glu Pro

1 5 10 15

Pro Glu Leu Gly Ala Gly Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7615

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7615

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Glu Pro

1 5 10 15
Ser Gly Leu Thr Glu Gly Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7616

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7616

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Thr Pro
1 5 10 15
Ala Pro Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7617

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7617

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Thr Pro

1 5 10 15
Ala Glu Leu Thr Glu Pro Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro
20 25 30

<210> 7618

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7618

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Pro Pro
1 5 10 15
Pro Gly Leu Thr Gly Pro Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7619

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7619

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Thr Pro

1 5 10 15

Ala Pro Leu Gly Gly Glu Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7620

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7620

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Pro Ala Gly Ala Pro

1 5 10 15

Glu Gly Leu Thr Gly Pro Ala Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7621

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7621

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Pro Ala Gly Pro Pro

1 5 10 15

Glu Gly Leu Glu Thr Glu Ala Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7622

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7622

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Pro Thr Ser Gly Gln

1 5 10 15

Gly Gly Leu Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7623

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7623

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Glu Ser Ala Pro Pro

1 5 10 15

Glu Gly Leu Glu Thr Glu Ser Thr Glu Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7624

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7624

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Glu Gly Ser Glu Pro

1 5 10 15

Leu Glu Leu Gly Ala Ala Ser Glu Thr Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7625

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7625

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Glu Gly Ser Gly Pro

1 5 10 15

Ala Gly Leu Glu Ala Pro Ser Glu Thr Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7626

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 7626

Gly Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ala Ser Gly Ser Glu Pro Thr Pro Pro

1 5 10 15

Ala Ser Leu Glu Ala Glu Pro Gly Ser Pro Pro Gly Ser Pro

20 25 30

<210> 7627

<400> 7627

000

<210> 7628

<400> 7628

000

<210> 7629

<400> 7629

000

<210> 7630

<400> 7630

000

<210> 7631

<400> 7631

000

<210> 7632

<400> 7632

000

<210> 7633

<400> 7633

000

<210> 7634

<400> 7634

000

<210> 7635

<400> 7635

000

<210> 7636

<400> 7636

000

<210> 7637

<400> 7637

000

<210> 7638

<400> 7638

000

<210> 7639

<400> 7639

000

<210> 7640

<400> 7640

000

<210> 7641

<400> 7641

000

<210> 7642

<400> 7642

000

<210> 7643

<400> 7643

000

<210> 7644

<400> 7644

000

<210> 7645

<400> 7645

000

<210> 7646

<400> 7646

000

<210> 7647

<400> 7647

000

<210> 7648

<400> 7648

000

<210> 7649

<400> 7649

000

<210> 7650

<400> 7650

000

<210> 7651

<400> 7651

000

<210> 7652

<400> 7652

000

<210> 7653

<

400> 7653

000

<210> 7654

<400> 7654

000

<210> 7655

<400> 7655

000

<210> 7656

<400> 7656

000

<210> 7657

<400> 7657

000

<210> 7658

<400> 7658

000

<210> 7659

<400> 7659

000

<210> 7660

<400> 7660

000

<210> 7661

<400> 7661

000

<210> 7662

<400> 7662

000

<210> 7663

<400> 7663

000

<210> 7664

<400> 7664

000

<210> 7665

<400> 7665

000

<210> 7666

<400> 7666

000

<210> 7667

<400> 7667

000

<210> 7668

<400> 7668

000

<210> 7669

<400

> 7669

000

<210> 7670

<400> 7670

000

<210> 7671

<400> 7671

000

<210> 7672

<400> 7672

000

<210> 7673

<400> 7673

000

<210> 7674

<400> 7674

000

<210> 7675

<400> 7675

000

<210> 7676

<400> 7676

000

<210> 7677

<400> 7677

000

<210> 7678

<400> 7678

000

<210> 7679
<400> 7679
000
<210> 7680
<400> 7680
000
<210> 7681
<400> 7681
000
<210> 7682
<400> 7682
000
<210> 7683
<400> 7683
000
<210> 7684
<400> 7684
000
<210> 7685
<400>
7685
000
<210> 7686
<400> 7686
000
<210> 7687
<400> 7687
000
<210> 7688
<400> 7688
000
<210> 7689
<400> 7689
000
<210> 7690

<400> 7690
000
<210> 7691
<400> 7691
000
<210> 7692
<400> 7692
000
<210> 7693
<400> 7693
000
<210> 7694
<400> 7694
000
<210> 7695
<400> 7695
000
<210> 7696
<400> 7696
000
<210> 7697
<400> 7697
000
<210> 7698
<400> 7698
000
<210> 7699
<400> 7699
000
<210> 7700
<400> 7700
000
<210> 7701
<400> 7701

000

<210> 7702

<400> 7702

000

<210> 7703

<400> 7703

000

<210> 7704

<400> 7704

000

<210> 7705

<400> 7705

000

<210> 7706

<400> 7706

000

<210> 7707

<400> 7707

000

<210> 7708

<400> 7708

000

<210> 7709

<400> 7709

000

<210> 7710

<400> 7710

000

<210> 7711

<400> 7711

000

<210> 7712

<400> 7712

000

<210> 7713

<400> 7713

000

<210> 7714

<400> 7714

000

<210> 7715

<400> 7715

000

<210> 7716

<400> 7716

000

<210> 7717

<400> 7717

000

<210> 7718

<400> 7718

000

<210> 7719

<400> 7719

000

<210> 7720

<400> 7720

000

<210> 7721

<400> 7721

000

<210> 7722

<400> 7722

000

<210> 7723

<400> 7723

000

<210> 7724

<400> 7724

000

<210> 7725

<400> 7725

000

<210> 7726

<400> 7726

000

<210> 7727

<400> 7727

000

<210> 7728

<400> 7728

000

<210> 7729

<400> 7729

000

<210> 7730

<400> 7730

000

<210> 7731

<400> 7731

000

<210> 7732

<400> 7732

000

<210> 7733

<400> 7733

000

<

210> 7734

<400> 7734

000

<210> 7735

<400> 7735

000

<210> 7736

<400> 7736

000

<210> 7737

<400> 7737

000

<210> 7738

<400> 7738

000

<210> 7739

<400> 7739

000

<210> 7740

<400> 7740

000

<210> 7741

<400> 7741

000

<210> 7742

<400> 7742

000

<210> 7743

<400> 7743

000

<210> 7744

<400> 7744

000

<210> 7745

<400> 7745

000

<210> 7746

<400> 7746

000

<210> 7747

<400> 7747

000

<210> 7748

<400> 7748

000

<210> 7749

<400> 7749

000

<210

> 7750

<400> 7750

000

<210> 7751

<400> 7751

000

<210> 7752

<400> 7752

000

<210> 7753

<400> 7753

000

<210> 7754

<400> 7754

000

<210> 7755

<400> 7755

000

<210> 7756

<400> 7756

000

<210> 7757

<400> 7757

000

<210> 7758

<400> 7758

000

<210> 7759

<400> 7759

000

<210> 7760

<400> 7760

000

<210> 7761

<400> 7761

000

<210> 7762

<400> 7762

000

<210> 7763

<400> 7763

000

<210> 7764

<400> 7764

000

<210> 7765

<400> 7765

000

<210>

7766

<400> 7766

000

<210> 7767

<400> 7767

000

<210> 7768

<400> 7768

000

<210> 7769

<400> 7769

000

<210> 7770

<400> 7770

000

<210> 7771
<400> 7771
000
<210> 7772
<400> 7772
000
<210> 7773
<400> 7773
000
<210> 7774
<400> 7774
000
<210> 7775
<400> 7775
000
<210> 7776
<400> 7776
000
<210> 7777
<400> 7777
000
<210> 7778
<400> 7778
000
<210> 7779
<400> 7779
000
<210> 7780
<400> 7780
000
<210> 7781
<400> 7781
000
<210> 7782

<400> 7782

000

<210> 7783

<400> 7783

000

<210> 7784

<400> 7784

000

<210> 7785

<400> 7785

000

<210> 7786

<400> 7786

000

<210> 7787

<400> 7787

000

<210> 7788

<400> 7788

000

<210> 7789

<400> 7789

000

<210> 7790

<400> 7790

000

<210> 7791

<400> 7791

000

<210> 7792

<400> 7792

000

<210> 7793

<400> 7793

000

<210> 7794

<400> 7794

000

<210> 7795

<400> 7795

000

<210> 7796

<400> 7796

000

<210> 7797

<400> 7797

000

<210> 7798

<

400> 7798

000

<210> 7799

<400> 7799

000

<210> 7800

<400> 7800

000

<210> 7801

<400> 7801

000

<210> 7802

<400> 7802

000

<210> 7803

<400> 7803

000

<210> 7804

<400> 7804

000

<210> 7805

<400> 7805

000

<210> 7806

<400> 7806

000

<210> 7807

<400> 7807

000

<210> 7808

<400> 7808

000

<210> 7809

<400> 7809

000

<210> 7810

<400> 7810

000

<210> 7811

<400> 7811

000

<210> 7812

<400> 7812

000

<210> 7813

<400> 7813

000

<210> 7814

<400

> 7814

000

<210> 7815

<400> 7815

000

<210> 7816

<400> 7816

000

<210> 7817
<400> 7817
000
<210> 7818
<400> 7818
000
<210> 7819
<400> 7819
000
<210> 7820
<400> 7820
000
<210> 7821
<400> 7821
000
<210> 7822
<400> 7822
000
<210> 7823
<400> 7823
000
<210> 7824
<400> 7824
000
<210> 7825
<400> 7825
000
<210> 7826
<400> 7826
000
<210> 7827
<400> 7827
000
<210> 7828
<400> 7828
000

<210> 7829

<400> 7829

000

<210> 7830

<400>

7830

000

<210> 7831

<400> 7831

000

<210> 7832

<400> 7832

000

<210> 7833

<400> 7833

000

<210> 7834

<400> 7834

000

<210> 7835

<400> 7835

000

<210> 7836

<400> 7836

000

<210> 7837

<400> 7837

000

<210> 7838

<400> 7838

000

<210> 7839

<400> 7839

000

<210> 7840

<400> 7840
000
<210> 7841
<400> 7841
000
<210> 7842
<400> 7842
000
<210> 7843
<400> 7843
000
<210> 7844
<400> 7844
000
<210> 7845
<400> 7845
000
<210> 7846
<400> 7846

000
<210> 7847
<400> 7847
000
<210> 7848
<400> 7848
000
<210> 7849
<400> 7849
000
<210> 7850
<400> 7850
000
<210> 7851
<400> 7851

000

<210> 7852

<400> 7852

000

<210> 7853

<400> 7853

000

<210> 7854

<400> 7854

000

<210> 7855

<400> 7855

000

<210> 7856

<400> 7856

000

<210> 7857

<400> 7857

000

<210> 7858

<400> 7858

000

<210> 7859

<400> 7859

000

<210> 7860

<400> 7860

000

<210> 7861

<400> 7861

000

<210> 7862

<400> 7862

000

<210> 7863

<400> 7863

000

<210> 7864

<400> 7864

000

<210> 7865

<400> 7865

000

<210> 7866

<400> 7866

000

<210> 7867

<400> 7867

000

<210> 7868

<400> 7868

000

<210> 7869

<400> 7869

000

<210> 7870

<400> 7870

000

<210> 7871

<400> 7871

000

<210> 7872

<400> 7872

000

<210> 7873

<400> 7873

000

<210> 7874

<400> 7874

000

<210> 7875

<400> 7875

000

<210> 7876

<400> 7876

000

<210> 7877

<400> 7877

000

<210> 7878

<400> 7878

000

<

210> 7879

<400> 7879

000

<210> 7880

<400> 7880

000

<210> 7881

<400> 7881

000

<210> 7882

<400> 7882

000

<210> 7883

<400> 7883

000

<210> 7884

<400> 7884

000

<210> 7885

<400> 7885

000

<210> 7886

<400> 7886
000
<210> 7887
<400> 7887
000
<210> 7888
<400> 7888
000
<210> 7889
<400> 7889
000
<210> 7890
<400> 7890
000
<210> 7891
<400> 7891
000
<210> 7892
<400> 7892
000
<210> 7893
<400> 7893
000
<210> 7894
<400> 7894
000
<210
> 7895
<400> 7895
000
<210> 7896
<400> 7896
000
<210> 7897
<400> 7897

000

<210> 7898

<400> 7898

000

<210> 7899

<400> 7899

000

<210> 7900

<400> 7900

000

<210> 7901

<400> 7901

000

<210> 7902

<400> 7902

000

<210> 7903

<400> 7903

000

<210> 7904

<400> 7904

000

<210> 7905

<400> 7905

000

<210> 7906

<400> 7906

000

<210> 7907

<400> 7907

000

<210> 7908

<400> 7908

000

<210> 7909

<400> 7909

000

<210> 7910

<400> 7910

000

<210>

7911

<400> 7911

000

<210> 7912

<400> 7912

000

<210> 7913

<400> 7913

000

<210> 7914

<400> 7914

000

<210> 7915

<400> 7915

000

<210> 7916

<400> 7916

000

<210> 7917

<400> 7917

000

<210> 7918

<400> 7918

000

<210> 7919

<400> 7919

000

<210> 7920

<400> 7920

000

<210> 7921

<400> 7921

000

<210> 7922

<400> 7922

000

<210> 7923

<400> 7923

000

<210> 7924

<400> 7924

000

<210> 7925

<400> 7925

000

<210> 7926

<400> 7926

000

<210> 7927

<400> 7927

000

<210> 7928

<400> 7928

000

<210> 7929

<400> 7929

000

<210> 7930

<400> 7930

000

<210> 7931

<400> 7931

000

<210> 7932

<400> 7932

000

<210> 7933

<400> 7933

000

<210> 7934

<400> 7934

000

<210> 7935

<400> 7935

000

<210> 7936

<400> 7936

000

<210> 7937

<400> 7937

000

<210> 7938

<400> 7938

000

<210> 7939

<400> 7939

000

<210> 7940

<400> 7940

000

<210> 7941

<400> 7941

000

<210> 7942

<400> 7942

000

<210> 7943

<

400> 7943

000

<210> 7944

<400> 7944

000

<210> 7945

<400> 7945

000

<210> 7946

<400> 7946

000

<210> 7947

<400> 7947

000

<210> 7948

<400> 7948

000

<210> 7949

<400> 7949

000

<210> 7950

<400> 7950

000

<210> 7951

<400> 7951

000

<210> 7952

<400> 7952

000

<210> 7953

<400> 7953

000

<210> 7954

<400> 7954

000

<210> 7955

<400> 7955

000

<210> 7956

<400> 7956

000

<210> 7957

<400> 7957

000

<210> 7958

<400> 7958

000

<210> 7959

<400

> 7959

000

<210> 7960

<400> 7960

000

<210> 7961

<400> 7961

000

<210> 7962

<400> 7962

000

<210> 7963

<400> 7963

000

<210> 7964

<400> 7964

000

<210> 7965

<400> 7965

000

<210> 7966

<400> 7966

000

<210> 7967
<400> 7967
000
<210> 7968
<400> 7968
000
<210> 7969
<400> 7969
000
<210> 7970
<400> 7970
000
<210> 7971
<400> 7971
000
<210> 7972
<400> 7972
000
<210> 7973
<400> 7973
000
<210> 7974
<400> 7974
000
<210> 7975
<400>
7975
000
<210> 7976
<400> 7976
000
<210> 7977
<400> 7977
000
<210> 7978

<400> 7978

000

<210> 7979

<400> 7979

000

<210> 7980

<400> 7980

000

<210> 7981

<400> 7981

000

<210> 7982

<400> 7982

000

<210> 7983

<400> 7983

000

<210> 7984

<400> 7984

000

<210> 7985

<400> 7985

000

<210> 7986

<400> 7986

000

<210> 7987

<400> 7987

000

<210> 7988

<400> 7988

000

<210> 7989

<400> 7989

000

<210> 7990

<400> 7990

000

<210> 7991

<400> 7991

000

<210> 7992

<400> 7992

000

<210> 7993

<400> 7993

000

<210> 7994

<400> 7994

000

<210> 7995

<400> 7995

000

<210> 7996

<400> 7996

000

<210> 7997

<400> 7997

000

<210> 7998

<400> 7998

000

<210> 7999

<400> 7999

000

<210> 8000

<400> 8000

000

<210> 8001

<211> 874

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8001

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

35 40 45

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

65 70 75 80

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

165 170 175

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 245 250 255
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 260 265 270

 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 275 280 285
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 290 295 300
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 305 310 315 320
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 325 330 335

 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 340 345 350
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 355 360 365
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 370 375 380
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 385 390 395 400

 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 405 410 415
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 420 425 430
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 435 440 445
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465 470 475 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
485 490 495

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
515 520 525

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
530 535 540

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
565 570 575

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
580 585 590

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
610 615 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
625 630 635 640

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
645 650 655

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
660 665 670

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
675 680 685

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
690 695 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

705 710 715 720

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

725 730 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

740 745 750

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Phe Thr Ala Asx Thr Ser Glu Ser Ala Thr

755 760 765

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Pro Thr Glu

770 775 780

Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

785 790 795 800

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

805 810 815

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala

820 825 830

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

835 840 845

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

850 855 860

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Glu Pro Glu Ala

865

<210> 8002

<211> 870

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8002

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 35 40 45
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 50 55 60
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 65 70 75 80
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 85 90 95
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 100 105 110
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 130 135 140
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 165 170 175
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 245 250 255
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 260 265 270
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

275 280 285
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 290 295 300
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 305 310 315 320
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 325 330 335
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

 340 345 350
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 355 360 365
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 370 375 380
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 385 390 395 400
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

 405 410 415
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 420 425 430
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 435 440 445
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 450 455 460
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

 465 470 475 480
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 485 490 495
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 500 505 510
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 515 520 525

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

530

535

540

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

545

550

555

560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

565

570

575

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

580

585

590

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

595

600

605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

610

615

620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

625

630

635

640

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

645

650

655

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

660

665

670

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

675

680

685

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

690

695

700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

705

710

715

720

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

725

730

735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

740

745

750

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

755

760

765

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Pro Thr Glu Ser Gly Ser Glu

770 775 780
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

785 790 795 800
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

805 810 815
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu

820 825 830
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

835 840 845
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

850 855 860
Pro Gly Glu Pro Glu Ala

865 870

<210> 8003

<211> 870

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8003

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

35 40 45
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50 55 60
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

65 70 75 80
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

165 170 175

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

245 250 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

260 265 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

275 280 285

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

290 295 300

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

305 310 315 320

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

325 330 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

340 345 350
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

355 360 365
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

370 375 380
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

385 390 395 400
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

405 410 415
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

420 425 430
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

435 440 445
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

450 455 460
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

465 470 475 480
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

485 490 495
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

500 505 510
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

515 520 525
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

530 535 540
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

545 550 555 560
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

565 570 575
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

580 585 590

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
610 615 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
625 630 635 640

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
645 650 655

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
660 665 670

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
675 680 685

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
690 695 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
705 710 715 720

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
725 730 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
740 745 750

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
755 760 765

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
770 775 780

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
785 790 795 800

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
805 810 815

Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
820 825 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

835 840 845
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
850 855 860
Pro Gly Glu Pro Glu Ala
865 870

<210> 8004

<211> 294

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8004

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser
1 5 10 15
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Thr Glu Pro Ser
20 25 30
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
35 40 45
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser
65 70 75 80
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
100 105 110
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro
130 135 140
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

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

210 215 220
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

245 250 255
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

260 265 270
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

275 280 285
Pro Gly Gly Ser Ala Pro

290

<210> 8005

<211> 294

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8005

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Ser Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro

130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

275 280 285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro

290

<210> 8006

<211> 294

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8006

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65 70 75 80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Glu Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Pro

130 135 140

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210

215

220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225

230

235

240

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

245

250

255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

260

265

270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

275

280

285

Pro Gly Gly Ser Ala Pro

290

<210> 8007

<211> 294

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8007

Ala Ser Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser

1

5

10

15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20

25

30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35

40

45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

50

55

60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

65

70

75

80

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

85

90

95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

100 105 110
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
130 135 140
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

165 170 175
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
195 200 205
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285
Pro Gly Gly Ser Ala Pro

290

<210> 8008

<211> 866

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8008

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 35 40 45
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

 50 55 60
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 65 70 75 80
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 85 90 95
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 100 105 110
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

 115 120 125
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 130 135 140
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 145 150 155 160
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 165 170 175
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

 180 185 190
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 195 200 205
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

 245 250 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
260 265 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
275 280 285

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
290 295 300

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

305 310 315 320

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
325 330 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
340 345 350

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
355 360 365

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

370 375 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385 390 395 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
405 410 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

435 440 445

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465 470 475 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
485 490 495

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

500 505 510
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 515 520 525
 Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
 530 535 540
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 545 550 555 560
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

 565 570 575
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 580 585 590
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 595 600 605
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 610 615 620
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

 625 630 635 640
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 645 650 655
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 660 665 670
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 675 680 685
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

 690 695 700
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 705 710 715 720
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 725 730 735
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 740 745 750

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

755 760 765

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

770 775 780

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

785 790 795 800

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

805 810 815

Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu

820 825 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

835 840 845

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

850 855 860

Pro Gly

865

<210> 8009

<211> 578

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8009

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

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

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

325 330 335

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

340 345 350

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

355 360 365

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

370 375 380

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

385 390 395 400

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

405 410 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

420 425 430

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

435 440 445

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

465 470 475 480

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

485 490 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

500 505 510

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

515 520 525

Pro Gly Thr Glu Ser Thr Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu

530 535 540

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

545 550 555 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

565

570

575

Pro Gly

<210> 8010

<211> 1152

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8010

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

35 40 45

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

50 55 60

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser

85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

100 105 110

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

145 150 155 160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

165 170 175

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

225 230 235 240

Gly Ser Thr Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

245 250 255

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

260 265 270

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

275 280 285

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

290 295 300

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

305 310 315 320

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

325 330 335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

340 345 350

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

355 360 365

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

370 375 380

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

385 390 395 400

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

405 410 415

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

420 425 430

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

435 440 445

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

450 455 460

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

465 470 475 480

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

500 505 510

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

515 520 525

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

580 585 590

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

595 600 605

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

610 615 620

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

625 630 635 640

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

660 665 670

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
675 680 685

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
690 695 700

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
705 710 715 720

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
725 730 735

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
740 745 750

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
755 760 765

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
770 775 780

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
785 790 795 800

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
805 810 815

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
820 825 830

Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
835 840 845

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
850 855 860

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
865 870 875 880

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
885 890 895

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
900 905 910

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

915 920 925
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 930 935 940
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

 945 950 955 960
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
 965 970 975
 Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 980 985 990
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 995 1000 1005
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

 1010 1015 1020
 Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 1025 1030 1035
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 1040 1045 1050
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 1055 1060 1065
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

 1070 1075 1080
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 1085 1090 1095
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 1100 1105 1110
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 1115 1120 1125
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

 1130 1135 1140
 Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser
 1145 1150

<210> 8011

<211> 1153

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8011

Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

35 40 45

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

50 55 60

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

100 105 110

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

145 150 155 160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

165 170 175

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
225 230 235 240

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
260 265 270

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
275 280 285

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
290 295 300

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
305 310 315 320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
325 330 335

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
340 345 350

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
355 360 365

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
370 375 380

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
385 390 395 400

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
435 440 445

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

450 455 460
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 465 470 475 480

 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 485 490 495
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 500 505 510
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 515 520 525
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 530 535 540

 Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 545 550 555 560
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 565 570 575
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 580 585 590
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 595 600 605

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 610 615 620
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 625 630 635 640
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
 645 650 655
 Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 660 665 670

 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 675 680 685
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 690 695 700

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 705 710 715 720
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 725 730 735

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 740 745 750
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 755 760 765
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 770 775 780
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
 785 790 795 800

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 805 810 815
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 820 825 830
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 835 840 845
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 850 855 860

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 865 870 875 880
 Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 885 890 895
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 900 905 910
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 915 920 925

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 930 935 940
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

945 950 955 960
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Glu
 965 970 975
 Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 980 985 990

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 995 1000 1005
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1010 1015 1020
 Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 1025 1030 1035
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ala
 1040 1045 1050

Thr Glu Ser Pro Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 1055 1060 1065
 Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
 1070 1075 1080
 Ser Ala Pro Gly Thr Ser Ala Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 1085 1090 1095
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 1100 1105 1110

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
 1115 1120 1125
 Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 1130 1135 1140
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Glu Ser Ala Ser
 1145 1150

<210> 8012

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8012

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Ser Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 245 250 255
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 275 280 285
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 290 295 300
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 325 330 335
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 370 375 380
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 405 410 415
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 420 425 430
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 465 470 475 480
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
 530 535 540
 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 545 550 555 560
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 565 570 575
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 595 600 605
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 610 615 620
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 625 630 635 640
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655
 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 660 665 670
 Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
 675 680 685
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 690 695 700
 Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
850 855 860

<210> 8013

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8013

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190

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

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 340 345 350

 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 355 360 365
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 370 375 380
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
 405 410 415

 Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 420 425 430
 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 450 455 460
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
 465 470 475 480

 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 485 490 495
 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 500 505 510
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 515 520 525
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
 530 535 540

 Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 545 550 555 560
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
850 855 860

<210> 8014

<211> 292

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8014

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Ser Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
20 25 30
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
35 40 45
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

50 55 60
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Pro Ala Glu Ser Gly Ser
65 70 75 80
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
85 90 95
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
100 105 110
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
130 135 140
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
145 150 155 160
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

165 170 175
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

180 185 190
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

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

210 215 220
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

225 230 235 240
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

245 250 255
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

260 265 270
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

275 280 285
Gly Ser Ala Pro

290

<210> 8015

<211> 582

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8015

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

20 25 30
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

115 120 125

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

145 150 155 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

225 230 235 240

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

245 250 255

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

260 265 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

275 280 285

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

290 295 300

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

305				310				315				320			
Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr
				325				330				335			
Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser
				340				345				350			
Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro
355								360				365			
Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly
370								375				380			
Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser
385				390				395				400			
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro
				405				410				415			
Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu
				420				425				430			
Glu	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser
435								440				445			
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr
450				455				460							
Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly
465				470				475				480			
Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser	Glu
				485				490				495			
Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro
				500				505				510			
Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala
515								520				525			
Pro	Gly	Thr	Glu	Ser	Thr	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Ser	Glu
530								535				540			
Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr
545				550				555				560			

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 565 570 575
 Pro Gly Glu Pro Glu Ala
 580

<210> 8016

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8016

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 1 5 10 15
 Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
 20 25 30
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
 35 40 45
 Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
 50 55 60
 Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 65 70 75 80
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
 85 90 95
 Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 100 105 110
 Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
 115 120 125
 Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
 130 135 140
 Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
 145 150 155 160
 Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
 165 170 175

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

180 185 190

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

195 200 205

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

210 215 220

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

225 230 235 240

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

260 265 270

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

275 280 285

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

290 295 300

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

305 310 315 320

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

325 330 335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

340 345 350

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

355 360 365

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

370 375 380

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

385 390 395 400

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

405 410 415

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

420 425 430
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

435 440 445
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

450 455 460
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

465 470 475 480
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

485 490 495
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

500 505 510
Glu Ser Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

515 520 525
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

530 535 540
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

545 550 555 560
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

565 570 575

<210> 8017

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8017

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

35 40 45

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
 50 55 60
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 65 70 75 80
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 85 90 95
 Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
 100 105 110

 Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
 115 120 125
 Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
 130 135 140
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 145 150 155 160
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
 165 170 175

 Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 180 185 190
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
 195 200 205
 Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 210 215 220
 Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
 225 230 235 240

 Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
 245 250 255
 Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
 260 265 270
 Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
 275 280 285
 Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

290 295 300

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
305 310 315 320

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
340 345 350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
370 375 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
385 390 395 400

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
405 410 415

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
420 425 430

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
435 440 445

Ser Ala Ser Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
450 455 460

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
465 470 475 480

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
485 490 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
500 505 510

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
515 520 525

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
530 535 540

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
545 550 555 560

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
565 570 575

<210> 8018

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8018

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

35 40 45

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
50 55 60

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
85 90 95

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
115 120 125

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

165 170 175
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 180 185 190
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 195 200 205
 Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 210 215 220
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

 225 230 235 240
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 245 250 255
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 260 265 270
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 275 280 285
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

 290 295 300
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 305 310 315 320
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 325 330 335
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 340 345 350
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

 355 360 365
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 370 375 380
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 385 390 395 400
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
 405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

420 425 430
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 435 440 445
 Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 450 455 460
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 465 470 475 480
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Thr Glu

485 490 495
 Thr Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 500 505 510
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 515 520 525
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 530 535 540
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

545 550 555 560
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 565 570 575

<210> 8019

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8019

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 1 5 10 15
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
 20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

35 40 45
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 50 55 60
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 65 70 75 80
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 85 90 95

 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 100 105 110
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 115 120 125
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 130 135 140
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 145 150 155 160

 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 165 170 175
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 180 185 190
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 195 200 205
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 210 215 220

 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 225 230 235 240
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 245 250 255
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
 260 265 270
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 275 280 285

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
290 295 300

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
325 330 335

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
340 345 350

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
355 360 365

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
370 375 380

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
385 390 395 400

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
405 410 415

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
420 425 430

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Ser Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
465 470 475 480

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
485 490 495

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
500 505 510

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
515 520 525

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

530					535					540									
Glu	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser				
545					550					555					560				
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr				
565					570					575									
<210> 8020																			
<211> 294																			
<212> PRT																			
<213> Artificial Sequence																			
<220><223> Synthetic																			
<400> 8020																			
Ala	Ser	Ser	Pro	Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Ser	Gly	Thr	Ser				
1					5					10					15				
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser				
20					25					30									
Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly				
35					40					45									
Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser				
50					55					60									
Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Thr	Pro	Ala	Glu	Ser				
65					70					75					80				
Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly				
85					90					95									
Pro	Gly	Thr	Ser	Thr	Glu	Pro	Ser	Glu	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Ser	Pro				
100					105					110									
Ala	Gly	Ser	Pro	Thr	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr				
115					120					125									
Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Glu	Pro	Ala	Thr	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr				
130					135					140									
Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Ser	Pro				
145					150					155					160				

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
165 170 175
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
195 200 205
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
210 215 220
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
245 250 255
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
275 280 285
Pro Gly Gly Ser Ala Pro
290
<210> 8021
<211> 292
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic
<400> 8021
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
20 25 30
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
35 40 45
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
50 55 60

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
65 70 75 80
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
85 90 95
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
100 105 110
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
115 120 125
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
130 135 140
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
145 150 155 160
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
165 170 175
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
180 185 190
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
195 200 205
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
210 215 220
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
225 230 235 240
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
245 250 255
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
260 265 270
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
275 280 285
Gly Ser Ala Pro
290
<210> 8022

<211> 584

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic

<400> 8022

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

35 40 45

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

65 70 75 80

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

165 170 175

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
 225 230 235 240
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

 245 250 255
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 260 265 270
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 275 280 285
 Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 290 295 300
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

 305 310 315 320
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
 325 330 335
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 340 345 350
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 355 360 365
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

 370 375 380
 Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 385 390 395 400
 Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
 405 410 415
 Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
 420 425 430
 Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

 435 440 445
 Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465 470 475 480
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
485 490 495
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
515 520 525
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
530 535 540
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
565 570 575
Pro Gly Ala Ala Glu Pro Glu Ala
580