(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2022-0078607
(43) 공개일자 2022년06월10일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C12N 15/62 (2006.01) *A61K 35/17* (2014.01)
A61P 35/00 (2006.01) *C07K 14/725* (2006.01)
C07K 16/28 (2006.01) *C12N 15/86* (2006.01)
C12N 5/0783 (2010.01)
(52) CPC특허분류
C12N 15/62 (2013.01)
A61K 35/17 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2022-7012166
(22) 출원일자(국제) 2020년09월11일
심사청구일자 없음
(85) 번역문제출일자 2022년04월12일
(86) 국제출원번호 PCT/US2020/050503
(87) 국제공개번호 WO 2021/050948
국제공개일자 2021년03월18일
(30) 우선권주장
62/899,563 2019년09월12일 미국(US)
62/971,682 2020년02월07일 미국(US)

(71) 출원인
티씨알2 테라퓨틱스 인크.
미국 02142 매사추세츠주 케임브리지 비니 스트리트 100 스위트 710
(72) 발명자
배월 패트릭
미국 02142 매사추세츠주 케임브리지 비니 스트리트 100 스위트 710
호프마이스터 로버트
미국 02142 매사추세츠주 케임브리지 비니 스트리트 100 스위트 710
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
김진희, 김태홍

전체 청구항 수 : 총 290 항

(54) 발명의 명칭 **융합 단백질들을 이용한 TCR 재프로그래밍을 위한 조성물 및 방법들**

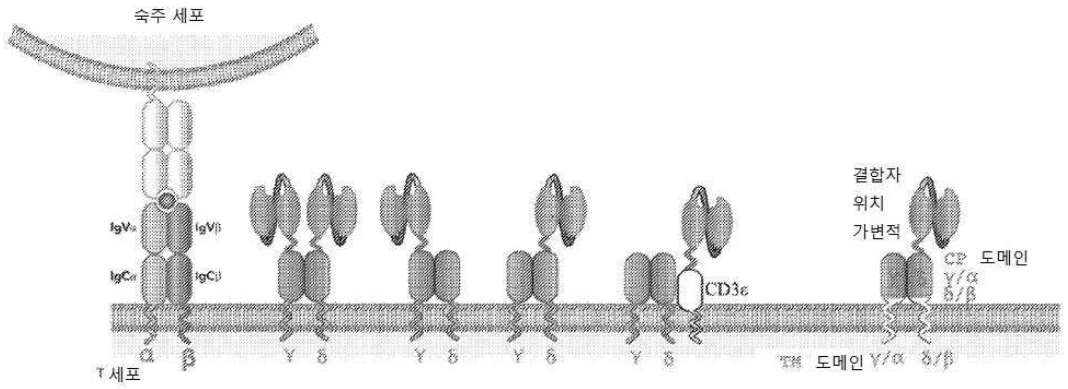
(57) 요 약

융합 단백질들을 이용한 TCR 재프로그래밍을 위한 조성물 및 방법들

요약서

T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질들 (TFPs) 및 TCR 불변 도메인을 인코드하는 재조합 핵산, 상기 인코드된 분자들을 발현시키는 변형된 T 세포들, 그리고 암을 비롯한 질환 치료에 이를 이용하는 방법들이 본원에서 제공된다. 세포 표면 항원에 대한 특이적 결합 도메인과 함께, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 감마, TCR 델타, TCR 알파 및 TCR 베타 쇄를 포함하는 TCR 소단위를 포함하는 융합 단백질을 포함하고, 기존 접근법의 한계를 극복할 잠재력을 갖는 변형된 T 세포를 본원에서 제공한다.

대 표 도 - 도3



(52) CPC특허분류
A61P 35/00 (2018.01)
C07K 14/7051 (2013.01)
C07K 16/2803 (2013.01)
C12N 15/86 (2013.01)
C12N 5/0636 (2013.01)
C07K 2319/03 (2013.01)
C12N 2310/20 (2017.05)
C12N 2510/00 (2013.01)
(72) 발명자
겟츠 다니엘
미국 02142 매사추세츠주 케임브리지 비니 스트리트 100 스위트 710
구티에레즈 다리오
미국 02142 매사추세츠주 케임브리지 비니 스트리트 100 스위트 710
키에퍼-권 필리프
미국 02142 매사추세츠주 케임브리지 비니 스트리트 100 스위트 710
도나헤이 줄리
미국 02142 매사추세츠주 케임브리지 비니 스트리트 100 스위트 710

명 세 서

청구범위

청구항 1

다음을 포함하는, 재조합 핵산:

(a) 다음을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열:

(i) 다음을 포함하는 TCR 소단위:

(1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고

(2) 막경유 도메인; 그리고

(ii)항원 결합 도메인을 포함하는 항체;

그리고

(b) TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열;

이때, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인이거나, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며;

이때, 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고

이때, 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

청구항 2

다음을 포함하는, 재조합 핵산:

(a) 다음을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열:

(i) 다음을 포함하는 TCR 소단위:

(1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고

(2) 막경유 도메인; 그리고

(ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편; 그리고

(b) TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열;

이때, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인이거나, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며;

이때, 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 그리고

이때, 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

청구항 3

청구항 1 또는 청구항 2에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인을 더 포함하거나, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 4

청구항 1-3중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 5

청구항 4에 있어서, 이때 상기 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 6

청구항 3-5중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포내 도메인은 TCR 감마의 세포내 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 7

청구항 3-5중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 8

청구항 7에 있어서, 이때 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이한, 재조합 핵산.

청구항 9

청구항 7에 있어서, 이때 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 링커를 통하여 작동가능하도록 연계된, 재조합 핵산.

청구항 10

청구항 1-3중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 11

청구항 10에 있어서, 이때 상기 TCR 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 12

청구항 10 또는 11에 있어서, 이때 상기 세포내 도메인은 TCR 델타의 세포내 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 13

청구항 8-12중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코드하는 서열은 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 14

청구항 13에 있어서, 이때 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이한, 재조합 핵산.

청구항 15

청구항 13에 있어서, 이때 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 링커를 통하여 작동가능하도록 연계된, 재조합 핵산.

청구항 16

청구항 1-3중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 17

청구항 16에 있어서, 이때 상기 TCR 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는 재조합 핵산.

청구항 18

청구항 16 또는 17에 있어서, 이때 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코드하는 서열은 TCR 감마 가변 도메인을 더 포함하고, 이로써 전체 TCR 감마 도메인을 인코드하게 되는, 재조합 핵산.

청구항 19

청구항 18에 있어서, 이때 상기 전체 TCR 감마 도메인은 감마 9 또는 감마 4인, 재조합 핵산.

청구항 20

청구항 18 또는 19에 있어서, 이때 상기 전체 TCR 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 21

청구항 16-20중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 22

청구항 16-21중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 TCR 델타 가변 도메인을 더 포함하고, 이로써 전체 TCR 델타 도메인이 인코딩되는, 재조합 핵산.

청구항 23

청구항 22에 있어서, 이때 상기 전체 TCR 델타 도메인은 델타 2 또는 델타 1인, 재조합 핵산.

청구항 24

청구항 22 또는 23, 이때 상기 전체 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 256, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 25

청구항 16-24중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타인, 재조합 핵산.

청구항 26

청구항 16-25중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론인, 재조합 핵산.

청구항 27

청구항 1-26중 임의의 한 항에 있어서, 적어도 하나의 리더 서열 및 적어도 하나의 링커를 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 28

청구항 27에 있어서, TCR 알파 불변 도메인의 일부분, TCR 베타 도메인의 일부분, 또는 이 둘 모두를 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 29

청구항 1에 있어서, 이때 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 30

청구항 1에 있어서, 이때 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 31

청구항 1에 있어서, 이때 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 제 1 링커 서열, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커, 제 2 리더 서열, 제 2 항원 결합 도메인 서열, 제 2 링커 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 32

청구항 1, 이때 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRDC 유전자 서열, 제 1 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, TRGC 유전자 서열, 제 2 절단가능한 링커 서열, 제 3 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 CD3 입실론 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 33

청구항 1에 있어서, 이때 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 제 1 항원 결합 도메인 서열, 제 1 링커 서열, TRDC 유전자 서열 또는 이의 단편, TRAC 유전자 서열 또는 이의 단편, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 제 2 항원 결합 도메인 서열, 제 2 링커 서열, TRGC 유전자 서열 또는 이의 단편, 및 TRBC 유전자 서열 또는 이의 단편을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 34

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 1에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 35

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 2에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 36

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 3에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 37

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 4에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 38

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 5에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 39

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 242에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 40

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 244에서 제시된 폴리펩티드를 인코드

하는, 재조합 핵산.

청구항 41

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 245에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 42

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 246에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 43

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 248에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 44

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 250에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 45

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 252에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 46

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 257에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 47

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 263에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 48

청구항 1-33중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 264에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 49

청구항 1에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 50

청구항 1에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 51

청구항 1에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 IgG4 항체에 특이적으로 결합할 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 52

청구항 1에 있어서, 이때 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합하는, 재조합 핵산.

청구항 53

청구항 1에 있어서, 이때 상기 항체 또는 이의 단편은 뮤린, 인간 또는 인간화된, 재조합 핵산.

청구항 54

청구항 1에 있어서, 이때 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면 상에서 세포 표면 항원에 결합하는, 재조합 핵산.

청구항 55

청구항 1에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 56

청구항 1에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 57

청구항 56에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 58

청구항 56에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 CD16-결합 폴리펩티드를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 59

청구항 1에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된, 재조합 핵산.

청구항 60

청구항 1에 있어서, 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코딩하는 핵산 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 61

청구항 60에 있어서, 이때 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 62

다음을 포함하는, 재조합 핵산:

(a) 다음을 포함하는, T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열;

(i) 다음을 포함하는, TCR 소단위:

(1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고

(2) 막경유 도메인; 그리고

(ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 결합 도메인; 그리고

(b) TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열;

이때, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인이거나; 또는 TCR 감마 불변 도메인 및 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며;

이때, 상기 TCR 소단위와 상기 항원 결합 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 그리고

이때, 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된, 재조합 핵산.

청구항 63

청구항 62에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인을 더 포함하거나, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도

메인을 포함하는 세포내 도메인을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 64

청구항 1-63중 임의의 한 항에 있어서, TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 적어도 일부분 서열, 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인 모두의 일부분 서열을 더 포함한하는, 재조합 핵산.

청구항 65

청구항 62에 있어서, 이때 상기 항원 도메인은 리간드를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 66

청구항 62에 있어서, 이때 상기 리간드 세포의 수용체에 결합하는, 재조합 핵산.

청구항 67

청구항 62에 있어서, 이때 상기 리간드 세포 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합하는, 재조합 핵산.

청구항 68

청구항 62에 있어서, 이때 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 수용체 또는 폴리펩티드를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 69

청구항 62, 이때 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질인, 재조합 핵산.

청구항 70

청구항 69에 있어서, 이때 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택되는, 재조합 핵산.

청구항 71

청구항 62에 있어서, 이때 상기 항원 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 72

청구항 71에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 73

청구항 62에 있어서, 이때 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체인, 재조합 핵산.

청구항 74

청구항 73에 있어서, 이때 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체인, 재조합 핵산.

청구항 75

청구항 62에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 76

청구항 62에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 77

청구항 62에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 CDR을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 78

청구항 62에 있어서, 이때 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의 단편인, 재조합 핵산.

청구항 79

청구항 1-78중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인이 T 세포에서 발현될 때 기능적 TCR 복합체로 통합되는, 재조합 핵산.

청구항 80

청구항 1-79중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR 복합체로 통합되는, 재조합 핵산.

청구항 81

청구항 1-80중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 내포되는, 재조합 핵산.

청구항 82

청구항 1-81중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 인코드된 TFP 및 상기 인코드된 TCR 불변 도메인은 제 1 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계되는, 재조합 핵산.

청구항 83

청구항 82에 있어서, 이때 상기 제 1 링커는 프로테아제 절단 부위를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 84

청구항 83에 있어서, 이때 상기 프로테아제 절단 부위는 2A, 가령, T2A 또는 P2A 절단 부위인, 재조합 핵산.

청구항 85

청구항 1-84중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자 안에 내포되는, 재조합 핵산.

청구항 86

청구항 1-85중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위 및 상기 항체 도메인, 상기 항원 결합 도메인 또는 상기 TFP의 결합 리간드 또는 이의 단편은 제 2 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계되는, 재조합 핵산.

청구항 87

청구항 86에 있어서, 이때 상기 제 2 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=1 ~ 4인, 재조합 핵산.

청구항 88

청구항 1-87중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 막경유 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 델타, 또는 TCR 감마의 TCR 막경유 도메인인,재조합 핵산.

청구항 89

청구항 3-61 및 63-88중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포내 도메인은 오로지 CD3 입실론, 오로지 CD3 감마, 오로지 CD3 델타, 오로지 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타로부터 유래된, 재조합 핵산.

청구항 90

청구항 1-89중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개는 동일한 TCR 소단위로부터 유래되는, 재조합 핵산.

청구항 91

청구항 1-90중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 92

청구항 91에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 감마의 세포내 도메인 쇄 또는 TCR 델타 쇄를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 93

청구항 92에 있어서, 이때 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 불변 도메인의 세포외 일부분, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 94

청구항 92 또는 93에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하거나, 또는 델타 불변 도메인, 또는 이의 단편이거나, 또는 이를 포함하는,재조합 핵산.

청구항 95

청구항 94에 있어서, 이때 상기 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 96

청구항 92 또는 93에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하거나, 또는 감마 불변 도메인, 또는 이의 단편이거나, 또는 이를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 97

청구항 96에 있어서, 이때 상기 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 98

청구항 94-97중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TFP의 세포외 도메인은 감마 쇄 또는 델타 쇄의 가변 도메인을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 99

청구항 3-61 및 63-88중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 100

청구항 99에 있어서, 이때 상기 상기 TFP의 TCR 소단위는 CD3 입실론의 세포외, 막경유 및 세포내 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 101

청구항 100에 있어서, 이때 상기 CD3 입실론의 TCR 소단위는 서열 식별 번호: 258의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 102

청구항 1-101중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TFP, 상기 TCR 감마 불변 도메인, 상기 TCR 델타 불변 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 103

청구항 1-102중 임의의 한 항에 있어서, 이때

(a) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 델타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체로 기능적으로 통합되며;

(b) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 감마, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는

(c) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되는, 재조합 핵산.

청구항 104

청구항 1-103중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 105

청구항 1, 3-61 및 85-104중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 항체는 항체 단편인, 재조합 핵산.

청구항 106

청구항 105에 있어서, 이때 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인, V_H 도메인 또는 V_L 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 107

청구항 1, 3-61 및 85-106중 임의의 한 항에 있어서, 이때 항원 결합 도메인은 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-CD20 결합 도메인, 항-CD70 결합 도메인, 항-79b 결합 도메인, 항-HER2 결합 도메인, 항-PMSA 결합 도메인, 항-MUC16 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFF 수용체 결합 도메인, 항-Nectin-4 결합 도메인, 항-TROP-2 결합 도메인, 항-GPC3 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에서 선택되는, 재조합 핵산.

청구항 108

청구항 107에 있어서, 이때 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 60의 CDR1, 서열 식별 번호: 61의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 62의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 109

청구항 107에 있어서, 이때 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 63의 CDR1, 서열 식별 번호: 64의

CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 65의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 110

청구항 107에 있어서, 이때 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 66의 CDR1, 서열 식별 번호: 67의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 68의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 111

청구항 107에 있어서, 이때 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 69, 서열 식별 번호: 70, 또는 서열 식별 번호: 71의 서열에 대해 적어도 약 80% 동일성을 갖는 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 112

청구항 107에 있어서, 이때 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 73의 경쇄 CDR1, 서열 식별 번호: 75의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 77의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 113

청구항 107에 있어서, 이때 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 79의 중쇄 CDR1, 서열 식별 번호: 81의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 83의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 114

청구항 107에 있어서, 이때 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 85의 서열에 대해 적어도 약 80% 서열 동일을 갖는 경쇄 가변 영역 및/또는 서열 식별 번호: 87의 서열에 대해 적어도 약 80% 서열 동일을 갖는 중쇄 가변 영역을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 115

청구항 1-114중 임의의 한 항에 있어서, TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 116

청구항 1-114중 임의의 한 항에 있어서, TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 117

청구항 1-114중 임의의 한 항에 있어서, TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열 및 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 118

다음을 포함하는, 재조합 핵산:

(a) 다음을 포함하는, T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열:

(i) 다음을 포함하는, TCR 소단위:

(1) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고

(2) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인; 그리고

(ii)항원 결합 도메인을 포함하는 항체 또는 이의 단편;

그리고

(b) TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열;

이때, 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이거나; 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인과 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며;

이때, 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고

이때, 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

청구항 119

다음을 포함하는, 재조합 핵산:

(a) 다음을 포함하는, T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열:

(i) 다음을 포함하는, TCR 소단위:

(1) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고

(2) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인; 그리고

(ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편; 그리고

(b) TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열;

이때, 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이거나; 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인과 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며;

이때, 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 그리고

이때, 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

청구항 120

청구항 118 또는 119에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타의 세포내 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 121

청구항 118 또는 120에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 122

청구항 121에 있어서, 이때 상기 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 또는 서열 식별 번호: 207, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 123

청구항 121에 있어서, 이때 상기 TCR 알파 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 124

청구항 123에 있어서, 이때 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인의 아미노산 2-137을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 125

청구항 124에 있어서, 이때 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 아미노산 2-137을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 126

청구항 124에 있어서, 이때 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 207의 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 127

청구항 123에 있어서, 이때 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 아미노산 82-137을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 128

청구항 127에 있어서, 이때 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17의 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 129

청구항 122-128중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포내 도메인은 TCR 베타의 세포내 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 130

청구항 121-129중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 상기 TCR 알파 불변 도메인을 인코드하는 서열은 상기 TCR 알파 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 131

청구항 130에 있어서, 이때 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이한, 재조합 핵산.

청구항 132

청구항 130에 있어서, 이때 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TCR 알파 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 링커를 통하여 작동가능하도록 연계된, 재조합 핵산.

청구항 133

청구항 118-120중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 134

청구항 133에 있어서, 이때 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 또는 서열 식별 번호: 209, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 135

청구항 134에 있어서, 이때 TCR 베타 불변 도메인은 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 136

청구항 134에 있어서, 이때 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 뮤린 TCR 베타 불변 도메인의 아미노산 2-173을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 137

청구항 134에 있어서, 이때 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 아미노산 2-173을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 138

청구항 134에 있어서, 이때 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 209를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 139

청구항 134에 있어서, 이때 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 아미노산 123-173을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 140

청구항 134에 있어서, 이때 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 141

청구항 133-140중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포내 도메인은 TCR 알파의 세포내 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 142

청구항 118-141중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 베타 불변 도메인을 인코드하는 서열은 상기 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 143

청구항 142에 있어서, 이때 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이한, 재조합 핵산.

청구항 144

청구항 142에 있어서, 이때 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 링커를 통하여 작동가능하도록 연계된, 재조합 핵산.

청구항 145

청구항 118-120중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 146

청구항 145에 있어서, 이때 상기 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 또는 서열 식별 번호: 207, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열의 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 147

청구항 145 또는 146에 있어서, 이때 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 또는 서열 식별 번호: 209, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열의 서열을 포함하는,재조합 핵산.

청구항 148

청구항 118-147중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타인, 재조합 핵산.

청구항 149

청구항 118-147중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론인, 재조합 핵산.

청구항 150

청구항 145에 있어서, 이때 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRBC 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 151

청구항 145에 있어서, 이때 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRBC 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 152

청구항 145에 있어서, 이때 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, 및 TRBC 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 153

청구항 145에 있어서, 이때 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, 및 TRBC 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 154

청구항 145에 있어서, 이때 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRAC 유전자 서열, 제 1 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, TRBC 유전자 서열, 제 2 절단가능한 링커 서열, 제 3 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 CD3 입실론 유전자 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 155

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 10에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 156

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 204에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 157

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 206에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 158

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 210에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 159

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 211에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 160

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 217에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 161

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 218에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 162

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 219에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 163

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 220에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 164

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 259에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 165

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 261에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 166

청구항 115-154중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 서열은 서열 식별 번호: 262에서 제시된 폴리펩티드를 인코드하는, 재조합 핵산.

청구항 167

청구항 115-166중 임의의 한 항에 있어서, 적어도 하나의 리더 서열과 적어도 하나의 링커를 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 168

청구항 119-167중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 169

청구항 119-167중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 170

청구항 119-167중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 IgG4 항체에 특이적으로 결합할 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 171

청구항 118 및 120-170중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합하는, 재조합 핵산.

청구항 172

청구항 118 및 120-170중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 항체 또는 이의 단편은 뮤린, 인간 또는 인간화된, 재조합 핵산.

청구항 173

청구항 118 및 120-170중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면의 세포 표면 항원에 결합하는, 재조합 핵산.

청구항 174

청구항 119-167중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 175

청구항 119-167중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않은, 재조합 핵산.

청구항 176

청구항 175에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 177

청구항 175, 이때 상기 결합 리간드는 CD16-결합 폴리펩티드를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 178

청구항 119-167중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된, 재조합 핵산.

청구항 179

청구항 119-167중 임의의 한 항에 있어서, 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코딩하는 핵산 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 180

청구항 118 및 120-170중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 181

다음을 포함하는, 재조합 핵산:

(a) 다음을 포함하는, T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열:

(i) 다음을 포함하는, TCR 소단위:

(1) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고

(2) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인, 그리고

(ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 결합 도메인; 그리고

(b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열;

이때, 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이거나; 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인과 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며;

이때, 상기 TCR 소단위와 상기 항원 결합 도메인은 작동가능하도록 연계되며,

이때, 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입되는, 재조합 핵산.

청구항 182

청구항 181에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타의 세포내 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 183

청구항 118-182중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 세포외 도메인은 상기 세포외 TCR 알파 불변 도메인의 일부분 또는 TCR 베타 불변 도메인, 또는 이의 단편을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 184

청구항 118-183중 임의의 한 항에 있어서, TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인 모두의 적어도 일부분 서열을 인코드하는 적어도 일부 서열을 더 포함하는, 재

조합 핵산.

청구항 185

청구항 181-184중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 리간드를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 186

청구항 185에 있어서, 이때 상기 리간드 세포의 수용체에 결합하는, 재조합 핵산.

청구항 187

청구항 185에 있어서, 이때 상기 리간드 세포는 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합하는, 재조합 핵산.

청구항 188

청구항 185에 있어서, 이때 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 수용체 또는 폴리펩티드를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 189

청구항 185에 있어서, 이때 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질인, 재조합 핵산.

청구항 190

청구항 189에 있어서, 이때 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택되는, 재조합 핵산.

청구항 191

청구항 185에 있어서, 이때 상기 항원 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 192

청구항 191에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 193

청구항 185에 있어서, 이때 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체인, 재조합 핵산.

청구항 194

청구항 193에 있어서, 이때 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체인, 재조합 핵산.

청구항 195

청구항 185에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 196

청구항 185에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 197

청구항 185에 있어서, 이때 상기 항원 결합 도메인은 CDR을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 198

청구항 185에 있어서, 이때 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의

단편인, 재조합 핵산.

청구항 199

청구항 118-198중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때 기능적 TCR 복합체로 통합된, 재조합 핵산.

청구항 200

청구항 199에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR 복합체로 통합되는, 재조합 핵산.

청구항 201

청구항 118-200중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 내포되는, 재조합 핵산.

청구항 202

청구항 118-200중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TFP 및 상기 TCR 불변 도메인은 제 1 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된, 재조합 핵산.

청구항 203

청구항 202에 있어서, 이때 상기 제 1 링커는 프로테아제 절단 부위를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 204

청구항 203에 있어서, 이때 상기 프로테아제 절단 부위는 2A, 가령, T2A 또는 P2A 절단 부위인, 재조합 핵산.

청구항 205

청구항 118-200중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자 안에 함유된, 재조합 핵산.

청구항 206

청구항 118-205중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위 및 상기 항체 도메인, 상기 항원 결합 도메인 또는 상기 TFP의 결합 리간드 또는 이의 단편 제 2 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된, 재조합 핵산.

청구항 207

청구항 206에 있어서, 이때 상기 제 2 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하고, 이때 n=1 ~ 4인, 재조합 핵산.

청구항 208

청구항 118-207중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 막경유 도메인은 TCR 알파 또는 TCR 베타, 가령, 뮤린 TCR 알파 또는 TCR 베타의 TCR 막경유 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 209

청구항 118-207중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 알파 또는 TCR 베타의 TCR 세포내 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 210

청구항 118-207중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 세포외 도메인은 불변 도메인 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 세포외 일부분, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 211

청구항 118-207중 임의의 한 항에 있어서, 이때 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 막경유 도메인, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 막경유 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 212

청구항 118-207중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 TCR 세포내 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 213

청구항 118-207중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 또는 알파 불변 도메인이거나, 또는 이를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 214

청구항 213, 이때 상기 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 또는 서열 식별 번호: 207의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열, 가령, 서열 식별 번호: 146의 아미노산 2-137 서열을 갖는, 재조합 핵산.

청구항 215

청구항 118-207중 임의의 한 항에 있어서, 이때 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하는 상기 인코드된 TCR은 베타 불변 도메인이거나, 또는 이를 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 216

청구항 215에 있어서, 이때 상기 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 또는 서열 식별 번호: 209의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열, 가령, 서열 식별 번호: 152의 아미노산 2-173을 갖는, 재조합 핵산.

청구항 217

청구항 215 또는 216에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위의 세포외 도메인은 알파 쇄 또는 베타 쇄의 가변 도메인을 포함하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 218

청구항 1-217중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 219

청구항 218에 있어서, 이때 상기 TFP의 TCR 소단위는 CD3 입실론의 세포외 도메인, 막경유 도메인 그리고 세포내 도메인을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 220

청구항 218 또는 219에 있어서, 이때 상기 CD3 입실론의 TCR 소단위는 서열 식별 번호: 258의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 221

청구항 1-220중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 TFP, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있는, 재조합 핵산.

청구항 222

청구항 1-221중 임의의 한 항에 있어서, 이때

(a) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며;

(b) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되고; 또는

(c) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되는, 재조합 핵산.

청구항 223

청구항 220-222중 임의의 한 항에 있어서, 이때 이때 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 224

청구항 118 및 120-180중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 항체는 항체 단편인, 재조합 핵산.

청구항 225

청구항 224에 있어서, 이때 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인, V_H 도메인 또는 V_L 도메인인, 재조합 핵산.

청구항 226

청구항 118 및 120-180중 임의의 한 항에 있어서, 이때 항원 결합 도메인은 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-CD20 결합 도메인, 항-CD70 결합 도메인, 항-79b 결합 도메인, 항-HER2 결합 도메인, 항-PMSA 결합 도메인, 항-MUC16 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFF 수용체 결합 도메인, 항-Nectin-4 결합 도메인, 항-TROP-2 결합 도메인, 항-GPC3 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에서 선택되는, 재조합 핵산.

청구항 227

청구항 226에 있어서, 이때 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 60의 CDR1, 서열 식별 번호: 61의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 62의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 228

청구항 226에 있어서, 이때 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 63의 CDR1, 서열 식별 번호: 64의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 65의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 229

청구항 226에 있어서, 이때 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 66의 CDR1, 서열 식별 번호: 67의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 68의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 230

청구항 226에 있어서, 이때 이때 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 69, 서열 식별 번호: 70, 또는 서열 식별 번호: 71의 서열에 대해 적어도 약 80% 동일성을 갖는 서열을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 231

청구항 226에 있어서, 이때 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 73의 경쇄 CDR1, 서열 식별 번호: 75의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 77의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 232

청구항 226에 있어서, 이때 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 79의 중쇄 CDR1, 서열 식별 번호: 81의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 83의 CDR3을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 233

청구항 226에 있어서, 이때 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 85의 서열에 대해 적어도 약 80% 서열 동일을 갖는 경쇄 가변 영역 및/또는 서열 식별 번호: 87의 서열에 대해 적어도 약 80% 서열 동일을 갖는 중쇄 가변 영역을 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 234

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 핵산은 DNA 및 RNA로 구성된 군에서 선택되는, 재조합 핵산.

청구항 235

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 핵산은 mRNA인, 재조합 핵산.

청구항 236

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 핵산은 circRNA인, 재조합 핵산.

청구항 237

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 재조합 핵산은 핵산 유사체를 포함하고, 이때 상기 핵산 유사체는 이 재조합 핵산의 인코딩 서열에 존재하지 않는, 재조합 핵산.

청구항 238

청구항 237에 있어서, 상기 핵 유사체는 다음으로 구성된 군에서 선택되는, 재조합 핵산: 2'-O-메틸, 2'-O-메톡시에틸 (2'-O-MOE), 2'-O-아미노프로필, 2'-데옥시, T-데옥시-2'-플로오르, 2'-O-아미노프로필 (2'-O-AP), 2'-O-디메틸아미노에틸 (2'-O-DMAOE), 2'-O-디메틸아미노프로필 (2'-O-DMAP), T-O-디메틸아미노에틸옥시에틸 (2'-O-DMAEOE), 2'-O-N-메틸아세트아미도 (2'-O-NMA) 변형된, 잠김 핵산 (LNA), 에틸렌 핵산 (ENA), 펩티드 핵산 (PNA), 1',5'-무수헥시톨 핵산 (HNA), 몰포리노, 메틸포스포네이트 뉴클레오티드, 티올포스포네이트 뉴클레오티드, 그리고 2'-플루오르 N3-P5'-포스포라미디트.

청구항 239

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 리더 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 240

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 프로모터 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 241

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, poly(A) 꼬리를 인코딩하는 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 242

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 3'UTR 서열을 더 포함하는, 재조합 핵산.

청구항 243

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 핵산은 단리된 핵산 또는 자연 발생적이 아닌 핵산인, 재조합

핵산.

청구항 244

전술한 항들중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 핵산은 *시험관내* 전사된 핵산인, 재조합 핵산.

청구항 245

전술한 항들중 임의의 한 항에 따른 재조합 핵산을 포함하는 벡터.

청구항 246

청구항 245에 있어서, 이때 상기 벡터는 DNA, RNA, 플라스미드, 렌티바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터, 아데노-연합된 바이러스성 벡터 (AAV), Rous 육종 바이러스 (RSV) 벡터, 또는 레트로바이러스 벡터로 구성된 군에서 선택된, 벡터.

청구항 247

청구항 245 또는 246에 있어서, 이때 상기 벡터는 AAV6 벡터인, 벡터.

청구항 248

청구항 245-247중 임의의 한 항에 있어서, 프로모터를 더 포함하는, 벡터.

청구항 249

청구항 245-248중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 벡터는 시험*관내* 전사된 벡터인, 벡터.

청구항 250

청구항 1-244, 또는 청구항 245-249중 임의의 한 항에 따른 벡터를 포함하는 변형된 T 세포에 있어서, 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능적 파괴를 포함하는, 변형된 T 세포.

청구항 251

청구항 1-244중 임의의 한 항에 따른 TFP 핵산을 인코딩하는 서열, 또는 상기 TFP를 인코딩하는 청구항 1-244중 임의의 한 항에 따른 핵산 서열에 의애 인코딩되는 TFP를 포함하는 변형된 T 세포에 있어서, 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능적 파괴를 포함하는, 변형된 T 세포.

청구항 252

청구항 1-244중 임의의 한 항에 따른 TFP를 인코딩하는 서열, 또는 TFP를 인코딩하는 청구항 1-244중 임의의 한 항에 따른 핵산의 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 동종이계(allogenic) T 세포.

청구항 253

청구항 250-252중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 T 세포는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 이종성 서열을 더 포함하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인인, 변형된 T 세포.

청구항 254

청구항 250-253중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 T 세포는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 이종성 서열을 더 포함하고, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인인, 변형된 T 세포.

청구항 255

청구항 254에 있어서, 이때 상기 TCR 불변 도메인, 가령, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 불변 도메인 또는 상기 TCR 알파 불변 도메인 및 상기 TCR 베타 불변 도메인은 뮤린 TCR 불변 도메인, 가령, 뮤린 TCR 알파 불변 도메인, 뮤린 TCR 베타 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 및 뮤린 TCR 베타 불변 도메인인,

변형된 T 세포.

청구항 256

청구항 250-255중 임의의 한 항에 있어서, 이때 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 내생성 TCR 알파 쇄, 내생성 TCR 베타 쇄, 또는 내생성 TCR 알파 쇄 및 내생성 TCR 베타 쇄인, 변형된 T 세포.

청구항 257

청구항 250-256중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하여, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소된, 변형된 T 세포.

청구항 258

청구항 250-257중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 기능적 파괴란 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴인, 변형된 T 세포.

청구항 259

청구항 258에 있어서, 이때 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴는 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자 서열을 이 T 세포의 게놈으로부터 제거인, 변형된 T 세포.

청구항 260

청구항 250-259중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 T 세포는 CD4 세포들, CD8 세포들, 나이브 T-세포들, 기억 줄기 T-세포들, 중추 기억 T-세포들, 이중 음성 T-세포들, 작동체 기억 T-세포들, 작동체 T-세포들, Th0 세포들, Tc0 세포들, Th1 세포들, Tc1 세포들, Th2 세포들, Tc2 세포들, Th17 세포들, Th22 세포들, 알파/베타 T 세포들, 감마/델타 T 세포들, 천연 킬러 (NK) 세포들, 천연 킬러 T (NKT) 세포들, 조혈 줄기 세포들 및 다능성 줄기 세포들로부터 선택된 인간 T 세포인, 변형된 T 세포.

청구항 261

청구항 250-260중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 T 세포는 CD8+ 또는 CD4+ T 세포인, 변형된 T 세포.

청구항 262

청구항 250-261중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 T 세포는 동종이계 T 세포인, 변형된 T 세포.

청구항 263

청구항 250-262중 임의의 한 항에 있어서, 세포내 신호생성 도메인의 양성 신호를 포함하는 제 2 폴리펩티드와 연합된, 저해성 분자의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드를 포함하는 저해성 분자를 인코드하는 핵산을 더 포함하는, 변형된 T 세포.

청구항 264

청구항 263에 있어서, 이때 상기 저해성 분자는 PD1의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드와 공동자극 도메인과 일차 신호생성 도메인을 포함하는 제 2 폴리펩티드를 포함하는, 변형된 T 세포.

청구항 265

다음을 포함하는 약제학적 조성물:

(a) 청구항 250-264중 임의의 한 항에 따른 변형된 T 세포; 그리고

(b) 약제학적으로 수용가능한 담체.

청구항 266

청구항 250-264중 임의의 한 항에 따른 변형된 T 세포를 만드는 방법에 있어서, 이 방법은 다음을 포함하는 방법:

(a) TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코딩하는 내생성 TCR 유전자를 파괴하고, 이로 인하여 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포가 만들어지며; 그리고

(b) 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포에 청구항 1-244중 임의의 한 항에 따른 재조합 핵산, 또는 청구항 245-249중 임의의 한 항에 따른 벡터를 형질도입시킨다.

청구항 267

청구항 266에 있어서, 이때 파괴는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 유전자를 표적으로 하는 뉴클레아제 단백질 또는 뉴클레아제 단백질을 인코딩하는 핵산 서열로 상기 T 세포를 형질도입시키는 것을 포함하는, 방법.

청구항 268

청구항 250-264중 임의의 한 항에 따른 변형된 T 세포를 만드는 방법에 있어서, 상기 방법은 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포에 청구항 청구항 1-244중 임의의 한 항에 따른 재조합 핵산, 또는 청구항 245-249중 임의의 한 항에 따른 벡터를 형질도입시키는 것을 포함하는, 방법.

청구항 269

청구항 268에 있어서, 이때 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포인, 방법.

청구항 270

청구항 266-269중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 T 세포는 인간 T 세포인, 방법.

청구항 271

청구항 266-270중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포는 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하여, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소되는, 방법.

청구항 272

청구항 267-271중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제, 아연-핑거 뉴클레아제 (ZFN), 전사 활성화제-유사 작동체 뉴클레아제 (TALEN), CRISPR/Cas 뉴클레아제, 또는 megaTAL 뉴클레아제인, 방법.

청구항 273

청구항 266-272중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 재조합 핵산 또는 상기 벡터에 포함된 서열은 내생성 TCR 소단위 유전자의 절단 부위로 삽입되고, 그리고 이때 이 내생성 TCR 소단위 유전자로 이러한 서열의 삽입으로 인하여 당해 내생성 TCR 소단위는 기능적으로 파괴되는, 방법.

청구항 274

청구항 267-271중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제인, 방법.

청구항 275

청구항 274에 있어서, 이때 상기 메가뉴클레아제는 제 1 소단위와 제 2 소단위를 포함하는데, 이때 상기 제 1 소단위는 인지 서열의 제 1 인지 절반-부위에 결합하고, 그리고 상기 제 2 소단위는 당해 인지 서열의 제 2 인지 절반-부위에 결합하는, 방법.

청구항 276

청구항 275에 있어서, 이때 상기 메가뉴클레아제는 링커를 포함하는 단일-쇄 메가뉴클레아제이며, 이때 상기 링커는 상기 제 1 소단위와 제 2 소단위를 공유적으로 연결하는, 방법.

청구항 277

치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법에 있어서, 상기 방법은 당해 대상체에게 청구항 265에 따른 약제학적 조성물의 치료요법적으로 유효량을 투여하는 것을 포함하는, 방법.

청구항 278

치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법에 있어서, 상기 방법은 당해 대상체에게 (a) 청구항 266-276중 임의의 한 항에 따른 방법에 의해 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 운반체를 포함하는 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 방법.

청구항 279

치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법에 있어서, 상기 방법은 당해 대상체에게 (a) 청구항 266-276중 임의의 한 항에 따른 방법에 의해 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 운반체를 포함하는 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 방법.

청구항 280

청구항 277-279중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 변형된 T 세포는 동종이계 T 세포인, 방법.

청구항 281

청구항 277-280중 임의의 한 항에 있어서, 이때 변형안된 대조군 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출되는, 방법.

청구항 282

청구항 277-281중 임의의 한 항에 있어서, 이때 청구항 1-244중 임의의 한 항에 따른 재조합 핵산, 또는 청구항 245-249중 임의의 한 항에 따른 벡터를 포함하는 변형된 T 세포의 효과량이 투여된 대상체와 비교하였을 때, 이 대상체에서 사이토킨 방출이 더 적은, 방법.

청구항 283

청구항 277-282중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 방법은 상기 약제학적 조성물의 효과를 증가시키는 제제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 방법.

청구항 284

청구항 277-283중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 방법은 상기 약제학적 조성물와 연합된 하나 또는 그 이상의 부작용을 경감시키는 제제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 방법.

청구항 285

청구항 277-284중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 암은 고형 암, 림프종 또는 백혈병인, 방법.

청구항 286

청구항 277-285중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 암은 신장 세포 암종, 유방암, 폐암, 난소암, 전립선암, 결장암, 자궁경부암, 뇌암, 간암, 췌장암, 콩팥 및 위암으로 구성된 군에서 선택되는, 방법.

청구항 287

청구항 277-286중 임의의 한 항에 있어서, 이때 청구항 1-244에 따른 TFP를 발현시키는 자가 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출되는, 방법.

청구항 288

청구항 277-287중 임의의 한 항에 있어서, 이때 상기 방법은 이식편 대 숙주 질환을 유도하지 않는, 방법.

청구항 289

청구항 277-288중 임의의 한 항에 있어서, 이때 청구항 1-244의 TFP를 발현시키는 자가 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 이식편 대 숙주 질환이 발생될 위험이 감소되는, 방법.

청구항 290

약물로써 또는 약물 제조에 사용하는 용도로써 청구항 1-244중 임의의 한 항에 따른 재조합 핵산, 청구항 245-249중 임의의 한 항에 따른 벡터, 청구항250-264중 임의의 한 항에 따른 변형된 T 세포, 또는 청구항 265중 임의의 한 항에 따른 약제학적 조성물.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] **상호-참조**

[0002] 본 출원은 2019년 9월 12일자로 제출된 U.S. 가특허 출원 번호 62/899,563, 그리고 2020년 2월 7일자로 제출된 U.S. 가특허 출원 62/971,682에 대해 우선권을 주장하며, 이들 출원은 이들 전문이 여기에 참고자료로 편입된다.

배 경 기 술

[0003] **발명의 배경**

[0004] 혈액 종양 또는 말기 고형 종양을 갖고 있는 대부분의 환자들은 표준 요법으로 치료할 수 없다. 또한, 전통적인 치료 옵션에는 종종 심각한 부작용이 있다. 암 세포를 거부하기 위하여 환자의 면역 체계를 사용하려는 수많은 시도가 있었고, 이들을 총괄적으로 암 면역요법이라고 부른다. 그러나, 몇 가지 장애물로 인해 임상 효과를 얻기는 다소 어렵다. 비록 수 백 가지의 소위 종양 항원이 확인되었지만, 이들은 대개 자가(self)에서 파생되어, 건강한 조직에 대해서도 암 면역요법을 지시할 수 있고, 또는 면역원성이 좋지 않다. 더욱이, 암세포는 암 면역요법에 의한 면역 공격의 개시 및 전파에 대해 스스로를 보이지 않게 하거나, 또는 거부하도록 만들기 위해 여러 메커니즘을 사용한다.

[0005] 키메라 항원 수용체 (CAR) 변형된 자가조직의 T 세포 요법(유전공학적으로 공작된 T 세포들을 암 세포 상의 적합한 세포-표면 분자로 돌려보내는 것에 의존하는)을 이용한 최근 개발은 B 세포 악성종양을 치료하기 위한 면역계의 힘을 활용하는 유망한 결과를 보여준다 (가령, Sadelain et al., Cancer Discovery 3:388-398 (2013) 참고). CD19-특이적 CAR T 세포들 (일명 CTL019)을 이용한 임상 결과에서 만성 림프구 백혈병 (CLL)을 앓는 환자들, 뿐만 아니라 어린이의 급성 림프아구성 백혈병 (ALL)의 완벽한 완화(remissions)를 보여주었다(가령, Kalos et al., Sci Transl Med 3:95ra73 (2011), Porter et al., NEJM 365:725-733 (2011), Grupp et al., NEJM 368:1509-1518 (2013) 참고). 대안적인 접근법은 자가조직의 T 세포들의 유전공학적 공작을 위한 종양-연합된 펩티드 항원에 대하여 선별된 세포수용체 (TCR) 알파 쇄와 베타 쇄의 사용이다. 이들 TCR 쇄는 완전한 TCR 복합체들을 형성하고, 제 2 정의된 특이성을 갖는 TCR을 갖는 T 세포들을 제공한다. 활막 암종 환자에서 NY-ESO-1-특이적 TCR 알파 쇄와 베타 쇄를 발현시키는 공작된 자가조직의 T 세포들로부터 고무적인 결과를 얻었다.

[0006] *시험관내/생체외*에서 각각의 표적 세포들을 인지하고, 파괴하기 위하여 CAR 또는 제 2 TCR을 발현시키는 유전공학적으로 변형된 T 세포들에 대한 능력이외에, 공작된 T 세포들를 이용한 환자 요법이 성공적이기 위해서는 이들 T 세포들은 강력한 활성화, 확장, 시간이 경과해도 지속적이어야 하고, 그리고 재발 질환의 경우, "기억" 반응이 가능해야 한다. CAR T 세포들의 높은 관리가능한 임상 효과는 CD19-양성 B 세포 악성종양과 HLA-A2를 발현시키는 NY-ESO-1-펩티드 발현하는 활액 육종 환자들에게 현재 국한된다.

발명의 내용

해결하려는 과제

[0007] **발명의 요약**

[0008] 각종 인간 악성종양에 대하여 더 광범위하게 작용하도록 유전공학적으로 공작된 T 세포들을 개선시킬 필요성이 분명히 있다.

[0009] 세포 표면 항원에 대한 특이적 결합 도메인과 함께, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 감마, TCR 델타, TCR

알파 및 TCR 베타 쇄를 포함하는 TCR 소단위를 포함하는 융합 단백질을 포함하고, 기존 접근법의 한계를 극복할 잠재력을 갖는 변형된 T 세포를 본원에서 제공한다. 추가적으로, 이들 변형된 T 세포는 내생성(endogenous) TCR (가령 TCR 알파, 베타 또는 이둘 모두)의 기능적 파괴를 보유할 수 있다. 이들 변형된 T 세포는 CARs과 필적할 수준의 또는 더 낮은 수준의 전-염증성 사이토킨을 방출하지만, 이보다는 더 효과적으로 표적 세포들을 사멸 시키는 능력을 보유할 수 있다. 이들 변형된 T 세포와 이를 이용하는 방법은 CARs과 비교하여 이들 세포에 더 이익을 제시할 수 있는데, 그 이유는 상승된 수준의 사이토킨은 채택성 CAR T 요법의 투여분량-제한 독성(dose-limiting toxicities)과 연관되기 때문이다.

[0010] T-세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)과 TCR 불변 도메인을 포함하는 변형된 T-세포, 이러한 변형된 T 세포들을 만드는 방법, 그리고 질환 치료용으로 이들을 이용하는 방법들이 본원에서 제공된다. 본원에서 기술된 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인, TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인, TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인, 또는 TCR 감마 불변 도메인 및 TCR 불변 도메인일 수 있다. 본원에서 기술된 TFP는 TCR 소단위 및 항체 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 본원에서 기술된 TFP는 TCR 소단위 및 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 상기 TCR 소단위는 TCR 쇄들 이를 테면, TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론, CD3 델타, 또는 CD3 감마중 임의의 것으로부터 유래될 수 있다. 상기 항체 또는 이의 단편은 뮤린, 인간, 또는 인간화된 것일 수 있다.

[0011] 한 측면에서, 본 명세서는 TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분과 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 항원 결합 도메인을 포함하는 항체를 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인이거나, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성(endogenous) TCR의 기능성 파괴(disruption)를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체(complex)로 기능적으로 편입된다.

[0012] 한 측면에서, 본 명세서는 TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분과 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인이거나, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 결합 리간드 또는 이의 단편 상기 항체 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0013] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265, 이의 기능성 단편들, 적어도 하나의 변형, 그러나, 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 감마의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이하다. 일부 구체예들에서, 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 링커를 통하여 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 델타의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이하다. 일부 구체예들에서, 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 링커를 통하여 작동가능하도록 연계된다.

[0014] 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열을 인코드하는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코드하는 서열은 TCR 감마 가변 도메인을 더 인코드하며, 이로써 전체(full) TCR 감마 도메인을 인코드하게 된다. 일부 구체예들에서, 상기 전체 TCR 감마 도메인은 감마 9 또는 감마 4이다. 일부 구체예들에서, 상기 전체 TCR 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265, 이의 기능성 단편들, 적어도 하나의 변형, 그러나, 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코드하는 서열은 TCR 델타 가변 도메인을 더 인코드하며, 이로써 전체 TCR 델타 도메인을 인코드하게 된다. 일부 구체예들에서, 상기 전체 TCR 델타 도메인은 델타 2 또는 델타 1이다. 일부 구체예들에서, 상기 전체 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 256, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타이다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 적어도 하나의 리더(leader) 서열과 적어도 하나의 링커를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인의 일부분, TCR 베타 도메인의 일부분, 또는 이 둘 모두를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 제 1 링커 서열, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커, 제 2 리더 서열, 제 2 항원 결합 도메인 서열, 제 2 링커 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRDC 유전자 서열, 제 1 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, TRGC 유전자 서열, 제 2 절단가능한 링커 서열, 제 3 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 CD3 입실론 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 제 1 항원 결합 도메인 서열, 제 1 링커 서열, TRDC 유전자 서열 또는 이의 단편, TRAC 유전자 서열 또는 이의 단편, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 제 2 항원 결합 도메인 서열, 제 2 링커 서열, TRGC 유전자 서열 또는 이의 단편, 및 TRBC 유전자 서열 또는 이의 단편을 포함한다.

[0015] 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 1에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 2에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 3에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 4에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 5에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 242에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 244에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 245에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 246에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 248에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 250에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 252에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 257에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 263에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 264에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다.

[0016] 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG4 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 뮤린, 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면 상에 있는 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16-결합

폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코드하는 핵산 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있다.

[0017] 또다른 측면에서, 본 명세서는 TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분과 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 결합 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인; 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 이때 상기 TCR 소단위 및 항원 결합 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0018] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 적어도 일부분 서열, 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인 모두의 일부분 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 리간드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포의 수용체에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 (response) 수용체 또는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질이다. 일부 구체예들에서, 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체이다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 CDR을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의 단편이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 인코드된 TFP 및 상기 인코드된 TCR 불변 도메인은 제 1 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 제 1 링커는 프로테아제 절단 부위를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 프로테아제 절단 부위는 2A, 가령, T2A 또는 P2A 절단 부위다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위 및 상기 항체 도메인, 상기 항원 결합 도메인 또는 상기 TFP의 결합 리간드 또는 이의 단편은 제 2 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 제 2 링커 서열은 (G4S)n이며, 이때 n=1 ~ 4. 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 델타, 또는 TCR 감마의 TCR 막경유 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 오로지 CD3 입실론, 오로지 CD3 감마, 오로지 CD3 델타, 오로지 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타에서만 유래된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개는 동일한 TCR 소단위로부터 유래된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 TCR 세포내 도메인를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 불변 도메인의 세포외 일부분, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내

도메인을 포함하거나, 또는 델타 불변 도메인, 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하는 상기 TCR 소단위는 감마 불변 도메인이거나, 또는 이를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP의 세포외 도메인은 감마 쇄 또는 델타 쇄의 가변 도메인을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인로부터 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하거나, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP의 TCR 소단위는 CD3 입실론의 세포외 도메인, 막경유 도메인 그리고 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 CD3 입실론의 TCR 소단위는 서열 식별 번호: 258의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다.

[0019] 일부 구체예들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 감마 불변 도메인, 상기 TCR 델타 불변 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 델타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 감마, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체는 항체 단편이다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인, VH 도메인 또는 VL 도메인이다. 일부 구체예들에서, 항원 결합 도메인은 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-CD20 결합 도메인, 항-CD70 결합 도메인, 항-79b 결합 도메인, 항-HER2 결합 도메인, 항-PMSA 결합 도메인, 항-MUC16 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFF 수용체 결합 도메인, 항-Nectin-4 결합 도메인, 항-TROP-2 결합 도메인, 항-GPC3 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 60의 CDR1, 서열 식별 번호: 61의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 62의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 63의 CDR1, 서열 식별 번호: 64의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 65의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 66의 CDR1, 서열 식별 번호: 67의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 68의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 69, 서열 식별 번호: 70, 또는 서열 식별 번호: 71의 서열에 대해 적어도 약 80% 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 73의 CDR1, 서열 식별 번호: 75의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 77의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 79의 CDR1, 서열 식별 번호: 81의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 83의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 85 및/또는 서열 식별 번호: 87의 서열에 대해 적어도 약 80% 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열과 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다.

[0020] 또다른 측면에서, 본 명세서는 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 항원 결합 도메인을 포함하는 항체 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열, 그리고 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이거나; 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인과 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0021] 또다른 측면에서, 본 명세서는 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분과 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이거나; 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인과 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0022] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타의 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 또는 서열 식별 번호: 207, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 알파 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인의 아미노산 2-137을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 아미노산 2-137을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 207의 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 아미노산 82-137을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17의 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 베타의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 알파 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상기 TCR 알파 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이하다. 일부 구체예에서, 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TCR 알파 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 링커를 통하여 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 또는 서열 식별 번호: 209, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, TCR 베타 불변 도메인은 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 상기 뮤린 TCR 베타 불변 도메인의 아미노산 2-173을 포함한다. 일부 구체예들에서, 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152아미노산 2-173을 포함한다. 일부 구체예들에서, 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 209를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 아미노산 123-173을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 알파의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상기 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이하다. 일부 구체예에서, 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 링커를 통하여 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인과 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 또는 서열 식별 번호: 207, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 또는 서열 식별 번호: 209, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타이다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론이다.

[0023] 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRBC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRBC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커,

및 TRBC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, 및 TRBC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRAC 유전자 서열, 제 1 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, TRBC 유전자 서열, 제 2 절단가능한 링커 서열, 제 3 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 CD3 입실론 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 10에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 204에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 206에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 210에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 211에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 217에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 218에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 219에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 220에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 259에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 261에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 262에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 적어도 하나의 리더 서열과 적어도 하나의 링커를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG4 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 뮤린, 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면 상에 있는 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16-결합 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코드하는 핵산 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있다.

[0024] 또다른 측면에서, 본 명세서는 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분과 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 결합 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며; 이때 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이거나; 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인과 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항원 결합 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0025] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타의 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 상기 세포외 TCR 알파 불변 도메인의 일부분 또는 TCR 베타 불변 도메인, 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 적어도 일부분 서열, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인 모두의 적어도 일부분 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 리간드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포의 수용체에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 수용체 또는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질이다. 일부 구체예들에서, 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체이다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는

다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 CDR을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의 단편이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR 복합체로 통합된다 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP 및 상기 TCR 불변 도메인은 제 1 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 제 1 링커는 프로테아제 절단 부위를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 프로테아제 절단 부위는 2A, 가령, T2A 또는 P2A 절단 부위다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위 및 상기 항체 도메인, 상기 항원 결합 도메인 또는 상기 TFP의 결합 리간드 또는 이의 단편은 제 2 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 제 2 링커 서열은 (G4S)n이며, 이때 n=1 ~ 4이다. 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 TCR 알파 또는 TCR 베타, 가령, 뮤린 TCR 알파 또는 TCR 베타의 TCR 막경유 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 알파 또는 TCR 베타의 TCR 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 불변 도메인 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 세포외 일부분, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 막경유 도메인, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 막경유 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 TCR 세포내 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 또는 알파 불변 도메인이거나 이를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 또는 서열 식별 번호: 207의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하는 인코드된 TCR은 베타 불변 도메인이거나, 또는 이를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 또는 서열 식별 번호: 209의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위의 세포외 도메인은 알파 쇄 또는 베타 쇄의 가변 도메인을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인로부터 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하거나, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP의 TCR 소단위는 CD3 입실론의 세포외 도메인, 막경유 도메인 그리고 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 CD3 입실론의 TCR 소단위는 서열 식별 번호: 258의 서열, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다.

[0026] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다;

[0027] 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다; 또는 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0028] 일부 구체예들에서, 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체는 항체 단편이다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인, VH 도메인 또는 VL 도메인이다. 일부 구체예들에서, 항원 결합 도메인은 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-CD20 결합 도메인, 항-CD70 결합 도메인,

항-79b 결합 도메인, 항-HER2 결합 도메인, 항-PMSA 결합 도메인, 항-MUC16 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFF 수용체 결합 도메인, 항-Nectin-4 결합 도메인, 항-TROP-2 결합 도메인, 항-GPC3 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 60의 CDR1, 서열 식별 번호: 61의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 62의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 63의 CDR1, 서열 식별 번호: 64의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 65의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 66의 CDR1, 서열 식별 번호: 67의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 68의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-MSLN 결합 도메인은 서열 식별 번호: 69, 서열 식별 번호: 70, 또는 서열 식별 번호: 71의 서열에 대해 적어도 약 80% 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 73의 CDR1, 서열 식별 번호: 75의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 77의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 79의 CDR1, 서열 식별 번호: 81의 CDR2, 그리고 서열 식별 번호: 83의 CDR3을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-CD19 결합 도메인은 서열 식별 번호: 85 및/또는 서열 식별 번호: 87의 서열에 대해 적어도 약 80% 동일성을 갖는 서열을 포함한다.

[0029] 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 DNA 및 RNA로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 mRNA이다. 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 circRNA이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 핵산 유사체를 포함하고, 이때 상기 핵산 유사체는 상기 재조합 핵산의 인코딩 서열에 존재하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 핵 유사체는 다음으로 구성된 군에서 선택된다: 2'-O-메틸, 2'-O-메톡시에틸 (2'-O-MOE), 2'-O-아미노프로필, 2'-데옥시, T-데옥시-2'-플로오르, 2'-O-아미노프로필 (2'-O-AP), 2'-O-디메틸아미노에틸 (2'-O-DMAOE), 2'-O-디메틸아미노프로필 (2'-O-DMAP), T-O-디메틸아미노에틸옥시에틸 (2'-O-DMAEOE), 2'-O-N-메틸아세트아미도 (2'-O-NMA) 변형된, 잠김 핵산 (LNA), 에틸렌 핵산 (ENA), 펩티드 핵산 (PNA), 1',5'-무수헥시톨 핵산 (HNA), 몰포리노, 메틸포스포네이트 뉴클레오티드, 티올포스포네이트 뉴클레오티드, 그리고 2'-플루오르 N3-P5'-포스포라미디트. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 리더 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 프로모터 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 poly(A) 꼬리를 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 3'UTR 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 단리된 핵산 또는 자연 발생적이 아닌 핵산이다. 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 시험관내 전사된 핵산이다. 또다른 측면에서, 본 명세서는 상기 재조합 핵산을 포함하는 벡터를 제공한다. 일부 구체예들에서, 상기 벡터는 DNA, RNA, 플라스미드, 렌티바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터, 아데노-연합된 바이러스 벡터 (AAV), Rous 육종 바이러스 (RSV) 벡터, 또는 레트로바이러스 벡터로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 벡터는 AAV6 벡터이다. 일부 구체예들에서, 상기 방법은 프로모터를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 벡터는 시험관내 전사된 벡터이다.

[0030] 또다른 측면에서, 본 명세서는 상기 재조합 핵산, 또는 상기 벡터를 포함하는 변형된 T 세포를 제공하며, 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함한다.

[0031] 또다른 측면에서, 본 명세서는 상기 TFP를 인코딩하는 핵산 서열, 또는 상기 TFP를 인코드하는 핵산 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 T 세포를 제공하며, 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함한다.

[0032] 또다른 측면에서, 본 명세서는 상기 TFP를 인코딩하는 서열 또는 상기 TFP를 인코드하는 핵산 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 동종이계(allogenic) T 세포를 제공한다.

[0033] 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 이종성(heterologous) 서열을 더 포함하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 이종성 서열을 더 포함하고, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인, 가령, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 불변 도메인 또는 상기 TCR 알파 불변 도메인 및 상기 TCR 베타 불변 도메인은 뮤린 TCR 불변 도메인, 가령, 뮤린 TCR 알파 불변 도메인, 뮤린 TCR 베타 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 및 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 내생성 TCR 알파 쇄, 내생성 TCR 베타 쇄, 또는 내생성 TCR 알파 쇄 및 내생성 TCR 베타 쇄이다. 일부 구체예들에서, 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하여, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소된다. 일부 구체예들에서, 상기 기능성 파괴는 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴를 말한다. 일부 구체예들에서, 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴란 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자 서열을 이 T 세포의 게놈으로부터

제거함을 말한다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 CD4 세포들, CD8 세포들, 나이브 T-세포들, 기억 줄기 T-세포들, 중추 기억 T- 세포들, 이중 음성 T-세포들, 작동체 기억 T-세포들, 작동체 T-세포들, Th0 세포들, Tc0 세포들, Th1 세포들, Tc1 세포들, Th2 세포들, Tc2 세포들, Th17 세포들, Th22 세포들, 알파/베타 T 세포들, 감마/델타 T 세포들, 천연 킬러 (NK) 세포들, 천연 킬러 T (NKT) 세포들, 조혈 줄기 세포들 및 다능성 줄기 세포들로부터 선택된 인간 T 세포다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 CD8+ 또는 CD4+ T 세포이다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 동종이계 T 세포이다. 일부 구체예들에서, 상기 방법은 세포내 신호생성 도메인의 양성 신호를 포함하는 제 2 폴리펩티드와 연합된, 저해성 분자의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드를 포함하는 저해성 분자를 인코드하는 핵산을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 저해성 분자는 PD1의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드와 공동자극 도메인과 일차(primary) 신호생성 도메인을 포함하는 제 2 폴리펩티드를 포함한다.

[0034] 또다른 측면에서, 본 명세서는 다음을 포함하는 약제학적 조성물을 제공한다: 상기 변형된 T 세포; 그리고 약제학적으로 수용가능한 담체.

[0035] 또다른 측면에서, 본 명세서는 상기 변형된 T 세포를 만드는 방법을 제공하며, 상기 방법은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR 유전자를 파괴하고; 이로써 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포가 만들어지고; 그리고 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포에 상기 재조합 핵산 또는 상기 벡터를 형질도입시키는 것을 포함한다.

[0036] 일부 구체예들에서, 상기 방법은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 유전자를 표적으로 하는 뉴클레아제 단백질 또는 뉴클레아제 단백질을 인코딩하는 핵산 서열로 상기 T 세포를 형질도입시키는 것을 포함하는 파괴를 포함한다.

[0037] 또다른 측면에서, 본 명세서는 상기 변형된 T 세포를 만드는 방법을 제공하며, 상기 방법은 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포에 재조합 핵산, 또는 벡터를 형질도입시키는 것을 포함한다.

[0038] 일부 구체예들에서, 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포이다.

[0039] 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 인간 T 세포이다.

[0040] 일부 구체예들에서, 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포는 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하였을 때, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소되었다.

[0041] 일부 구체예들에서, 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제, 아연-핑거 뉴클레아제 (ZFN), 전사 활성화제-유사 작동체 뉴클레아제 (TALEN), CRISPR/Cas 뉴클레아제, 또는 megaTAL 뉴클레아제이다.

[0042] 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산 또는 상기 벡터에 포함된 서열은 내생성 TCR 소단위 유전자의 절단 부위로 삽입되고, 이때 이 내생성 TCR 소단위 유전자로 이러한 서열의 삽입으로 인하여, 당해 내생성 TCR 소단위는 기능적으로 파괴된다.

[0043] 일부 구체예들에서, 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제다.

[0044] 일부 구체예들에서, 상기 메가뉴클레아제는 제 1 소단위와 제 2 소단위를 포함하는데, 이때 상기 제 1 소단위는 인지 서열의 제 1 인지 절반-부위에 결합하고, 그리고 상기 제 2 소단위는 당해 인지 서열의 제 2 인지 절반-부위에 결합한다.

[0045] 일부 구체예들에서, 상기 메가뉴클레아제는 링커를 포함하는 단일-쇄 메가뉴클레아제이며, 이때 상기 링커는 상기 제 1 소단위와 제 2 소단위를 공유적으로 연결한다.

[0046] 또다른 측면에서, 본 명세서는 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법을 제공하며, 이 방법은 당해 대상체에게 약제학적 조성물의 치료요법적으로 유효량을 투여하는 것을 포함한다.

[0047] 또다른 측면에서, 본 명세서는 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 (a) 본원에 기술된 방법에 따라 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 담체를 포함하는 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다.

[0048] 또다른 측면에서, 본 명세서는 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 (a) 본원에 기술된 방법에 따라 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 담체를 포함하는 약제학

적 조성물을 투여하는 것을 포함한다.

[0049] 일부 구체예들에서, 상기 변형된 T 세포는 동종이계(allogeneic) T 세포이다. 일부 구체예들에서, 변형안된 대조군 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산, 또는 상기 벡터를 포함하는 변형된 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 구체예들에서, 상기 방법은 상기 약제학적 조성물의 효과를 증가시키는 작용제(agent)와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 방법은 상기 약제학적 조성물와 연합된 하나 또는 그 이상의 부작용을 경감시키는 작용제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 암은 고형 암, 림프종 또는 백혈병이다. 일부 구체예들에서, 상기 암은 신장 세포 암종, 유방암, 폐암, 난소암, 전립선암, 결장암, 자궁경부암, 뇌암, 간암, 췌장암, 콩팥 및 위암으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 본원에서 기술된 TFP를 발현시키는 자가 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 구체예들에서, 상기 방법은 이식편 대 숙주 질환을 유도하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 대상체는 본원에서 기술된 TFP를 발현시키는 자가 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 이식편 대 숙주 질환이 발생될 위험이 적다.

[0050] 또다른 측면에서, 본 명세서는 약물로써 또는 약물 제조에 사용하는 용도로 상기 재조합 핵산, 상기 벡터, 상기 변형된 T 세포, 또는 상기 약제학적 조성물을 제공한다.

[0051] **참고문헌으로 포함**

[0052] 본 명세서에 언급된 모든 간행물 및 특허 출원은 각각의 개별 간행물 또는 특허 출원이 구체적으로 및 개별적으로 참조로 포함되도록 지시된 것과 동일한 정도로 본 명세서에 참조 문헌으로 인용된다.

도면의 간단한 설명

[0053] **도면의 간단한 설명**

도 1은 TRA-편집된 세포 (좌측), 그리고 TRB-편집된 세포 (우측)에서 CD3 (SK7) 대비 TCRαβ (IP26)의 표면 발현을 나타내는 일련의 그래프다. TRA 표면 발현 또는 TRB 표면 발현을 파괴하기 위하여, 야생형 Jurkat 세포들은 TRAC 또는 TRBC 유전자에서 편집되었다. CD3 및 TCRαβ에 대하여 음성인 세포들은 자기-활성화된 세포 분류법(Magnetic-Activated Cell Sorting)(MACS)을 이용하여 정제되었다. 플롯 상의 게이트(gates)는 CD3 및 TCRαβ 음성-음성 세포 집단을 묘사하기 위하여 그려진 것이며, 각 사분면에 남아있는 세포의 백분율은 코너에 나타낸다.

도 2는 TRA-/- (좌측) 및 TRB-/- (우측) Jurkat 세포에서 CD3 (SK7) 대비 TCRαβ (IP26)의 표면 발현을 나타내는 일련의 그래프다. 왼쪽에서 첫 번째 패널은 형질도입되지-않은 음성 대조군이다. 두 번째 패널은 TCRβ 전장 TFP로 형질도입된 TRB-/- 세포를 보여준다. 세 번째 및 네 번째 패널은 TCRγδ TFP 구성물로 형질도입된 TRA-/- 및 TRB-/-를 보여준다.

도 3은 동종이계 TFP T 세포들을 만들기 위한 다양한 전략을 도시한다.

도 4는 동종이계 TFP T 세포들을 만들 때 이용된 구조체들의 요소들을 보여주는 도식이다.

도 5는 야생형 세포들, 그리고 TRAC 편집된, 형질도입-안된 T 세포와 대비하여, TRAC 유전자좌(locus)의 편집 후, TCRγδ TFP 구조체들로 형질도입된 T 세포에서 CD3 대비 TCRαβ의 표면 발현을 나타내는 일련의 그래프다. 상기 그래프는 MACS 정제 전, 세포 집단을 나타낸다.

도 6은 야생형 세포들, 그리고 TRAC 편집된, 형질도입-안된 T 세포와 대비하여 TRAC 좌의 편집 후, TCRγδ TFP 구조체들로 형질도입된 T 세포에서 CD3 대비 TCRαβ의 표면 발현을 나타내는 일련의 그래프다. 상기 그래프는 MACS 정제 후, 세포 집단을 나타낸다.

도 7은 동종이계 TFP 형질도입된 T 세포 (TFP+)의 표면 발현을 나타내는 일련의 그래프다. 좌측-패널은 TCRγδ TFP 구성체로 형질도입된 T 세포의 TFP+ 백분율을 보여준다. 우측-패널은 형질도입-안된 대조군 세포와 비교하였을 때, TCRβ 전장의 양성 대조군 구조체들로 형질도입된 T 세포의 TFP+ 백분율을 나타낸다.

도 8은 TCRβ 전장 양성 대조군 구조체들로 형질도입된 T 세포와 비교하였을 때, TCRγδ TFP 구조체들로 형질도입된 T 세포 안에 CD4 집단 대비 CD8 집단의 표면 발현을 나타내는 일련의 그래프다.

도 9는 TCRβ 전장 양성 대조군 구조체들로 형질도입된 T 세포와 비교하였을 때, TCRɣδ TFP 구조체들로 형질도입된 CD4 또는 CD8 T 세포에서 CD45RA 집단 대비 CCR7 집단의 표면 발현을 나타내는 일련의 그래프다.

도 10은 종양 표적 세포를 3-대-1, 1-대-1, 또는 1-대-3 및 1-대-9 비율로 배양된 동종이계 T 작동체 세포의 Luc-Cyto 분석을 보여주는 두 개 그래프다. 표적 Nalm-6 (CD19 양성) 세포들은 좌측 패널에 나타내고, CD19 음성 세포들 (K562 세포들)은 우측 패널에 나타낸다. x-축은 종양 세포 용해(lysis) 백분율을 나타낸다.

도 11은 도 10의 Nalm-6 공동-배양 분석에서 취한 상층액의 사이토카인 분비(pg/mL)를 보여주는 4개의 그래프다. 그래프는 GM-CSF, IFNɣ, IL2 및 TNFα에 대한 사이토킨 분비를 나타낸다.

도 12는 TRAC 또는 TRBC 편집된 세포들에서 TFP 구조체들을 보여주는 개략도이며, 그리고 TCR이 이 구조체의 발현으로 재구성되는 지의 여부를 나타낸다. 도 12에서는 뮤린 TCRα 또는 TCRβ TFP 구조체들은 상기 TCR을 재구성시킬 수 있고, 인간 TCRɣ 또는 TCRδ TFP 구조체들은 상기 TCR을 재구성시킬 수 있음을 보여준다.

도 13A 및 **13B**는 인간 TCRβ TFP 구조체들의 세포 표면 발현을 보여준다. 도 13A는 도 13B에서 발현된 구조체들을 보여주는 개략도다. 인간 항-CD19 TCRβ TFP 및 인간 항-CD19 TCRβ(불변 도메인) TFP를 나타낸다. 도 13B는 도 13A의 구조체들로 형질도입된 TRBC 녹아웃(knockout) Jurkat 세포에서 CD3 대비 TCRαβ의 표면 발현을 보여준다.

도 14는 다음의 표면 발현을 보여주는 일련의 그래프들이다: 나타낸 구조체들로 형질도입된 TRAC 녹아웃 T 세포들에서, 정제-전 (i) SSC-A 대비 CD19; (ii) CD3 대비 TCRαβ, 그리고 정제-후 (i) SSC-A 대비 CD19; (ii) CD3 대비 TCRαβ; (iii)CD4 대비 CD8; 그리고 (iv) CD45RA 대비 CCR7. TRAC는 항-CD19-CD3ε로 형질도입된 세포에서 녹아웃되지 않았다.

도 15는 좌측에서 우측 방향으로, 3-대-1, 1-대-1, 또는 1-대-3 및 1-대-9 비율로 종양 표적 세포와 배양된, 보여진 구조체들로 형질도입된 TRAC 녹아웃 T 세포들의 Luc-Cyto 분석을 보여주는 일련의 그래프들이다. TRAC는 항-CD19-CD3ε로 형질도입된 세포에서 녹아웃되지 않았다. 표적 Nalm-6 (CD19 양성) 세포들은 상부 패널에 나타내고, CD19 음성 세포들 (K562 세포들)은 하부 패널에 나타낸다. x-축은 종양 세포 용해 백분율을 나타낸다.

도 16은 좌측에서 우측 방향으로, 3-대-1, 1-대-1, 또는 1-대-3 및 1-대-9 비율로 종양 표적 세포와 배양된, 도 15의 동종이계 T 작동체 세포의 Nalm-6 공동-배양 분석에서 취한 상층액의 사이토킨 분비 (pg/mL)를 보여주는 일련의 그래프들이다. 그래프는 GM-CSF, IFNɣ, IL2 및 TNFα에 대한 사이토킨 분비를 나타낸다.

도 17은 (좌측에서 우측 방향으로) HLA-매치-안된 수지상 세포들 없이, 또는 이들과 함께, 나타낸 구조체들로 형질도입된 TRAC 녹아웃 T 세포의 GM-CSF 및 IFNɣ의 분비 (pg/mL)를 보여주는 일련의 그래프들이다. TRAC는 항-CD19-CD3ε로 형질도입된 세포에서 녹아웃되지 않았다.

도 18A-18C는 나타낸 구조체들로 형질도입된 TRAC 녹아웃 T 세포를 주사한 Nalm6-luc 종양 마우스 모델에서 발광 측정에 의해 종양 부하를 보여주는 일련의 그래프다. TRAC는 항-CD19-CD3ε로 형질도입된 세포에서 녹아웃되지 않았다.

도 19는 도 18에서 나타낸 생체내 검정에서 양을 품고 있지 않은 마우스의 간으로 CD7+ 세포들의 침윤을 보여준다. 마우스 간에서 CD45RA 대비 CD7의 표면 발현을 나타내고, 상기 뮤린 간에서 CD7 발현의 면역조직화학을 나타낸다.

도 20은 좌측에서 우측 방향으로, 3-대-1, 1-대-1, 또는 1-대-3 비율로 종양 표적 세포와 배양된, 보여진 구조체들로 형질도입된 TRAC 녹아웃 T 세포들의 Luc-Cyto 분석을 보여주는 일련의 그래프들이다. 표적 Nalm-6 (CD19 양성) 세포들은 좌측 패널에 나타내고, CD19 음성 세포들 (K562 세포들)은 우측 패널에 나타낸다. x-축은 종양 세포 용해 백분율을 나타낸다.

도 21은 좌측에서 우측 방향으로, 3-대-1, 1-대-1, 또는 1-대-3 비율로 종양 표적 세포와 배양된, 도 20의 동종이계 T 작동체 세포의 Nalm-6 공동-배양 분석에서 취한 상층액의 사이토킨 분비 (pg/mL)를 보여주는 일련의 그래프들이다. 그래프는 GM-CSF, IFNɣ, IL2 및 TNFα에 대한 사이토킨 분비를 나타낸다.

도 22는 좌측에서 우측 방향으로, 3-대-1, 1-대-1, 또는 0.1:1 비율로 종양 표적 세포와 배양된, 보여진 구조체들로 형질도입된 TRAC 녹아웃 T 세포들의 Luc-Cyto 분석을 보여주는 일련의 그래프들이다. 표적 Nalm-6 (CD19 양성) 세포들은 좌측 패널에 나타내고, CD19 음성 세포들 (K562 세포들)은 우측 패널에 나타낸다. x-축은 종양 세포 용해 백분율을 나타낸다.

도 23은 좌측에서 우측 방향으로, 3-대-1, 1-대-1, 또는 0.1:1 비율로 종양 표적 세포와 배양된, 도 20의 동종이계 T 작동체 세포의 Nalm-6 공동-배양 분석에서 취한 상층액의 사이토킨 분비 (pg/mL)를 보여주는 일련의 그래프들이다. 그래프는 GM-CSF, IFNγ, IL2 및 TNFα에 대한 사이토킨 분비를 나타낸다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0054] **발명의 상세한 설명**

[0055] 일부 구체예들에서, (a)(i)(1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고 (2) 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항원 결합 도메인을 포함하는 항체를 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 백신을 기술하며; 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인이거나이며, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0056] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인이거나, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0057] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고 (2) 막경유 도메인을 포함하는TCR 소단위, 그리고 (ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 결합 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열, 그리고 (b) TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에서 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인이거나; 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항원 결합 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0058] 일부 구체예에서, (a) (i) (1) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고 (2) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항원 결합 도메인을 포함하는 항체 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열, 그리고 (b) TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이거나; 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인과 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0059] (a) (i) (1) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분, 그리고 (2) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인(들)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에서 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이거나; 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인과 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0060] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타를 포함하는 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인로부터 자극 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 인간 또는 인간화된 항원 결합 도메인을 포함하는 항체를 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b)

TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에서 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 델타 불변 도메인 및 TCR 감마 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0061] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타를 포함하는 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 자극 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코드하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 본원에서 기술하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0062] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타를 포함하는 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 자극 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코드하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에서 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항원 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0063] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타를 포함하는 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 자극 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 인간 또는 인간화된 항원 결합 도메인을 포함하는 항체를 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0064] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타를 포함하는 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 자극 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에서 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0065] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타를 포함하는 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 자극 도메인을 포함하는 TCR 소분자, 그리고 (ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코드하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 제공되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0066] 일부 구체예들에서, 본원에 기술된 상기 재조합 핵산을 포함하는 벡터가 본원에서 기술된다.

[0067] 일부 구체예들에서, 본원에서 기술된 재조합 핵산, 또는 본원에서 기술된 벡터를 포함하는 변형된 T 세포가 본원에서 기술되며; 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능적 파괴를 포함한다.

[0068] 일부 구체예들에서, 본원에서 기술된 핵산의 TFP를 인코딩하는 서열, 또는 본원에서 기술된 핵산의 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 T 세포를 본원에서 개시하며,이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능적 파괴를 포함한다.

[0069] 일부 구체예들에서, 본원에서 개시된 TFP를 인코딩하는 서열 또는 본원에서 개시된 핵산 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 동종이계 T 세포들이 본원에서 개시된다.

[0070] 일부 구체예들에서, (a) 본원의 변형된 T 세포들; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 운반체를 포함하는 약제학적 조성물들이 본원에서 개시된다.

[0071] 일부 구체예들에서, 본 명세서의 변형된 T 세포를 만드는 방법들이 본원에서 개시되는데, 상기 방법은 다음을 포함한다: (a) TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR 유전자를 파괴하고; 이로 인하여 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포가 만들어지고; 그리고 (b) 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포로 본원의 재조합 핵산, 또는 본원에서 개시된 벡터를 형질도입시킨다.

[0072] 일부 구체예들에서, 본 명세서의 변형된 T 세포를 만드는 방법들이 본원에서 더 개시되는데, 상기 방법은 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포로 본원에서 개시된 재조합 핵산, 또는 본원에서 개시된 벡터를 형질도입시키는 것을 포함한다.

[0073] 일부 구체예들에서, 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법들이 본원에서 개시되며, 상기 방법은 당해 대상체에게 본원에서 개시된 약제학적 조성물들의 치료요법적으로 유효량을 투여하는 것을 포함한다.

[0074] 일부 구체예들에서, 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법들을 본원에서 개시하는데, 상기 방법은 당해 대상체에게 (a) 본원에서 개시된 방법에 따라 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 운반체를 포함하는 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다.

[0075] *특정 용어*

[0076] 명시적으로 다른 언급이 없는 한, 본 명세서에서 이용된 모든 기술적 그리고 과학적 용어는 본 발명에 속하는 당업계 숙련자들에 의해 공통적으로 이해되는 것과 동일한 의미를 가진다.

[0077] 용어 단수 관사("a" 및 "an")은 당해 글의 문법적 대상의 하나 또는 하나 이상 (가령, 적어도 하나)을 지칭한다. 예를 들어, "요소"는 하나의 요소 또는 하나 이상의 요소를 의미한다.

[0078] 본원에서 사용된 바와 같이, "약(about)"이란 당업자에게 인지된 또는 인지가능한 여부 및 상황에 따라, 플러스 또는 마이너스 1 미만, 또는 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 25, 30, 또는 30 퍼센트 이상을 의미한다.

[0079] 본원 명세서에서 사용된 바와 같이, "대상체(subject)" 또는 "대상체들" 또는 "개체들(individuals)"이란 인간 또는 인간이 아닌 포유류와 같은 포유동물, 예를 들어, 가축, 농업용 동물 또는 야생 동물, 뿐만 아니라, 조류 및 수생 동물을 포함하지만, 이에 국한되지 않는다. "환자들"은 질환, 장애 또는 병태를 앓고 있거나 또는 발병 위험이 있거나 또는 그렇지 않으면, 본원에 제공된 조성물 및 방법을 필요로 하는 대상체들이다.

[0080] 본원에서 사용된 바와 같이, "치료하는" 또는 "치료"는 질환 또는 병태의 치료 또는 개선에서 성공을 나타내는 임의의 표시를 지칭한다. 치료는 예를 들어, 질환 또는 병태의 하나 또는 그 이상의 증상의 심각성을 감소, 지연 또는 완화시키는 것이 내포될 수 있거나, 또는 환자가 경험하는 질환, 결함, 장애 또는 불리한 상태 및 이와 유사한 것들의 증상이 나타나는 빈도를 줄이는 것이 내포될 수 있다. 본원에서 사용된 바와 같이, "치료 또는 예방"은 때때로 질환 또는 병태의 일부 수준의 치료 또는 개선을 초래하는 방법을 지칭하기 위해 본원에서 사용되며, 이러한 병태를 완전히 예방하는 것을 비롯한, 그러나 이에 국한되지 않는 범위의 결과들이 고려된다.

[0081] 본원에서 사용된 바와 같이, "예방"은 환자에서 질환 또는 병태, 예를 들어, 종양 형성의 예방을 지칭한다. 예를 들어, 종양 또는 다른 형태의 암이 발생할 위험이 있는 개체가 본 개시 내용의 방법으로 치료되고, 이후 종양 또는 다른 형태의 암이 발생하지 않는다면, 이 질환은 적어도 당해 개체에서 일정 기간에 걸쳐 예방되었다.

[0082] 본원에서 사용된 바와 같이, "치료요법적 유효량"이란 당해 조성물이 투여된 개체에서 유익한 효과를 제공하기에 충분한, 또는 그렇지 않으면 이러한 개체에서 유해한 비-유익한 효과를 감소시키기에 충분한 당해 조성물 또는 이의 활성 성분의 양을 말한다. 본원에서 "치료요법적 효과적인 투여분량"이란 주어진 기간에 걸쳐 일회 또는 그 이상의 횟수로 투여될 때, 이러한 투여에 대한 한 가지 또는 그 이상의 원하는 또는 바람직한(가령, 유익

한) 효과를 만들어내는 투여분량(dose)을 의미한다. 정확한 투여분량은 치료 목적에 따라 다르며, 공지된 기술을 사용하여 당업자가 확인할 수 있다 (*가령*, Lieberman, Pharmaceutical Dosage Forms (vols. 1-3, 1992); Lloyd, *The Art, Science and Technology of Pharmaceutical Compounding* (1999); 그리고 Pickar, *Dosage Calculations* (1999) 참고)

[0083] 본원에서 사용된 바와 같이, "T 세포수용체 (TCR) 융합 단백질" 또는 "TFP"에는 일반적으로, i) 표적 세포들 상의 표면 항원에 결합할 수 있고, 그리고 ii) T 세포의 표면 또는 표면 상에 공동-위치될 때, 전형적으로 무손상 (intact) TCR 복합체의 다른 폴리펩티드 성분들과 상호작용할 수 있는 TCR을 포함하는 각종 폴리펩티드로부터 유래된 재조합 폴리펩티드가 내포된다.

[0084] 용어 "자극(stimulation)"이란 자극 도메인 또는 자극 분자 (가령, TCR/CD3 복합체)가 이의 동계(cognate) 리간드에 결합함으로써 유도된 일차(primary) 반응을 지칭하고, 이로 인하여 신호 변환 사건, 이를 테면, 상기 TCR/CD3 복합체를 통한 신호 변환이 내포되나, 이에 국한되지 않은 사건을 중재한다. 자극은 특정 분자의 변경된 발현 및/또는 세포골격 구조의 재구성 및 이와 유사한 것 등을 중재할 수 있다.

[0085] 용어 "자극 분자(stimulatory molecule)" 또는 "자극 도메인(stimulatory domain)"이란 T 세포에 의해 발현되는 분자 또는 이의 일부분을 지칭하는데, 이는 상기 T 세포신호생성 경로의 적어도 일부 측면에 대하여 자극 방식으로 TCR 복합체의 일차 활성화를 조정하는 일차 세포질 신호생성 서열(들)을 제공한다. 하나의 측면에서, 상기 일차 신호는 예를 들면, TCR/CD3 복합체가 펩티드가 적재된(loaded) MCH 분자에 결합함으로써 개시되며, 그리고 이로써 증식, 활성화, 분화, 그리고 이와 유사한 것들을 포함하나, 이에 국한되지 않는 T 세포 반응의 조정으로 이어진다. 자극 방식으로 작용하는 일차 세포질 신호생성 서열 (일명 "일차 신호생성 도메인"으로도 지칭됨)은 면역수용체 티로신-기반의 활성화 모티프 또는 "ITAM"으로 공지된 신호생성 모티프를 내포할 수 있다. 본 발명에서 특히 사용되는 일차 세포질 신호 전달 서열을 포함하는 ITAM의 예로는 TCR 제타, FcR 감마, FcR 베타, CD3 감마, CD3 델타, CD3 입실론, CD5, CD22, CD79a, CD79b, CD278 (일명 "ICOS"으로도 공지됨) 및 CD66d로부터 유도된 것들이 내포되나, 이에 국한되지 않는다.

[0086] 용어 "항원 제시 세포(antigen presenting cell)" 또는 "APC"는 세포 표면에서 주요 조직접합성 복합체들(MHC's)과 복합된 외래(foreign) 항원을 도시하는 보조 세포(가령, B-세포, 수지상 세포 및 이와 유사한 것들)을 지칭한다. T 세포들은 이들의 T 세포 수용체들 (TCRs)을 이용하여 이들 복합체를 인지할 수 있다. APCs는 항원들을 처리하고, 이들을 T 세포들에게 제시한다.

[0087] "주요 조직적합성 복합체 (MHC) 분자들은 펩티드:MHC 복합체의 일부분으로써, TCRs에 전형적으로 결합된다. 상기 MHC 분자는 MHC 클래스 I 또는 II 분자일 수 있다. 상기 복합체는 항원 제시 세포, 이를 테면, 수지상 세포 또는 B 세포, 또는 암 세포들을 비롯한 임의의 다른 세포의 표면 상에 있을 수 있거나, 또는 예를 들면, 비드 또는 플레이트 상에 피복시킴으로써 고정될 수 있다.

[0088] 상기 인간 백혈구 항원 시스템 (HLA)은 유전자 복합체의 이름이며, 인간에서 주요 조직접합성 복합체 (MHC)를 인코드하고, HLA 클래스 I 항원들 (A, B & C) 및 HLA 클래스 II 항원들 (DP, DQ, & DR)이 내포된다. HLA 대립유전자(alleles) A, B 및 C는 세포내 단백질들로부터 주로 유래된 펩티드, 가령, 당해 세포 안에서 발현되는 단백질들을 제시한다.

[0089] *생체내* T 세포 발생 동안, T 세포들은 자가 MHCs의 인식을 보장하기 위해 양성(positive) 선택 단계를 거친 후, 자가-항원을 제시하는 MHC에 너무 강하게 결합하는 T 세포를 제거하는 음성(negative) 단계를 거친다. 결과적으로, 특정 T 세포들과 이들이 발현시키는 TCRs은 특정 유형의 MHC 분자 (가령, 특정 HLA 대립유전자에 의해 인코드된 것)에 의해 제시된 펩티드 만을 인지할 것이다. 이를 HLA 제한(restriction)이라고 한다.

[0090] 관심대상의 HLA 대립유전자 중 하나는 HLA-A*0201이며, 이는 Caucasian 집단의 대다수 (> 50%)에서 발현된다. 따라서, HLA-A*0201 (즉, HLA-A*0201 제한됨)에 의해 인코드된 MHC에 의해 제시되는 WT1 펩티드에 결합하는 TCRs은 이러한 TCRs을 사용하는 면역요법이 Caucasian 집단의 많은 비율을 치료하는 데 적합할 것이기 때문에, 유리하다.

[0091] 기타 관심대상의 HLA-A 대립유전자는 HLA-A*0101, HLA-A*2402, 그리고 HLA-A*0301이다.

[0092] 광범위하게 발현된 관심대상의 HLA-B 대립유전자는 HLA-B*3501, HLA-B*0702 및 HLA-B*3502이다.

[0093] "세포내 신호생성 도메인(intracellular signaling domain)"이란 용어가 본원에서 이용될 때, 이는 분자의 세포내 부분을 지칭한다. 상기 세포내 신호생성 도메인은 상기 TFP 함유 세포, *가령*, 변형된 T-T 세포의 면역 작동

체 기능을 촉진시키는 신호를 만들어낸다. 가령, 변형된 T-T 세포에서 면역 작동체 기능의 예로는 사이토킨 분비를 포함한, 세포 용해 활성 및 T 헬퍼(helper) 세포 활성을 포함한다. 구체예에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 일차 세포내 신호생성 도메인을 포함할 수 있다. 예시적인 일차 세포내 신호생성 도메인에는 일차 자극, 또는 항원 의존적 자극을 담당하는 분자들로부터 유래된 것들이 내포된다. 구체예에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 공동-자극 세포내 도메인을 포함할 수 있다. 예시적인 공동-자극 세포내 신호생성 도메인에는 공동자극 신호들, 또는 항원 독립적인 자극을 담당하는 분자들로부터 유래된 것들이 내포된다.

[0094] 일차 세포내 신호생성 도메인은 ITAM ("면역수용체 티로신-기반 활성화 모티프')을 포함할 수 있다. 일차 세포질 신호생성 서열을 함유하는 ITAM의 예로는 CD3 제타, FcR 감마, FcR 베타, CD3 감마, CD3 델타, CD3 입실론, CD5, CD22, CD79a, CD79b, 그리고 CD66d DAP10 및 DAP12로부터 유래된 것들이 포함되나, 이에 국한되지 않는다.

[0095] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "공동-자극 분자(costimulatory molecule)"란 공동자극 리간드에 특이적으로 결합하고, 이로써 T 세포의 공동자극 반응, 이를 테면, 증식을 포함하나, 이에 국한되지 않는 반응을 조정하는, T 세포 상의 동계 결합 짝을 지칭한다. 공동자극 분자들은 항원 수용체들 또는 이들의 리간드를 제외한 세포 표면 분자로써, 효과적인 면역 반응에 요구된다. 공동자극 분자에는 MHC 클래스 1 분자, BTLA와 Toll 리간드 수용체, 뿐만 아니라 OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1(CD11a/CD18) 및 4-1BB (CD137)가 내포되나 이에 국한되지 않는다. 공동-자극 세포내 신호생성 도메인은 공동자극 분자의 세포내 일부분일 수 있다. 공동자극 분자는 다음의 단백질 패밀리로 대표될 수 있다: TNF 수용체 단백질들, 면역글로불린-유사 단백질들, 사이토킨 수용체들, 인테그린, 신호생성 림프구성 활성화 분자들 (SLAM 단백질들), 그리고 활성화 NK 세포 수용체들. 이러한 분자들의 예로는 CD27, CD28, 4-1BB (CD137), OX40, GITR, CD30, CD40, ICOS, BAFFR, HVEM, 림프구 기능-연합된 항원-1 (LFA-1), CD2, CD7, LIGHT, NKG2C, SLAMF7, NKp80, CD160, B7-H3, 및 CD83에 특이적으로 결합하는 리간드, 그리고 이와 유사한 것들이 내포된다. 상기 세포내 신호생성 도메인은 이것이 유래된 분자의 전체(entire) 세포내 일부분, 또는 전체 고유의(native) 세포내 신호생성 도메인, 또는 이의 기능적 단편을 포함할 수 있다. 용어 "4-1BB"란 GenBank 수탁 번호. AAA62478.2로 제공된 아미노산 서열을 갖는, 또는 인간이 아닌 종, 가령, 마우스, 설치류, 원숭이, 유인원 및 이와 유사한 것들의 등가 잔기들을 갖는 TNFR 슈퍼패밀리의 구성요소를 지칭하며; 그리고 "4-1BB 공동-자극 도메인"이란 GenBank 수탁 번호. AAA62478.2의 아미노산 잔기 214-255의 아미노산 서열, 또는 인간이-아닌 종, 가령, 마우스, 설치류, 원숭이, 유인원 및 이와 유사한 것들로부터 등가 잔기들로 정의된다.

[0096] 용어 "항체"는 본원에서 사용된 바와 같이, 항원에 특이적으로 결합하는, 면역글로불린 분자로부터터 유래된 단백질, 또는 폴리펩티드 서열을 지칭한다. 항체는 다중클론성 또는 단일클론성 기원(origin)의 무손상 면역글로불린, 또는 이의 단편들이 될 수 있고, 천연 원천 또는 재조합 원천으로부터 유래될 수 있다.

[0097] 용어 "항체 단편"이란 항원 결합 도메인, 가령, 표적, 이를 테면 항원 및 이의 특정된 에피토프를 항체 단편이 인지하고, 특이적으로 결합하는데 충분한, 무손상 항체의 항원 결정 가변 영역을 함유하는 항체의 적어도 하나의 일부분, 또는 이의 재조합 변이체들을 지칭한다. 항체 단편들의 예로는 Fab, Fab', $F(ab')_2$, 그리고 Fv 단편들, 단일-쇄 (sc) Fv ("scFv") 항체 단편, 선형(linear) 항체들, 단일 도메인 항체들 이를 테면 sdAb (V_L 또는 V_H), 카멜리드(camelid) V_{HH} 도메인, 그리고 항체 단편들로부터 형성된 다중-특이적 항체들이 내포되나, 이에 국한되지 않는다.

[0098] 용어 "scFv"는 경쇄의 가변 영역을 포함하는 적어도 하나의 항체 단편과 중쇄의 가변 영역을 포함하는 적어도 하나의 항체 단편을 포함하는 융합 단백질을 지칭하며, 이때 상기 경쇄 및 중쇄 가변 영역들은 짧은 유연성 폴리펩티드 링커에 의해 인접하게 연계되며, 그리고 단일 폴리펩티드 쇄로써 발현될 수 있으며, 그리고 이때 상기 scFv는 이것이 유래된 무손상 항체의 특이성을 유지한다.

[0099] 항체 관련하여, "중쇄 가변 영역" 또는 "V_H"는 프레임워크(framework) 영역들로 알려진 측방(flanking) 스트레취(stretches) 사이에 끼어져 있는 3개 CDRs를 함유하는 중쇄의 단편을 지칭하며, 이들 프레임워크 영역은 일반적으로 CDRs보다 더 많이 보존되며, CDRs를 지탱하기 위한 스캐폴드(scaffold)를 형성한다. 카멜리드 "V_HH" 도메인은 단일 가변 항체 도메인을 포함하는 중쇄다.

[0100] 명시하지 않는 한, 본원에서 사용된 바와 같이, scFv는 *가령,* 폴리펩티드의 N-말단 단부와 C-말단 단부에 대하여 임의의 순서로, V_L 가변 영역과 V_H 가변 영역을 가질 수 있고, 이 scFv는 V_L-링커-V_H 를 포함하거나, 또는 V_H-

링커-V_L를 포함할 수 있다.

[0101] 항체 또는 항체 이의 결합 단편을 포함하는 본 명세서의 TFP 조성물의 일부분은 다양한 형태로 존재할 수 있는데, 여기에서 상기 항원 결합 도메인은 뮤린, 인간화된 또는 인간 항체로부터 유래된 단일 도메인 항체 단편(sdAb), 단일 쇄 항체 (scFv)를 포함하는 인접(contiguous) 폴리펩티드 쇄의 일부분으로 발현된다(Harlow et al., 1999, In: Using Antibodies: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, N.Y.; Harlow et al., 1989, In: Antibodies: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, N.Y.; Houston et al., 1988, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:5879-5883; Bird et al., 1988, Science 242:423-426). 하나의 측면에서, 본 명세서의 TFP 조성물의 항원 결합 도메인은 항체 단편을 포함한다. 추가 측면에서, 상기 TFP는 scFv 또는 sdAb를 포함하는 항체 단편을 포함한다.

[0102] 용어 "재조합 항체"란 재조합 DNA 기술을 이용하여 생성된 항체, 이를 테면, 예를 들면, 박테리오파아지 또는 이스트 발현 시스템에 의해 발현된 항체를 지칭한다. 이 용어는 상기 항체를 인코딩하는 DNA 분자의 합성과, 이 DNA 분자는 항체 단백질, 또는 당해 항체를 특정하는 아미노산 서열을 발현시켜 생성된 항체를 의미하는 것으로 또한 간주되어야 하며, 이때 DNA 또는 아미노산 서열은 당분야에 공지되고, 이용가능한 재조합 DNA 또는 아미노산 서열 기술에 의해 획득되었다.

[0103] 용어 "항원" 또는 "Ag"란 항체가 특이적으로 결합할 수 있는 분자, 또는 그렇지 않으면 면역 반응을 일으키는 분자를 지칭한다. 이 면역 반응은 항체 생산, 또는 면역학적으로-특이적인 컴피턴트(competent) 세포들, 또는 이둘 모두의 활성화와 관련될 수 있다.

[0104] 당업자는 사실상 모든 단백질 또는 펩티드를 포함한, 임의의 거대 분자가 항원으로 작용할 수 있음을 이해할 것이다. 더욱이, 항원들은 재조합 또는 게놈 DNA로부터 유래될 수 있다. 따라서, 당업자는 면역 반응을 유도하는 단백질을 인코드하는 뉴클레오티드 서열 또는 부분적 뉴클레오티드 서열을 포함하는 임의의 DNA는 본원에서 이용된 용어로써 "항원"을 인코드한다는 것을 인지할 것이다. 더욱이, 항원은 유전자의 전장 뉴클레오티드 서열에 의해서만 전적으로 인코드될 필요가 없다는 것을 당업자는 인지할 것이다. 본 명세서에는 하나 이상의 유전자의 부분적 뉴클레오티드 서열의 용도, 이들 뉴클레오티드 서열은 원하는 면역 반응을 유도하는 폴리펩티드들을 인코드하도록 다양하게 조합되어 배열된다는 것이 내포되나, 이에 국한되지 않음은 자명할 것이다. 더욱이, 항원이 "유전자"에 의해 인코드될 필요가 전혀 없음을 당업자는 이해할 것이다. 항원이 합성되어 만들어질 수 있거나, 또는 생물학적 샘플에서 유래될 수 있거나, 또는 폴리펩티드 외에 거대 분자일 수 있다는 것은 자명하다. 이러한 생물학적 샘플은 조직 샘플, 종양 샘플, 다른 생물학적 성분들을 갖는 세포 또는 유체를 포함할 수 있으나, 이에 국한되지 않는다.

[0105] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "CD19"란 분화 19 단백질의 클러스터(Cluster)를 지칭하는데, 이것은 B 세포 백혈병 전구체 세포들, 기타 악성 B 세포들과 정상적인 B 세포 계통의 대부분 세포들에서 탐지가능한 항원성 결정인자다.

[0106] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "BCMA"이란 종양 괴사 인자 수용체 수퍼패밀리 구성원 17 (TNFRSF17)로 또한 알려진 B-세포 성숙 항원을 지칭하며, 분화 269 단백질 (CD269)의 클러스터는 인간에서 TNFRSF17 유전자에 의해 인코드된 단백질이다. TNFRSF17은 B-세포 활성화 인자 (BAFF)를 인지하는 TNF 수용체 수퍼패밀리의 세포 표면 수용체다 (*가령,* Laabi et al., EMBO 11 (11): 3897-904 (1992) 참고. 이 수용체는 성숙한 B 림프구에서 발현되며, B-세포 발달 및 자가면역 반응에 중요할 수 있다.

[0107] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "CD16" (FcɣRIII로 또한 알려짐)은 천연 킬러 세포들, 호중구 다형핵 백혈구, 단핵구 및 대식세포의 표면 상에 발견되는 분화 분자 클러스터를 지칭한다. CD16은 Fc 수용체 FcɣRIIIa (CD16a) 및 FcɣRIIIb (CD16b)로 식별되었으며, 이들은 신호 변환에 참여한다. CD16은 항체-의존적 세포의 세포독성 (ADCC)에 관련된 면역글로불린 수퍼패밀리 (IgSF)의 분자다.

[0108] "NKG2D"는 본원에서 사용된 바와 같이, C-타입 렉틴-유사 수용체들의 CD94/NKG2 패밀리에 속하는 막경유 단백질을 지칭한다. 인간에서, NKG2D는 NK 세포들, γδ T 세포들 및 CD8+ αβ T 세포들에 의해 발현된다. NKG2D는 스트레스를 받은 세포, 악성 형질변환된 세포, 그리고 감염된 세포의 표면 상에 나타나는 MIC 및 RAET1/ULBP 패밀리로부터 유도된-자가 단백질들을 인지한다.

[0109] 메소텔린 (MSLN)이란 흉막, 복막 및 심장막의 내층 중피 세포들 상에 정상적으로 존재하는 종양 분화 항원을 지칭한다. 메소텔린은 중피종과 난소 암종 및 췌장 암종을 비롯한 몇 가지 인간 종양에서 과다 발현된다.

[0110] 티로신-단백질 키나제 막경유 수용체 ROR1(일명, 신경영양성 티로신 키나제, 수용체-관련된 1 (NTRKR1)로도 알려짐)는 수용체 티로신 키나제-유사 올판(orphan) 수용체 (ROR) 패밀리의 구성원이다. 이것은 암의 전이에 역할을 한다.

[0111] 용어 "MUC16"은 "세포-표면 연합된, 뮤신 16" 또는 "난소암-관련된 종양 마커 CA125"로도 또한 알려져 있는데, 이것은 이의 아미노 말단에서 세포외 도메인, 큰 텐덤(tandem) 반복 도메인, 그리고 짧은 세포질 도메인과 함께, 막경유 도메인을 내포하는 막-묶여있는 뮤신이다. 이 유전자의 산물은 다른 암에 대한 마커로 사용되었으며, 더 높은 발현 수준은 더 나쁜 예후와 관련있다.

[0112] 용어 "CD22"는 시알산 결합 Ig-유사 렉틴 2, SIGLEC-2, T 세포 표면 항원 leu-14, 그리고 B 세포 수용체 CD22로도 또한 알려져 있으며, 이것은 B 세포/B 세포 상호작용을 중재하는 단백질이며, 그리고 림프 조직에서 B 세포들의 국소화에 관련되는 것으로 간주되며, 그리고 난치성 조혈 암 및 털 세포 백혈병을 비롯한 질환과 연합된다. 본원에서 기술되는 방법들에 사용하기에 적합한 완전한(fully) 인간 항-CD22 단일클론성 항체 ("M971")는 가령, Xiao et al., MAbs. 2009 May-Jun; 1(3): 297- 303에서 기술된다.

[0113] 프로그램된 세포 사멸 단백질 1 ("PD-1"로 공지됨) 및 CD279 (분화 클러스터 279)은 세포 표면 상의 단백질로써, T 세포 염증 활성을 억제함으로써, 면역 체계를 하향-조절하고, 자기-내성을 촉진시킴으로써, 인체 세포에 대한 면역계의 반응을 조절하는 역할을 한다. 이것은 자가면역 질환을 예방하지만, 그러나 면역 체계가 암세포를 죽이는 것 또한 막을 수 있다. PD-1은 면역관문(checkpoint)이며, 다음 두 가지 기전을 통해 자가면역에 대항하여 방어한다. 첫째, 림프절에서 항원-특이적 T-세포들의 아팝토시스(예정된 세포 사멸)를 촉진시킨다. 둘째, 조절 T 세포(항-염증성, 억제 T 세포)에서 세포자멸사를 감소시킨다. PD-1은 면역글로불린 수퍼패밀리에 속하고, T 세포들과 전(pro)-B 세포들 상에서 발현되는 세포 표면 수용체다. PD-1은 두 개 리간드, PD-L1 및 PD-L2에 결합한다.

[0114] 프로그램된 사멸-리간드 1 ("PD-L1")은 40kDa 유형 1 막경유 단백질로써, 특정 이벤트, 이를 테면, 임신, 조직 동종이식, 자가면역 질환 및 기타 질환 상태, 이를 테면, 간염과 같은 특정 이벤트 동안 면역계의 적응적 부분(arm)의 억제에 중요한 역할을 하는 것으로 추측되었다. 일반적으로, 적응적(adaptive) 면역계는 외생성 위험 신호 또는 내생성 위험 신호에 의해, 면역계 활성화가 연루된 항원에 대한 반응이다. 차례로, 항원-특이적 CD8+ T 세포 및/또는 CD4+ 헬퍼 세포들의 클론 확장이 전파된다. 상기 저해성 체크포인트 분자 PD-1에 PD-L1의 결합으로 면역수용체 티로신-기반의 스위치 모티프 (ITSM) 모티프를 통하여 포스포타제 (SHP-1 또는 SHP-2)와의 상호작용에 기초하여 저해성 신호가 전달된다. 이로써 림프절에서 항원-특이적 T-세포의 증식이 감소되는 한편, 동시에 조절 T 세포 (항-염증성, 억제 T 세포)에서 동시에 아팝토시스가 감소되며, 이는 유전자 Bcl-2의 더 낮은 제어에 의해 추가 매개된다.

[0115] "CD79α" 및 "CD79β" 유전자는 B 림프구 항원 수용체, 항원-특이적 성분, 표면 면역글로불린 (Ig)을 비롯한, 다량체 복합체를 구성하는 단백질들을 인코드한다. 표면 Ig는 B-세포 항원 수용체의 발현 및 기능에 필수적인, 두 개의 다른 단백질들, Ig-알파 및 Ig-베타 (차례로 CD79α 및 이의 파라로그(paralog) CD79β에 의해 인코드됨)와 비-공유적으로 연합된다. 이 복합체의 기능적 파괴로 인하여 가령, 인간 B-세포 만성 림프구 백혈병이 유도될 수 있다.

[0116] B 세포 활성화 인자, 또는 "BAFF"는 종양 괴사 인자 (TNF) 리간드 패밀리에 속하는 사이토킨이다. 이 사이토킨은 수용체 TNFRSF13B/TACI, TNFRSF17/BCMA, 그리고 TNFRSF13C/BAFF-R에 대한 리간드다. 이 사이토킨은 B 세포 계통 세포들에서 발현되고, 그리고 강력한 B 세포 활성제로 작용한다. 또한, B 세포의 증식과 분화에 중요한 역할을 하는 것으로 나타났다.

[0117] 용어 "항-종양 효과"란 각종 수단에 의해 현시될 수 있는 생물학적 효과를 지칭하는데, *가령*, 종양 부피 감소, 종양 세포 수 감소, 전이 수의 감소, 기대 수명 증가, 종양 세포 증식 감소, 종양 세포 생존 감소 또는 암 병태와 관련된 다양한 생리적 증상의 개선이 내포되나, 그러나 이에 국한되지 않는다. "항-종양 효과"는 먼저 종양 발생 예방에 있어서, 본 명세서의 펩티드, 폴리뉴클레오티드, 세포 및 항체의 능력에 의해 또한 현시될 수 있다.

[0118] 용어 "자가조직의(autologous)"라는 용어는 한 개체로부터 유래된 임의의 물질이 당해 동일한 개체에게 재-도입될 수 있는 임의의 물질을 의미한다.

[0119] 용어 "동종이계(allogeneic)" 또는 대체용으로 "동종이형(allogenic)"이란 당해 물질이 도입된 동일한 종에 속하는 상이한 동물, 또는 다른 환자로부터 파생된 임의의 물질을 지칭한다. 둘 또는 그 이상의 개체에 있어서 하

나 또는 그 이상의 유전자 좌에 있는 유전자가 동일하지 않을 때, 이들 개체는 서로 동종이계라고 한다. 일부 측면들에서, 동일한 종에 속하는 개체에서 나온 동종이계 물질은 항원적으로 상호 작용하기에는 유전적으로 충분히 다를 수 있다.

[0120] 용어 "이종발생적(xenogeneic)"이란 상이한 종의 동물로부터 유래된 이식편을 지칭한다.

[0121] 용어 "암"이란 비정상적 세포의 신속하고, 제어되지 않은 성장을 특징으로 하는 질환을 지칭한다. 암 세포들은 국소 적으로 또는 혈류 및 림프계를 통해 신체의 다른 부분으로 퍼질 수 있다. 각종 암의 예시가 본원에서 개시되는데, 유방암, 전립선암, 난소암, 자궁경부암, 피부암, 췌장암, 결장직장암, 신장암, 간암, 뇌암, 림프종, 백혈병, 폐암 및 이와 유사한 것들이 내포되나, 이에 국한되지 않는다.

[0122] 용어 "인코딩(encoding)"이란 생물학적 공정에서 특정된 서열의 뉴클레오티드 *(가령,* rRNA, tRNA 및 mRNA) 또는 특정된 서열의 아미노산을 갖고, 이로부터 발생되는 생물학적 성질들을 보유하는 임의의 중합체 및 거대 분자를 합성하기 위한 주형으로 기능하는 폴리뉴클레오티드, 이를 테면, 유전자, cDNA, 또는 mRNA에서 특이적 서열의 뉴클레오티드의 고유 성질을 지칭한다. 따라서, 유전자, cDNA, 또는 RNA는 해당 유전자에 대응하는 mRNA의 전사 및 해독으로 세포 또는 기타 생물학적 시스템에서 단백질이 생산하는 경우, 이 단백질을 인코드한다. 코딩 가닥(strand)(이의 뉴클레오티드 서열은 mRNA 서열과 동일하며, 통상적으로 서열 목록에서 제시됨) 및 비-코딩 가닥(유전자 또는 cDNA의 해독을 위한 주형을 이용)은 모두 이 유전자 또는 cDNA의 단백질 또는 기타 산물을 인코딩하는 것으로 지칭될 수 있다.

[0123] 명시적인 언급이 없는 한, "아미노산 서열을 인코딩하는 뉴클레오티드 서열"은 서로 축퇴(degenerate) 형태이며, 동일한 아미노산 서열을 인코드하는 모든 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 단백질 또는 RNA를 인코딩하는 관용구(phrase) 뉴클레오티드 서열에는 또한 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열이 일부 형태에서 하나 또는 이상의 인트론을 포함할 수 있는 정도로 인트론을 포함할 수 있다.

[0124] 용어 "유효량" 또는 "치료요법적 유효량"은 본원에서 호환사용되며, 특정 생물학적 결과 또는 치료요법적 결과를 얻는데 효과적인 본원에서 기술된 화합물, 제형, 물질, 또는 조성물의 양을 지칭한다.

[0125] 용어 "내생성(endogenous)"이란 유기체, 세포, 조직 또는 시스템으로부터 또는 내부에서 만들어진 임의의 물질을 지칭한다.

[0126] 용어 "외생성(exogenous)"이란 유기체, 세포, 조직 또는 시스템으로 도입된, 또는 외부에서 만들어진 임의의 물질을 지칭한다.

[0127] 용어 "발현"이란 프로모터에 의해 구동된 특정 뉴클레오티드 서열의 전사 및/또는 해독을 지칭한다.

[0128] 용어 "기능적 파괴(functional disruption)"란 세포 안에서 정상적인 발현 및/또는 거동을 방해하기 위하여, 특정 (가령, 표적) 핵산 (가령, 유전자, RNA 전사체, 이에 인코드된 단백질의)에 가해지는 물리적 또는 생화학적 변화를 지칭한다. 한 구체예에서, 기능적 파괴란 유전자 편집(editing) 방법을 통하여 당해 유전자의 변형을 지칭한다. 한 구체예에서, 기능적 파괴로 표적 유전자 (가령, 내생성 유전자)의 발현이 방해된다.

[0129] 용어 "전이(transfer) 벡터"란 단리된 핵산을 포함하고, 이러한 단리된 핵산을 세포 내부로 전달하는데 이용될 수 있는 물질의 조성물을 지칭한다. 선형 폴리뉴클레오티드들, 이온성 또는 양쪽성 화합물들, 플라스미드들과 연합된 폴리뉴클레오티드들, 그리고 바이러스들이 내포되나, 이에 국한되지 않은 다수의 벡터들이 당분야에 공지되어 있다. 따라서, 용어 "전이 벡터"에는 자가 복제가능한 플라스미드 또는 바이러스가 내포된다. 이 용어에는 이를 테면, 예를 들면, 폴리리신 화합물, 리포좀, 그리고 이와 유사한 것들과 같은 세포 안으로 핵산의 전이를 실행하는 비-플라스미드성 화합물과 비-바이러스성 화합물이 더 내포되는 것으로 또한 간주되어야 한다. 바이러스성 전이 벡터의 예로는 아데노바이러스 벡터들, 아데노-연합된 바이러스 벡터들, 레트로바이러스성 벡터들, 렌티바이러스성 벡터들, 그리고 이와 유사한 것들이 내포되나, 이에 국한되지 않는다.

[0130] 용어 "발현 벡터"란 뉴클레오티드 서열이 발현되도록 작동가능하게 연계된 발현 제어 서열을 포함하는 재조합 폴리뉴클레오티드를 포함하는 벡터를 지칭한다. 발현 벡터는 발현을 위하여 충분한 시스(cis)-작용 요소들을 포함하고; 발현을 위한 기타 요소들은 숙주 세포 또는 *시험관내* 발현 시스템에 의해 공급될 수 있다. 발현 벡터들에는 상기 재조합 폴리뉴클레오티드가 통합되는 당분야에 공지된 모든 것들이 내포되는데, 가령, 코스미드, 플라스미드들 (가령, 네이키드 또는 리포좀 안에 함유된) 및 바이러스들 (가령, 렌티바이러스들, 레트로바이러스들, 아데노바이러스들, 그리고 아데노-연합된 바이러스들)이 있다.

[0131] 용어 "렌티바이러스"는 레트로비리데(*Retroviridae)* 패밀리의 속(genus)을 지칭한다. 렌티바이러스들은 비-분열

세포를 감염시킬 수 있다는 점에서 레트로바이러스 중에서 독특하고; 이 바이러스들은 상당한 양의 유전 정보를 숙주 세포의 DNA에 전달할 수 있으므로 유전자 전달 벡터의 가장 효율적인 방법 중 하나다. HIV, SIV, 그리고 FIV는 모두 렌티바이러스의 예들이다.

[0132] 용어 "렌티바이러스성 벡터"는 Milone et al., Mol. Ther. 17(8): 1453-1464 (2009)에서 제공된 바와 같이, 특히, 자가-비활성화 렌티바이러스성 벡터를 포함하는, 렌티바이러스 게놈의 적어도 일부분으로부터 유래된 벡터를 지칭한다. 임상에서 이용될 수 있는 렌티바이러스 벡터들에는 가령, LENTIVECTOR™ 유전자 전달 기술(Oxford BioMedica 사의), LENTIMAX™ 벡터 시스템(Lentigen 사의), 그리고 이와 유사한 것들이 내포되나, 이에 국한되지 않는다. 비-임상용 렌티바이러스성 벡터들이 또한 이용가능하며, 당업자들이 인지하고 있을 것이다.

[0133] 용어 "상동성(homologous)" 또는 "동일성(identity)"이란 두 개의 중합체 분자들, 가령, 두 개의 핵산 분자들, 이를 테면, 두 개의 DNA 분자 또는 두 개의 RNA 분자, 또는 두 개의 폴리펩티드 분자 간에 소단위 서열 동일성을 지칭한다. 두 분자 모두의 소단위 위치에 동일한 단량체 소단위가 있을 경우; 예를 들어, 두 개의 DNA 분자 각각의 위치에 아데닌이 있다면, 해당 위치에서 동종이거나 또는 동일하다. 두 서열 간의 상동성은 정합(matching)의 수 또는 상동성 위치의 수에 대한 직접 함수이고; *가령,* 두 서열에서 위치의 절반 *(가령,* 길이가 10개 소단위인 중합체에서 5개 위치)가 상동성이라면, 50%의 상동성이며; 이들 위치중 90%(가령, 10개중 9개 위치)가 정합되거나 또는 상동성이면, 이 두 서열은 90%의 상동성이다.

[0134] 인간이-아닌 *(가령,* 뮤린) 항체들의 "인간화된(humanized)" 형태는 인간이-아닌 면역글로불린으로부터 유래된 최소 서열을 함유하는 키메라 면역글로불린, 면역글로불린 쇄 또는 이의 단편들 (이를 테면 Fv, Fab, Fab', $F(ab')_2$ 또는 항체들의 기타 항원-결합 하위서열)이다. 대부분의 경우, 인간화된 항체들 및 이의 항체 단편들은 수령자의 상보성-결정 영역(CDR)의 잔기가 원하는 특이성, 친화력, 그리고 능력(capacity)을 보유한, 인간이-아닌 종 (공여자 항체) 이를 테면 마우스, 랫(rat) 또는 토끼의 CDR 잔기로 대체된, 인간 면역글로불린 (수령자 항체 또는 항체 단편)이다. 일부 경우에서, 인간 면역글로블린의 Fv 프레임워크 영역 (FR) 잔기는 대응하는 비-인간 잔기로 대체된다. 더욱이, 인간화된 항체/항체 단편은 수령자 항체 또는 수입된(imported) CDR 또는 프레임워크 서열에서 발견되지 않는 잔기를 포함할 수 있다. 이러한 변형으로 항체 또는 항체 단편 수행능이 더 세분화되고, 최적화될 수 있다. 일반적으로, 상기 인간화된 항체 또는 이의 항체 단편은 적어도 하나의, 전형적으로 두 개의 가변성 도메인 모두를 실질적으로 포함할 것이며, 이때 CDR 영역들 모두 또는 실질적으로 모두는 인간이 아닌 면역글로불린의 것에 대응하며, FR 영역의 모두 또는 유의적인 영역은 인간 면역글로불린 서열의 것이다. 상기 인간화된 항체 또는 항체 단편은 면역글로블린 불변 영역 (Fc)의 적어도 일부분, 전형적으로 인간 면역글로블린의 것을 포함할 것이다. 더욱 상세한 내용은 Jones et al., Nature, 321: 522-525, 1986; Reichmann et al., Nature, 332: 323-329, 1988; Presta, Curr. Op. Struct. Biol., 2: 593-596, 1992를 참고한다.

[0135] "인간" 또는 "완전한(fully) 인간"이란 면역글로불린, 이를 테면 항체 또는 항체 단편을 지칭하는데, 여기에서 온전체(whole) 분자는 인간 기원이거나 또는 상기 항체 또는 면역글로불린의 인간 형태와 동일한 아미노산 서열로 구성된다.

[0136] 용어 "단리된(isolated)"이란 자연 상태로부터 변경된 또는 제거된 상태를 의미한다. 예를 들면, 살아있는 동물에 자연적으로 존재하는 핵산 또는 펩티드는 "단리된" 것이 아니지만, 자연 상태에서 이와 공존하는 물질로부터 부분적 또는 완벽하게 분리된 동일한 핵산 또는 펩티드는 "단리된" 것이다. 단리된 핵산 또는 단백질은 실질적으로 정제된 형태로 존재할 수 있고, 또는 비-고유적 환경, 이를 테면, 예를 들면, 숙주 세포에 존재할 수 있다.

[0137] 본 명세서의 내용에서, 공통적으로 발생되는 핵산 염기에 대하여 다음의 약어가 이용된다. "A"는 아데노신을 지칭하고, "C"는 시토신을 지칭하고, "G"는 구아노신을 지칭하고, "T"는 티미딘을 지칭하고, 그리고 "U"는 우리딘을 지칭한다.

[0138] 용어 "보존적(conservative) 서열 변형"란 당해 아미노산 서열이 내포된 항체 또는 항체 단편의 결합 특징에 유의적으로 영향을 주지 않거나 또는 변형시키지 않는 아미노산 변형을 지칭한다. 이러한 보존적 변형에는 아미노산 치환, 추가 및 결손이 내포된다. 변형은 부위-지향된(directed) 돌연변이유발 및 PCR-중재 돌연변이유발과 같은 당업계에 공지된 표준 기술에 의해 본 명세서의 항체 또는 항체 단편으로 도입될 수 있다. 보존적 아미노산 치환이란 하나의 아미노산 잔기가 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기로 대체된 것을 말한다. 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기 패밀리는 당분야에 특정되어 있다. 이들 패밀리는 염기성 측쇄 (가령, 리신, 아르기닌, 히스티딘), 산성 측쇄 (가령, 아스파르트산, 글루탐산), 하전되지 않은 극성 측쇄 (가령, 글리신, 아스파라긴, 글

루타민, 세린, 트레오닌, 티로신, 시스테인, 트립토판, 비극성 측쇄 (가령, 알라닌, 발린, 류신, 이소류신, 프롤린, 페닐알라닌, 메티오닌), 베타-분지 측쇄 (가령, 트레오닌, 발린, 이소류신) 및 방향족 측쇄 (가령, 티로신, 페닐알라닌, 트립토판, 히스티딘)을 포함한다. 따라서, 본 명세서의 TFP 내의 하나 또는 이상의 아미노산 잔기는 동일한 측쇄 패밀리로부터의 다른 아미노산 잔기로 대체될 수 있고, 변경된 TFP는 본원에 기재된 기능적 검정을 사용하여 시험될 수 있다.

[0139] 용어 "작동가능하도록 연계된(operably linked)" 또는 "전사 조절(transcriptional control)"이란 조절 서열과 이종기원의 핵산 서열 간의 기능적 연계를 지칭하고, 이로 인하여 후자가 발현된다. 예를 들면, 제 1 핵산 서열이 제 2 핵산 서열과 기능적 상관관계에 위치할 때, 상기 제 1 핵산 서열은 제 2 핵산 서열에 작동가능하도록 연계된다. 가령, 프로모터가 코딩 서열의 전사 또는 발현에 영향을 준다면, 이 프로모터는 해당 코딩 서열에 작동가능하도록 연계된다. 작동가능하도록 연계된 DNA 서열은 서로 인접해 있을 수 있고, 가령, 두 단백질 코딩 영역을 연결시킬 필요가 있을 때, 이들은 동일한 판독 틀 안에 있다.

[0140] 면역원성 조성물의 "비경구(parenteral)" 투여란 가령, 피하 (s.c.), 정맥내 (i.v.), 근육내 (i.m.), 또는 흉골내(intrasternal) 주사, 종양내, 또는 주입(infusion) 기술이 내포된다.

[0141] 용어 "핵산" 또는 "폴리뉴클레오티드"란 단일 또는 이중-가닥 형태의 데옥시리보핵산 (DNA) 또는 리보핵산 (RNA) 및 이의 중합체를 지칭한다. 특별히 제한되지 않는 한, 이 용어에는 기준 핵산과 유사한 결합 성질을 갖고, 자연 발생적 뉴클레오티드들와 동일한 방식으로 대사되는 천연 뉴클레오티드의 공지된 유사체를 함유하는 핵산이 포괄된다. 명시적으로 지적되지 않는 한, 특정 핵산 서열은 명시된 서열, 뿐만 아니라, 보존적으로 변형된 이의 변이체들(가령, 축중 코돈 치환), 대립유전자, 오르소로그(orthologs), SNPs, 그리고 상보적(complementary)서열이 또한 포괄된다. 특히, 축중 코돈 치환은 하나 또는 그 이상의 선택된 (또는 모든) 코돈의 세 번째 위치가 혼합-염기 및/또는 데옥시이노신 잔기로 치환된 서열을 생성함으로써 달성될 수 있다(Batzer et al., Nucleic Acid Res. 19:5081 (1991); Ohtsuka et al., J. Biol. Chem. 260:2605-2608 (1985); 그리고 Rossolini et al., Mol. Cell. Probes 8:91-98 (1994)).

[0142] 용어 "펩티드", "폴리펩티드", 및 "단백질"은 호환사용되며, 그리고 펩티드 결합에 의해 공유적으로 연계된 아미노산 잔기들을 포함하는 화합물을 지칭한다. 단백질 또는 펩티드는 적어도 두 개의 아미노산을 함유해야 하며, 단백질 서열 또는 펩티드 서열을 구성할 수 있는 아미노산의 최대 숫자에는 제약이 없다. 폴리펩티드에는 펩티드 결합에 의해 서로 연결된 두 개 또는 그 이상의 아미노산을 포함하는 임의의 펩티드 또는 단백질이 내포된다. 본원에서 사용된 바와 같이, 이 용어는 짧은 쇄(당분야에서 펩티드, 올리고펩티드 및 올리고머로 또한 흔히 불리는)펩티드들과 더 긴 쇄(일반적으로 다양한 유형의 단백질로 지칭됨)를 모두 지칭한다. "폴리펩티드"에는 그중에서도 예를 들면, 생물학적으로 활성 단편들, 실질적으로 상동성 폴리펩티드들, 올리고펩티드들, 동종이량체들, 이종(hetero)이량체, 폴리펩티드들의 변이체들, 변형된 폴리펩티드들, 유도체들, 유사체들, 융합 단백질들이 내포된다. 폴리펩티드에는 천연 펩티드, 재조합 펩티드, 또는 이의 조합이 내포된다.

[0143] 용어 "프로모터(promoter)"란 폴리뉴클레오티드 서열의 특이적 전사를 개시하는데 요구되는 세포의 전사 기전, 또는 도입된 합성 기전에 의해 인지되는 DNA 서열을 지칭한다.

[0144] 용어 "프로모터/조절 서열"이란 프로모터/조절 서열에 작동가능하도록 연계된 유전자 산물의 발현에 요구되는 핵산 서열을 지칭한다. 일부 경우에서, 이 서열은 코어(core) 프로모터 서열일 수 있고, 다른 경우들에서, 이 서열은 또한 유전자 산물의 발현에 필요한 인핸서(enhancer) 서열 및 기타 조절 요소를 포함할 수 있다. 이 프로모터/조절 서열은 예를 들면, 조직 특이적 방식으로 당해 유전자 산물을 발현시키는 것일 수 있다.

[0145] 용어 "구성적(constitutive)" 프로모터란 유전자 산물을 인코드하거나, 또는 명시하는 폴리뉴클레오티드와 작동가능하도록 연계될 때, 세포의 대부분 또는 모든 생리학적 조건 하에서 세포 안에서 당해 유전자 산물이 만들어지도록 하는 뉴클레오티드 서열을 지칭한다.

[0146] 용어 "유도성(inducible)" 프로모터란 유전자 산물을 인코드하거나, 또는 명시하는 폴리뉴클레오티드와 작동가능하도록 연계될 때, 당해 프로모터에 대응하는 유도자(inducer)가 이 세포 안에 존재할 때만 실질적으로 이 세포 안에서 당해 유전자 산물이 만들어지도록 하는 뉴클레오티드 서열을 지칭한다.

[0147] 용어 "조직-특이적" 프로모터란 유전자에 의해 인코딩되거나 또는 특정된 폴리뉴클레오티드와 작동가능하도록 연계된 경우, 세포가 당해 프로모터에 대응하는 조직 유형의 세포인 경우에만 실질적으로 이 세포 안에서 유전자 산물이 만들어지도록 하는 뉴클레오티드 서열을 지칭한다.

[0148] scFv 내용에서 이용되는 용어 "링커" 및 "유연성(flexible) 폴리펩티드 링커"란 가변성 중쇄와 가변성 경쇄 영

역들을 함께 연계하기 위하여, 아미노산, 이를 테면 글리신 및/또는 세린 잔기만 단독으로 또는 조합으로 구성된 펩티드 링커를 지칭한다. 한 구체예에서, 상기 유연성 폴리펩티드 링커는 Gly/Ser 링커이며, 아미노산 서열 $(Gly-Gly-Gly-Ser)_n$을 포함하고, 여기에서 n은 1이거나 또는 이보다 큰 양의 정수다. 예를 들면, n=1, n=2, n=3, n=4, n=5, n=6, n=7, n=8, n=9 그리고 n=10이다. 한 구체예에서, 상기 유연성 폴리펩티드 링커에는 $(Gly_4Ser)_4$ 또는 $(Gly_4Ser)_3$가 내포되나, 그러나, 이에 국한되지 않는다. 또다른 구체예에서, 상기 링커에는 (Gly_2Ser), (GlySer) 또는 (Gly_3Ser)의 다중 반복부가 내포된다. 또한, WO2012/138475(본원의 참고자료에 편입됨)에 기재된 링커들 또한 본 명세서 범위 안에 포함된다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=2 ~ 5다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=1 ~ 3이다.

[0149] 본원에서 사용된 바와 같이, 5' 캡 (일명 RNA 캡, RNA 7-메틸구아노신 캡 또는 RNA m7G 캡이라고도 함)은 전사 시작 직후, 진핵 메신져 RNA의 "전방(front) 또는 5' 단부에 추가된 변형된 구아닌 뉴클레오티드이다. 상기 5' 캡은 상기 제 1 전사된 뉴클레오티드에 연계된 말단 기로 구성된다. 이의 존재는 리보솜에 의한 인지와 RNase로부터의 보호에 중요하다. 캡 추가는 전사에 연결되어, 공동-전사적으로 발생하여 서로 영향을 미친다. 전사 시작 직후, 합성되는 mRNA의 5' 단부는 RNA 중합효소와 연합된 캡-합성 복합체에 의해 결합된다. 이 효소 복합체는 mRNA 캡핑에 필요한 화학 반응을 촉매한다. 합성은 다중-단계 생화학 반응을 진행된다. 이 캡핑 모이어티가 변형되어, mRNA의 기능, 이를 테면, 이의 안정성 또는 해독 효능을 조정할 수 있다.

[0150] 본원에서 사용된 바와 같이, "*시험관* 전사된 RNA"는 *시험관내*에서 합성된, RNA, 바람직하게는 mRNA를 지칭한다. 일반적으로, 이러한 *시험관내* 전사된 RNA는 *시험관내* 전사 벡터로부터 만들어진다. 상기 *시험관내* 전사 벡터는 당해 *시험관내* 전사된 RNA를 만들 때 이용되는 주형을 포함한다.

[0151] 본원에서 사용된 바와 같이, "poly(A)"는 mRNA에 폴리아데닐화에 의해 부탁된 일련의 아데노신이다. 일시적(transient) 발현용 구조체의 바람직한 구체예에서, polyA는 50 내지 5000개, 바람직하게는 64개 이상, 더 바람직하게는 100개 이상, 가장 바람직하게는 300개 또는 400개 이상이다. poly(A) 서열은 mRNA 기능성, 이를 테면, 국소화(localization), 안정성 또는 해독 효능을 조정하기 위하여, 화학적으로 또는 효소적으로 변형될 수 있다.

[0152] 본원에서 사용된 바와 같이, "폴리아데닐화(polyadenylation)"란 메신져 RNA 분자로 폴리아데닐일 모이어티, 또는 이의 변형된 변이체의 공유적 연계를 지칭한다. 진핵 유기체에서, 대부분 메신져 RNA (mRNA) 분자들은 3' 단부에서 폴리아데닐화된다. 3' poly(A) 꼬리는 폴리아데닐레이트 중합효소의 효소 작용을 통하여 프레(pre)-mRNA에 추가된 아데닌 뉴클레오티드들의 긴 서열(흔히, 700개)이다. 더-고등한 진핵생물에서, 상기 poly(A) 꼬리는 특이적 서열인, 폴리아데닐화 신호를 내포하는 전사체 상에 추가된다. 상기 poly(A) 꼬리와 이에 결합된 단백질은 엑소뉴클레아제에 의한 mRNA 분해로부터 이를 보호하는 것을 지원한다. 폴리아데닐화는 전사 종료, 핵으로부터 mRNA의 추출, 그리고 해독에 또한 중요하다. 폴리아데닐화는 DNA가 RNA로 전사 직후 핵에서 일어나지만, 그러나 세포질에서 나중에 추가적으로 또한 발생될 수 있다. 전사가 종료된 후, mRNA 쇄는 RNA 중합효소와 연합된 엔도뉴클레아제 복합체 작용을 통하여 절단된다. 상기 절단 부위는 당해 절단 부위 인근에 염기 서열 AAUAAA의 존재가 항상 특징적이다. 상기 mRNA가 절단된 후, 이 절단 부위에서 자유 3' 단부에 아데노신 잔기들이 추가된다.

[0153] 본원에서 사용된 바와 같이, "일시적(transient)"이란 수 시간, 수일 또는 수주동안 비-통합된 이식유전자(transgene)의 발현을 지칭하는데, 이때 발현 시간은 게놈으로 통합되거나, 또는 숙주 세포 안의 플라스미드 레플리콘 안에 안정적으로 함유된 경우의 당해 유전자의 발현 시간 보다는 짧다.

[0154] 용어 "신호 전달 경로(signal transduction pathway)"란 세포의 한 부분에서 세포의 다른 부분으로 신호를 전달하는 역할을 하는 다양한 신호 전달 분자 간의 생화학적 관계를 의미한다. 구절 "세포 표면 수용체"는 신호를 수신하고, 세포막을 통해 신호를 전송할 수 있는 분자들 및 분자 복합체들이 내포된다.

[0155] 용어 "대상체"란 면역 반응이 유도될 수 있는 살아있는 유기체 (예를 들어, 포유류)들이 내포되는 것으로 의도된다.

[0156] 용어 "실질적으로 정제된" 세포란 본질적으로 다른 세포 유형이 포함안된 세포를 의미한다. 실질적으로 정제된 세포는 자연적으로 발생하는 상태에서 정상적으로 연관된 다른 세포 유형과 분리된 세포를 또한 지칭할 수 있다. 일부 경우들에서, 실질적으로 정제된 세포 집단은 균질한 세포 집단을 의미한다. 다른 경우들에서, 이 용어는 이의 자연 상태에서 자연적으로 연관된 세포와 분리된 세포를 단순히 의미한다. 일부 측면들에서, 이들 세

포는 *시험관내*에서 배양된다. 다른 측면들에서, 이들 세포는 *시험관내*에서 배양되지 않는다.

[0157] 용어 "치료요법적"이란 본원에서 사용된 바와 같이, 치료를 의미한다. 치료요법적 효과는 질환 상태의 감소, 억제, 완화 또는 근절을 통해 얻는다.

[0158] 용어 "예방(prophylaxis)"이란 본원에서 사용된 바와 같이, 질환 또는 질환 상태에 대한 예방 또는 보호 치료를 의미한다.

[0159] 본 명세서의 내용에서, "종양 항원" 또는 "과증식성 장애 항원" 또는 "과증식성 장애에 연루된 항원"이란 특이적 과증식성 장애에 공통적인 항원들을 지칭한다. 특정 측면들에서, 본 명세서의 과증식성 장애 항원들은 원발성 또는 전이성 흑색종, 흉선종, 림프종, 육종, 폐암, 간암, NHL, 백혈병, 자궁암, 자궁경부암, 방광 암, 신장암 및 선암, 이를 테면 유방암, 전립선암, 난소암, 췌장암, 그리고 이와 유사한 것들을 비롯한, 그러나, 이에 국한되지 않는 암으로부터 유래된다.

[0160] 용어 "형질감염된(transfected)" 또는 "형질변형된(transformed)" 또는 "형질도입된(transduced)"이란 본외생성 핵산이 숙주 세포 안으로 전달되거나 또는 도입되는 과정을 지칭한다. "형질감염된" 또는 "형질변형된" 또는 "형질도입된" 세포는 외생성(exogenous) 핵산이 형질감염된, 형질변형된 또는 형질도입된 것을 말한다. 상기 세포에는 일차 대상 세포 및 그의 자손들이 내포된다.

[0161] 용어 "특이적으로 결합하는"이란 샘플에 존재하는 동족 결합 짝 (가령, CD19)을 인지하고 결합하지만, 이 샘플 안에 있는 다른 분자는 반드시 그리고 실질적으로 인지하거나 또는 결합하지 않는 항체, 항체 단편 또는 특정 리간드를 의미한다.

[0162] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "메가뉴클레아제(meganuclease)"란 인지 서열에서 12개 염기쌍 이상의 이중-가닥 DNA에 결합하는 엔도뉴클레아제를 지칭한다. 바람직하게는, 본 명세서의 메가뉴클레아제에 대한 인지 서열은 22개 염기 쌍이다. 메가뉴클레아제는 I-CreI로부터 유래된 엔도뉴클레아제일 수 있으며, 그리고 예를 들면, DNA-결합 특이성, DNA 절단 활성, DNA-결합 친화력, 또는 이량체화 성질에 대하여 천연 I-CreI과 비교하여 변형된 I-CreI의 공작된 변이체를 지칭할 수 있다. 이러한 I-CreI의 변형된 변이체를 만드는 방법은 당업계에 공지되어 있다 (가령, WO 2007/047859). 메가뉴클레아제는 본원에서 사용된 바와 같이, 이종이량체로써 또는 "단일-쇄 메가뉴클레아제"로써 이중-가닥의 DNA에 결합하며, 이때 DNA-결합 도메인들의 쌍은 펩티드 링커를 이용하여 단일 폴리펩티드에 연결된다. 용어 "귀소(homing) 엔도뉴클레아제"는 용어 "메가뉴클레아제"와 동의어다. 본 명세서의 메가뉴클레아제는 세포들, 특히 인간 T 세포들에서 발현될 때 실질적으로 비-독성이며, 본원에서 기술된 방법을 이용하여 측정하였을 때, 세포 생존력에 유해한 영향 없이 또는 메가뉴클레아제 절단 활성의 유의적인 감소 없이, 세포들이 형질감염되며, 37℃에서 유지될 수 있다.

[0163] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "단일-쇄 메가뉴클레아제(single-chain meganuclease)"란 링커에 의해 연결된 뉴클레아제 소단위 쌍을 포함하는 폴리펩티드를 지칭한다. 단일-쇄 메가뉴클레아제는 다음과 같은 체계를 갖는다: N-말단 소단위 - 링커 - C-말단 소단위. 두 개의 메가뉴클레아제 소단위는 아미노산 서열에서 일반적으로 동일하지 않을 것이며, 동일하지-않는 DNA 서열을 인지할 것이다. 따라서, 단일-쇄 메가뉴클레아제는 위(pseudo)-팔린드롬(palindromic) 또는 비(non)-팔린드롬 인지 서열을 전형적으로 절단한다. 단일-쇄 메가뉴클레아제는 실질적으로 이량체는 아닐 수 있지만, "단일-쇄 이종이량체" 또는 "단일-쇄 이종이량체성 메가뉴클레아제"라고 지칭될 수 있다. 명확하게 하기 위하여, 명시적인 언급이 없는 한, 용어 "메가뉴클레아제"는 이량체성 또는 단일-쇄 메가뉴클레아제를 지칭할 수 있다.

[0164] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "TALEN"은 FokI 뉴클레아제 도메인의 임의의 부분에 융합된 16-22 개의 TAL 도메인 반복을 포함하는 DNA-결합 도메인을 포함하는 엔도뉴클레아제를 지칭한다.

[0165] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "콤팩트(Compact) TALEN"란 I-TevI 귀소 엔도뉴클레아제의 뉴클레아제 도메인의 임의의 촉매 활성 부분에 대해 임의의 방향으로 융합된 16-22 TAL 도메인 반복부를 갖는, DNA-결합 도메인을 포함하는 엔토뉴클레아제를 지칭한다.

[0166] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "CRISPR"란 카스파제, 이를 테면, Cas9, 그리고 가이드 RNA(게놈 DNA에 있는 인지 부위에 혼성화됨으로써 당해 카스파제의 DNA 절단을 지시하는)를 포함하는 카스파제-기반의 앤도뉴클레아제를 지칭한다.

[0167] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "megaTAL"란 공작된, 서열-특이적 귀소 앤도뉴클레아제와 함께, 전사 활성화제-유사 작동체 (TALE) DNA 결합 도메인을 포함하는 단일-쇄 뉴클레아제를 지칭한다.

[0168] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "T 세포 수용체" 및 "T 세포 수용체 복합체"는 호환사용되며, T 세포 표면 상에 있는 일반적으로 항원 인지를 담당하는 분자를 지칭한다. 상기 TCR은 T 세포의 95%에서 TCR 알파 및 TCR 베타 쇄로 구성된 이종이량체를 포함하며, 한편 T 세포의 5%는 TCR 감마 쇄 및 TCR 델타 쇄로 구성된 TCRs을 갖는다. 상기 TCR은 CD3ε, CD3γ, 및 CD3δ중 하나 또는 그 이상을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR은 CD3ε를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR은 CD3γ를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR은 CD3δ를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR은 CD3ζ를 포함한다. TCR과 항원, 가령, 항원 및 MHC과의 관계로 연루된 효소, 공동-수용체들 그리고 특화된 보조 분자들에 의해 매개되는 일련의 생화학적 사건을 통해 이의 T 세포들이 활성화된다. 일부 구체예들에서, 인간 TCR 알파의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 142의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 인간 TCR 알파의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 143의 서열을 갖는 IgC 도메인, 서열 식별 번호: 144의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 SS의 서열을 갖는 세포내 도메인을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 뮤린 TCR 알파의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 147의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 뮤린 TCR 알파의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 144의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 SS의 서열을 갖는 세포내 도메인을 갖는다. 일부 구체예들에서, 인간 TCR 베타의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 148의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 인간 TCR 베타의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 149의 서열을 갖는 IgC 도메인, 서열 식별 번호: 150의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 서열 식별 번호: 151의 서열을 갖는 세포내 도메인을 갖는다. 일부 구체예들에서, 뮤린 TCR 베타의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 뮤린 TCR 베타의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 서열 식별 번호: 153의 서열을 갖는 세포내 도메인을 갖는다. 일부 구체예들에서, 인간 TCR 델타의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 243의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 인간 TCR 델타의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 265의 서열을 갖는 IgC 도메인, 서열 식별 번호: 159의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 서열 L의 서열을 갖는 세포내 도메인을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 인간 TCR 감마의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 상기 인간 TCR 감마의 불변 도메인은 서열 식별 번호: 155의 서열을 갖는 IgC 도메인, 서열 식별 번호: 156의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 서열 식별 번호: 157의 서열을 갖는 세포내 도메인을 갖는다.

[0169] 일부 구체예들에서, 인간 CD3 입실론은 서열 식별 번호: 258의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 인간 CD3 입실론은 서열 식별 번호: 126의 서열을 갖는 세포외 도메인, 서열 식별 번호: 127의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 세포내 도메인, 가령, 서열 식별 번호: 128의 서열을 갖는 세포내 신호생성 도메인을 갖는다. 일부 구체예들에서, 인간 CD3 델타는 서열 식별 번호: 136의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 인간 CD3 델타는 서열 식별 번호: 138의 서열을 갖는 세포외 도메인, 서열 식별 번호: 139의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 세포내 도메인, 가령, 서열 식별 번호: 140의 서열을 갖는 세포내 신호생성 도메인을 갖는다. 일부 구체예들에서, 인간 CD3 감마는 서열 식별 번호: 130의 서열을 갖는다. 일부 구체예들에서, 인간 CD3 감마는 서열 식별 번호: 132의 서열을 갖는 세포외 도메인, 서열 식별 번호: 133의 서열을 갖는 막경유 도메인, 그리고 세포내 도메인, 가령, 서열 식별 번호: 134의 서열을 갖는 세포내 신호생성 도메인을 갖는다.

[0170] 범위: 본 개시 전반에 걸쳐, 본 개시의 다양한 측면이 범위 형식으로 제시될 수 있다. 범위 형식의 설명은 단지 편의성과 간결성을 위한 것이며, 본 발명의 범위에 대한 융통성 없는 제한으로 해석되어서는 안된다. 따라서, 범위에 대한 설명은 가능한 모든 하위 범위와 해당 범위 내의 개별 숫자 값을 구체적으로 공개한 것으로 간주되어야 한다. 예를 들면, 1 ~ 6과 같은 범위에 대한 설명은 1 ~ 3, 1 ~ 4, 1 ~ 5, 2 ~ 4, 2 ~ 6, 3 ~ 6 등과 같은 하위범위 뿐만 아니라, 해당 범위 내의 개별 수치 (가령, 1, 2, 2.7, 3, 4, 5, 5.3 및 6)를 구체적으로 공개한 것으로 간주되어야 한다. 다른 예로서, 95-99% 동일성 범위는 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 동일성을 가진 것을 포함하고, 96-99%, 96-98%, 96-97%, 97-99%, 97-98% 및 98-99% 동일성과 같은 하위범위를 포함한다. 이것은 범위의 폭에 관계없이 적용된다.

[0171] T 세포수용체들 (TCR) 융합 단백질 (TFP 및 TCR 불변 도메인을 포함하는 변형된 T 세포들을 이용하여, 질환, 이를 테면, 암 치료에 이용되는 물질의 조성물 및 방법이 본원에 제공되는데, 이때 상기 변형된 T 세포는 기능적으로 파괴된 내생성 TCR 소단위를 또한 보유한다. 본원에서 사용된 바와 같이, "T 세포수용체 (TCR) 융합 단백질" 또는 "TFP"에는 일반적으로, i) 표적 세포들 상의 표면 항원에 결합할 수 있고, 그리고 ii) T 세포의 표면 또는 표면 상에 공동-위치될 때, 전형적으로 무손상(intact) TCR 복합체의 다른 폴리펩티드 성분들과 상호작용할 수 있는 TCR을 포함하는 각종 폴리펩티드로부터 유래된 재조합 폴리펩티드가 내포된다. 본원에서 제공된 바와 같이, TFPs는 키메라 항원 수용체들과 비교하였을 때, 실질적인 잇점을 제공한다. 용어 "키메라 항원 수용체 (Chimeric Antigen Receptor)" 또는 대안으로 "CAR"란 가령, 단일 도메인 항체, 또는 scFv 형태의 세포외 항원

결합 도메인, 막경유 도메인, 그리고 하기에서 정의된 바의 자극 분자로부터 유래된 기능적 신호생성 도메인을 포함하는 세포질 신호생성 도메인 (본원에서 또한 "세포내 신호생성 도메인"로 지칭됨)을 포함하는 재조합 폴리펩티드 구조체를 지칭한다. 일반적으로, CAR의 중심 세포내 신호생성 도메인은 CD3 제타 쇄로부터 유래되며, 상기 TCR 복합체와 연루된 것으로 보통 발견된다. 상기 CD3 제타 신호생성 도메인은 적어도 하나의 공동-자극 분자,이를 테면 4-1BB (가령, CD137), CD27 및/또는 CD28로부터 유래된 하나 또는 그 이상의 기능성 신호전달 도메인과 융합될 수 있다.

[0172] **T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFPs)**

[0173] 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하며, 이때 상기 TFP는 결합 도메인, 가령, 항체 또는 항체 단편, 리간드, 또는 리간드 결합 단백질을 포함하고, 이때 상기 결합 도메인의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열에 인접하고, 이와 동일한 판독 틀 안에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 CD19, *가령,* 인간 CD19에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 메소텔린, *가령,* 인간 메소텔린에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 MUC16, *가령,* 인간 MUC16에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 CD20, *가령,* 인간 CD20에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 CD70, *가령,* 인간 CD70에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 CD79B, *가령,* 인간 CD79B에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 HER2, *가령,* 인간 HER2에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 PSMA, *가령,* 인간 PSMA에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 BCMA, *가령,* 인간 BCMA에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 ROR1, *가령,* 인간 ROR1에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 CD22, *가령,* 인간 CD22에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 GPC3, *가령,* 인간 GPC3에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 Nectin-4, *가령,* 인간 Nectin-4에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본 명세서는 TFPs를 인코딩하는 재조합 DNA 구조체들을 포괄하는데, 이때 상기 TFP는 Trop-2, *가령,* 인간 Trop-2에 특이적으로 결합하는 항체 단편을 포함하며, 이때 상기 항체 단편의 서열은 TCR 소단위 또는 이의 일부분을 인코딩하는 핵산 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이에 있다. 본원에 제공된 TFPs는 기능적 TCR 복합체를 형성하기 위해, 하나 또는 그 이상의 내생성 (또는 대안으로, 하나 또는 그 이상의 외생성, 또는 내생성과 외생성의 조합) TCR 소단위와 결합할 수 있다.

[0174] 하나의 측면에서, 본 명세서의 TFP는 항원 결합 도메인으로 지칭되는 표적-특이적 결합 요소를 포함한다. 모이어티의 선택은 표적 세포의 표면을 특정하는 표적 항원의 유형과 수에 따라 달라진다. 예를 들면, 상기 항원 결

합 도메인은 특정 질환 상태와 관련된 표적 세포 상에서 세포 표면 마커(marker)로서 작용하는 표적을 인지하도록 선택될 수 있다. 따라서, 본 명세서의 TFP에서 항원-결합 도메인에 대한 표적 항원으로 작용할 수 있는 세포 표면 마커들의 예로는 바이러스성 감염, 박테리아성 감염 및 기생충 감염; 자가면역 질환; 그리고 암 질환들 *(가령,* 악성 질환들)에 연루된 것들이 내포된다.

[0175] 하나의 측면에서, 상기 TFP-중재된 T 세포반응은 상기 TFP에서 원하는 항원에 특이적으로 결합하는 항원-결합 도메인을 공작하는 방식으로 관심대상 항원을 지향하도록 할 수 있다.

[0176] 상기 항원 결합 도메인은 상기 항원에 결합하는 임의의 도메인일 수 있는데, 가령, 단일클론성 항체, 다중클론성 항체, 재조합 항체, 인간 항체, 인간화된 항체, 그리고 이를 테면, 카멜리드 유래된 나노바디(nanobody)의 중쇄 가변성 도메인 (V_H), 경쇄 가변성 도메인 (V_L) 및 가변성 도메인 (V_{HH})이 내포되나, 이에 국한되지 않는 기능적 단편, 그리고 항원 결합 도메인으로 기능하는 당분야에 공지된 대체 스캐폴드, 이를 테면, 재조합 피브로넥틴 도메인, 안티칼린, DARPIN 및 이와 유사한 것들이 내포되나, 이에 국한되지 않는다. 유사하게 표적 항원을 특이적으로 인지하고, 이에 결합하는 천연 리간드 또는 합성 리간드를 상기 TFP의 항원 결합 도메인으로 이용할 수 있다. 일부 경우에서, TFP가 궁극적으로 사용될 동일한 종에서 항원 결합 도메인이 유래되는 것이 유익하다. 예를 들면, 인간에서 사용하기 위해, TFP의 항원 결합 도메인은 항체 또는 항체 단편의 항원 결합 도메인에 대한 인간 또는 인간화된 잔기를 포함하는 것이 유익할 수 있다.

[0177] 따라서, 하나의 측면에서, 상기 항원-결합 도메인은 인간화된 또는 인간 항체 또는 항체 단편, 또는 뮤린 항체 또는 항체 단편을 포함한다. 한 구체예에서, 상기 인간화된 또는 인간 항-TAA 결합 도메인은 본원에서 기술된 인간화된 또는 인간 항-TAA 결합 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역 1 (LC CDR1), 경쇄 상보성 결정 영역 2 (LC CDR2), 그리고 경쇄 상보성 결정 영역 3 (LC CDR3)중 하나 또는 그 이상 (*가령,* 세 가지 모두), 및/또는 본원에서 기술된 인간화된 또는 인간 항-CD19 결합 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역 1 (HC CDR1), 중쇄 상보성 결정 영역 2 (HC CDR2), 그리고 중쇄 상보성 결정 영역 3 (HC CDR3)중 하나 또는 그 이상(*가령,* 세 가지 모두)을 포함하고, *가령,* 인간화된 또는 인간 항-TAA 결합 도메인은 하나 또는 그 이상의, *가령,* 세 가지 모두의 LC CDRs 및 하나 또는 그 이상의, *가령,* 세 가지 모두의 HC CDRs을 포함한다. 한 구체예에서, 상기 인간화된 또는 인간 항-CD19 결합 도메인은 본원에서 기술된 인간화된 또는 인간 항-TAA 결합 도메인의 중쇄 상보적 결정 영역 1 (HC CDR1), 중쇄 상보적 결정 영역 2 (HC CDR2), 그리고 중쇄 상보적 결정 영역 3 (HC CDR3)중 하나 또는 그 이상의 *(가령,* 세 가지 모두)을 포함하며, *가령,* 상기 인간화된 또는 인간 항-TAA 결합 도메인은 두 개의 가변성 중쇄 영역을 갖는데, 각각은 본원에서 기술된 HC CDR1, HC CDR2 및 HC CDR3을 포함한다. 한 구체예에서, 상기 인간화된 또는 인간 항-TAA 결합 도메인은 본원에 기술된 인간화된 또는 인간 경쇄 가변 영역 및/또는 본원에 기술된 인간화된 또는 인간 중쇄 가변 영역을 포함한다. 한 구체예에서, 상기 인간화된 또는 인간 항-TAA 결합 도메인은 본원에서 기술된 인간화된 중쇄 가변 영역을 포함하는데, *가령,* 본원에서 기술된 적어도 두 개의인간화된 또는 인간 중쇄 가변 영역을 포함한다. 한 구체예에서, 상기 항-TAA 결합 도메인은 본원에서 기술된 아미노산 서열의 경쇄 및 중쇄를 포함하는 scFv이다. 구체예에서, 상기 항-=TAA 결합 도메인 (*가령,* scFv)은 다음을 포함한다: 본원에서 제공되는 경쇄 가변 영역의 아미노산 서열에서 적어도 하나, 둘 또는 세 개 변형 *(가령,* 치환) 그러나, 30개, 20개 또는 10개를 넘지 않는 변형 (가령, 치환)을 가지는 아미노산 서열, 또는 본원에서 제공되는 아미노산 서열에 대하여 95-99% 동일성을 갖는 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역; 및/또는 본원에서 제공되는 중쇄 가변 영역의 아미노산 서열에서 적어도 하나, 둘 또는 세 개 변형 *(가령,* 치환), 그러나, 30개, 20개 또는 10개를 넘지 않는 변형(가령, 치환)을 가지는 아미노산 서열, 또는 본원에서 제공되는 아미노산 서열에 대하여 95-99% 동일성을 갖는 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역. 한 구체예에서, 상기 인간화된 또는 인간 항-TAA 결합 도메인은 scFv이며, 그리고 본원에서 기술된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역은 링커, *가령,* 본원에서 기술된 링커를 통하여 본원에서 기술된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역에 부착된다. 한 구체예에서, 상기 인간화된 항-TAA 결합 도메인은 $(Gly_4-Ser)_n$ 링커를 함유하며, 이때 n은 1, 2, 3, 4, 5, 또는 6, 바람직하게는 3 또는 4이다. 상기 scFv의 경쇄 가변 영역과 중쇄 가변 영역은 다음중 하나의 방향을 가질 수 있다: *가령,* 경쇄 가변 영역-링커-중쇄 가변 영역 또는 중쇄 가변 영역-링커-경쇄 가변 영역. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 긴 링커 (LL) 서열을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 긴 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=2 ~ 4이다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 짧은 링커 (SL) 서열을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=1 ~ 3이다.

[0178] 일부 구체예들에서, 상기 항원-결합 도메인은 서열 식별 번호: 73의 경쇄 CDR1, 서열 식별 번호: 75의 경쇄 CDR2, 및 서열 식별 번호: 77의 경쇄 CDR3, 그리고 서열 식별 번호: 79의 중쇄 CDR1, 서열 식별 번호: 81의 중

쇄 CDR2, 및 서열 식별 번호: 83의 중쇄 CDR3을 갖는 항-CD19 인간화된 또는 인간 항체 또는 항체 단편, 또는 뮤린 항체 또는 항체 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-CD19 항체는 뮤린 scFv이다. 일부 구체예들에서, 상기 항-CD-19 항체는 서열 식별 번호: 85의 VL과 서열 식별 번호: 87의 VH를 포함한다.

[0179] 일부 구체예들에서, 상기 항원-결합 도메인은 서열 식별 번호: 60의 CDR1, 서열 식별 번호: 61의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 62의 CDR3 또는 서열 식별 번호: 63의 CDR1, 서열 식별 번호: 64의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 65의 CDR3 또는 서열 식별 번호: 66의 CDR1, 서열 식별 번호: 67의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 68의 CDR3을 갖는 항-메소텔린 인간화된 또는 인간 단일 도메인 항체 또는 항체 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항-메소텔린 항체는 서열 식별 번호: 69, 서열 식별 번호: 70, 또는 서열 식별 번호: 71의 가변 도메인을 갖는다.

[0180] 일부 구체예들에서, 상기 항원-결합 도메인은 서열 식별 번호: 88의 CDR1, 서열 식별 번호: 89의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 90의 CDR3, 또는 서열 식별 번호: 92의 CDR1, 서열 식별 번호: 93의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 94의 CDR3, 또는 서열 식별 번호: 96의 CDR1, 서열 식별 번호: 97의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 98의 CDR3, 또는 서열 식별 번호: 100의 CDR1, 서열 식별 번호: 101의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 102의 CDR3, 또는 서열 식별 번호: 104의 CDR1, 서열 식별 번호: 105의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 106의 CDR3, 또는 서열 식별 번호: 108의 CDR1, 서열 식별 번호: 109의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 110의 CDR3, 또는 서열 식별 번호: 112의 CDR1, 서열 식별 번호: 113의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 114의 CDR3, 또는 서열 식별 번호116의 CDR1, 서열 식별 번호: 117의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 118의 CDR3, 또는 서열 식별 번호: 120의 CDR1, 서열 식별 번호: 121의 CDR2, 및 서열 식별 번호: 122의 CDR3을 갖는 항-메소텔린 인간화된 또는 인간 단일 도메인 항체 또는 항체 단편을 포함한다.

[0181] 일부 측면들에서, 인간이-아닌 항체는 인간화되며, 여기에서 항체의 특이적 서열 또는 영역은 인간 또는 이의 결합 단편에서 자연적으로 만들어지는 항체와의 유사성이 증가되도록 변형된다. 한 측면에서, 상기 항원 결합 도메인은 인간화된다.

[0182] 인간화된 항체는 다음의 기술을 포함하나, 이에 국한되지 않은 당분야에 공지된 다양한 기술을 이용하여 만들어질 수 있다: CDR-그래프팅(grafting) (*가령,* 유럽 특허 번호 EP 239,400; 국제 공개 번호. WO 91/09967; 그리고 U.S. 특허 번호 5,225,539, 5,530,101, 그리고 5,585,089 참고, 각각은 이의 전문이 본원의 참고자료에 편입됨), 베니어링(veneering) 또는 재포장(resurfacing) (*가령,* 유럽 특허 번호 EP 592,106 및 EP 519,596; Padlan, 1991, Molecular Immunology, 28(4/5):489-498; Studnicka et al., 1994, Protein Engineering, 7(6):805-814; 그리고 Roguska et al., 1994, PNAS, 91:969-973, 각각은 이의 전문이 본원의 참고자료에 편입됨), 쇄 셔플링(shuffling) (*가령,* U.S. 특허 번호 5,565,332 참고, 이의 전문이 본원의 참고자료에 편입됨), 그리고 *가령,* U.S.특허 출원 공개 번호. US2005/0042664, U.S. 특허 출원 공개 번호. US2005/0048617, U.S. 특허 번호 6,407,213, U.S. 특허 번호 5,766,886, 국제 공개 번호. WO 9317105, Tan et al., J. Immunol., 169:1119-25 (2002), Caldas et al., Protein Eng., 13(5):353-60 (2000), Morea et al., Methods, 20(3):267-79 (2000), Baca et al., J. Biol. Chem., 272(16):10678-84 (1997), Roguska et al., Protein Eng., 9(10):895-904 (1996), Couto et al., Cancer Res., 55 (23 Supp):5973s-5977s (1995), Couto et al., Cancer Res., 55(8):1717-22 (1995), Sandhu J S, Gene, 150(2):409-10 (1994), 그리고 Pedersen et al., J. Mol. Biol., 235(3):959-73 (1994)에 기술된 기술(각각은 이의 전문이 본원의 참고자료에 편입됨). 대개, 프레임워크 영역의 프레임워크 잔기들은 예를 들어, 항원 결합을 개선하기 위해, CDR 공여자 항체로부터의 상응하는 잔기로 치환될 것이다. 이러한 프레임워크 치환은 당업계에 잘 알려진 방법, 예를 들어, 항원 결합에 중요한 프레임워크 잔기를 확인하기 위한 CDR 및 프레임워크 잔기의 상호 작용 모델링 및 특정 위치에서 비정상적인 프레임워크 잔기를 확인하기 위한 서열 비교에 의해 확인된다 (*가령,* Queen et al., U.S. 특허 번호. 5,585,089; 그리고 Riechmann et al., 1988, Nature, 332:323 참고, 이들의 전문은 본원의 참고자료에 편입됨)

[0183] 인간화된 항체 또는 항체 단편은 인간이-아닌 공급원으로부터 그 안에 남아있는 하나 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 갖는다. 이들 비-인간 아미노산 잔기들은 대개 "수입(import)" 잔기라고 하며, "수입" 가변 도메인으로부터 전형적으로 취해진다. 본원에서 제공된 바와 같이, 인간화된 항체들 또는 항체 단편들은 비-인간 면역글로불린 분자들의 하나 또는 그 이상의 CDRs와 프레임워크 영역들을 포함하며, 이때 상기 프레임워크를 포함하는 아미노산 잔기들은 인간 생식계열로부터 완전하게 또는 대부분 유래된다. 항체들 또는 항체 단편들의 인간화를 위한 다중 기술들이 당분야에 공지되어 있고, Winter 및 공동-작업자들의 방법 (Jones et al., Nature, 321:522-525 (1986); Riechmann et al., Nature, 332:323-327 (1988); Verhoeyen et al., Science, 239:1534-1536 (1988))에 따라, 인간 항체의 대응하는 서열을 설치류 CDRs 또는 CDR 서열로 대체함으로써, 가령, CDR-그래프팅에 의해 기본적으로 실행될 수 있다 (EP 239,400; PCT 공개 번호 WO 91/09967; 그리고 U.S. 특허 번호.

4,816,567; 6,331,415; 5,225,539; 5,530,101; 5,585,089; 6,548,640, 이의 내용은 이들의 전문이 본원의 참고자료에 편입됨). 이러한 인간화된 항체들과 항체 단편들에서, 무손상 인간 가변 도메인보다 실질적으로 적은 수가 비-인간 종의 상응하는 서열로 대체되었다. 인간화된 항체들은 대개 이의 일부 CDR 잔기들과 아마도 일부 프레임워크 (FR) 잔기들이 설치류 항체들의 유사 부위의 잔기로 대체된, 인간 항체들이다. 항체들과 항체 단편들의 인간화는 베니어링(veneering) 또는 재포장(resurfacing) (EP 592,106; EP 519,596; Padlan, 1991, Molecular Immunology, 28(4/5):489-498; Studnicka et al., Protein Engineering, 7(6):805-814 (1994); 그리고 Roguska et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 91:969-973 (1994)) 또는 쇄 셔플링(shuffling) (U.S. 특허 번호 5,565,332)에 의해 또한 이루어질 수 있으며, 상기 자료 내용은 이의 전문이 본원의 참고자료에 편입된다.

[0184] 이러한 인간화된 항체를 만드는데 이용되는 인간의 중쇄와 경쇄 모두의 가변성 도메인의 선택은 항원성의 감소를 위함이다. 소위 "최적(best-fit)" 방법에 따라, 설치류 항체의 가변 도메인의 서열을 공지된 인간 가변 도메인 서열의 전체 라이브러리에 대해 스크리닝한다. 설치류의 서열과 가장 가까운 인간 서열은 인간화된 항체에 대한 인간 프레임워크(FR)로 선택될 수 있다 (Sims et al., J. Immunol., 151:2296 (1993); Chothia et al., J. Mol. Biol., 196:901 (1987), 상기 자료 내용은 이의 전문이 본원의 참고자료에 편입된다). 다른 방법은 경쇄 또는 중쇄의 특정 하위 군의 모든 인간 항체의 컨센서스(consensus) 서열로부터 유도된 특정 프레임워크을 사용한다. 몇 가지 상이한 인간화된 항체에 대하여 동일한 프레임워크가 이용될 수 있다 (*가령,* Nicholson et al. Mol. Immun. 34 (16-17): 1157-1165 (1997); Carter et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89:4285 (1992); Presta et al., J. Immunol., 151:2623 (1993) 참고, 상기 자료 내용은 이의 전문이 본원의 참고자료에 편입된다). 일부 구체예들에서, 중쇄 가변 영역의 프레임워크 영역, *가령,* 네 개의 모든 프레임워크 영역은 V_H4-4-59 생식계열 서열로부터 유래된다. 한 구체예에서, 상기 프레임워크 영역은 *가령,* 대응하는 뮤린 서열의 아미노산에서 하나, 둘, 셋, 넷, 또는 다섯 개의 변형, *가령,* 치환을 포함할 수 있다. 한 구체예에서, 경쇄 가변 영역의 상기 프레임워크 영역, *가령,* 네 개의 모두 프레임워크 영역은 VK3-1.25 생식계열 서열로부터 유래된다. 한 구체예에서, 상기 프레임워크 영역은 *가령,* 대응하는 뮤린 서열의 아미노산에서 하나, 둘, 셋, 넷, 또는 다섯 개의 변형, *가령,* 치환을 포함할 수 있다.

[0185] 일부 측면들에서, 항체 단편을 포함하는 본 명세서의 TFP 조성물의 일부분은 표적 항원에 대한 높은 친화력을 유지하고, 기타 우호적인 생물학적 성질을 갖도록 인간화된다. 본 명세서의 한 측면에 따르면, 인간화된 항체들 및 항체 단편들은 부모 서열 및 인간화된 서열의 3-차원 모델을 사용하여, 부모 서열 및 다양한 개념적 인간화 생성물을 분석하는 공정에 의해 제조된다. 3-차원 면역글로불린 모델은 일반적으로 이용가능하며 당업자에게 익숙하다. 선택된 후보 면역글로불린 서열의 가능한 3-차원 형태적 구조를 설명하고, 표시하는 컴퓨터 프로그램이 이용 가능하다. 이러한 디스플레이의 검사는 후보 면역글로불린 서열의 기능에서 잔기의 가능한 역할의 분석, *가령,* 후보 면역글로블린이 표적 항원에 결합하는 능력에 영향을 미치는 잔기의 분석을 허용한다. 이러한 방식으로, FR 잔기는 수용체 및 수입 서열로부터 선택되고 결합되어, 표적 항원에 대한 증가된 친화력과 같은 원하는 항체 또는 항체 단편 특성이 달성된다. 일반적으로, CDR 잔기는 항원 결합에 영향을 미치는데 직접적이고 가장 실질적으로 관여한다.

[0186] 인간화된 항체 또는 항체 단편은 기원 항체와 유사한 항원 특이성을 유지할 수 있는데, *가령,* 본 명세서에서 인간 종양 연합된 항원(TAA)에 결합하는 능력을 유지할 수 있다. 일부 구체예들에서, 인간화된 항체 또는 항체 단편은 가령, 인간 CD19, 인간 BCMA, 또는 또다른 종양 연합된 항원에 대해 개선된 친화력 및/또는 특이성을 가질 수 있다.

[0187] 한 측면에서, 상기 결합 도메인은 항체 또는 항체 단편의 특정 기능적 특징 또는 속성에 의해 특징화된다. 예를 들면, 한 측면에서, 항원 결합 도메인을 포함하는, 본 명세서의 TFP 조성물의 일부분은 인간 CD19에 특이적으로 결합한다. 하나의 측면에서, 상기 항원 결합 도메인은 인간 CD19에 대하여 Nicholson et al. Mol. Immun. 34 (16-17): 1157-1165 (1997)에서 기술된 FMC63 scFv와 동일한 또는 유사한 결합 특이성을 갖는다. 하나의 측면에서, 본 명세서는 항체 또는 항체 단편을 포함하는 항원 결합 도메인에 관계하는데, 이때 상기 항체 결합 도메인은 CD19 또는 BCMA 단백질 또는 이의 단편에 특이적으로 결합하고, 이때 상기 항체 또는 항체 단편은 본원에서 제공되는 아미노산 서열을 내포하는 가변성 경쇄 및/또는 가변성 중쇄를 포함한다. 특정 측면들에서, 상기 scFv은 리더 서열과 동일한 판독 틀에 인접하고, 이 안에 있다.

[0188] 한 측면에서, 상기 항-종양-연합된 항원 결합 도메인은 단편, *가령,* 단일 쇄 가변 단편 (scFv)이다. 한 측면에서, 상기 항-TAA 결합 도메인은 Fv, Fab, $(Fab')_2$, 또는 이중-기능성 (*가령,* 이중-특이적) 하이브리드 항체다

(*가령,* Lanzavecchia et al., *Eur. J. Immunol.* 17, 105 (1987)). 하나의 측면에서, 본 명세서의 상기 항체들과 이의 단편들은 야생형 또는 강화된 친화력으로 CD19 단백질에 결합한다. 또다른 측면에서, 상기 항-TAA 결합 도메인은 단일 도메인 항체 (sdAb 또는 VHH)를 포함한다.

[0189] 표적 항원 *(가령,* 융합 모이어티 결합 도메인의 표적에 대하여 본 명세서의 도처에서 기술된 CD19, BCMA 또는 임의의 표적 항원)에 특이적인 항체 항원 결합 도메인을 수득하는 방법들이 또한 본원에서 제공되는데, 상기 방법은 다음을 포함한다: 본원에서 제시된 V_H 도메인의 아미노산 서열에 하나 또는 그 이상의 아미노산을 추가, 결손, 치환 또는 삽입의 방식으로, 당해 V_H 도메인의 아미노산 서열 변이체인 V_H 도메인을 제공하고, 이에 따라 제공된 V_H 도메인에 임의선택적으로 하나 또는 그 이상의 V_L 도메인을 복합시키고, 그리고 V_H 도메인 또는 V_H/V_L 조합 또는 조합들을 테스트하여 관심 대상의 표적 항원*(가령,* MSLN, CD79B, 등등)에 특이적이고, 임의선택적으로 하나 또는 그 이상의 원하는 성질을 갖는, 특이적 결합 구성원 또는 항체 항원 결합 도메인을 식별해낸다.

[0190] 일부 경우에서, V_H 도메인과 scFvs는 당분야에 공지된 방법에 따라 만들어질 수 있다 (예를 들면, Bird et al., (1988) Science 242:423-426 및 Huston et al., (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:5879-5883 참고). scFv 분자들은 유연성 폴리펩티드 링커들을 이용하여 V_H 영역과 V_L 영역을 연계시켜 만들 수 있다. 상기 scFv 분자들은 최적화된 길이 및/또는 아미노산 조성물을 갖는 링커 *(가령,* Ser-Gly 링커)를 포함한다. 상기 링커 길이는 scFv의 가변 영역이 접히고, 상호 작용하는 방식에 크게 영향을 줄 수 있다. 실제, 짧은*(가령,* 5-10개의 아미노산) 폴리펩티드 링커가 이용된다면, 쇄-내(intra) 폴딩이 방해된다. 기능적 에피토프 결합 부위를 형성하기 위하여 두 개의 가변 영역을 함께 가져올 때, 쇄-간(inter) 폴딩이 필요하다. 일부 경우들에서, 상기 링커 서열은 링커 서열을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 긴 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=2 ~ 4이다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=1 ~ 3이다. 링커의 방향 및 크기의 예시는 *가령,* Hollinger et al. 1993 *Proc Natl Acad. Sci. U.S.A.* 90:6444-6448, U.S. 특허 출원 공개 번호 2005/0100543, 2005/0175606, 2007/0014794, 그리고 PCT 공개 번호. WO2006/020258 및 WO2007/024715를 참고한다(이들은 본원의 참고자료에 편입됨).

[0191] scFv는 이의 V_L 영역과 V_H 영역 사이에 약 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 또는 15개 이상의 잔기로 된 링커를 포함할 수 있다. 상기 링커 서열은 임의의 자연 발생적 아미노산을 포함할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 링커 서열은 아미노산 글리신과 세린을 포함한다. 또다른 구체예에서, 상기 링커 서열은 글리신 및 세린 반복부, 이를 테면, $(Gly_4Ser)_n$을 포함하고, 여기에서 n은 1이거나 또는 이보다 큰 양의 정수다. 한 구체예에서, 상기 링커는 $(Gly_4Ser)_4$ 또는 $(Gly_4Ser)_3$일 수 있다. 링커 길이의 변화는 활성을 유지하거나 또는 향상시킬 수 있고, 활성 연구에서 우수한 효능을 제공한다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 $(G_4S)_n$를 포함하며, 이때 n=2 ~ 4이다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=1 ~ 3이다.

[0192] *안정성과 돌연변이*

[0193] 종양 연합된 항원 결합 도메인, *가령,* scFv 분자들 *(가령,* 가용성 scFv)의 안정성은 전통적인 대조군 scFv 분자 또는 전장-항체의 생물물리적 성질 *(가령,* 열 안정성)에 기준하여 평가될 수 있다. 한 구체예에서, 상기 인간화된 또는 인간 scFv는 기술된 검정에서 부모 scFv보다 섭씨 약 0.1, 약 0.25, 약 0.5, 약 0.75, 약 1, 약 1.25, 약 1.5, 약 1.75, 약 2, 약 2.5, 약 3, 약 3.5, 약 4, 약 4.5, 약 5, 약 5.5, 약 6, 약 6.5, 약 7, 약 7.5, 약 8, 약 8.5, 약 9, 약 9.5, 약 10 도, 약 11 도, 약 12 도, 약 13 도, 약 14 도, 또는 약 15 도 이상의 열 안정성을 갖는다.

[0194] 상기 항-TAA 결합 도메인, *가령,* scFv의 개선된 열 안정성은 항-TAA-TFP 전체 구조체에 후속적으로 부여되어, 상기 항-TAA TFP 구조체의 개선된 치료요법적 성질로 이어질 수 있다. 상기 결합 도메인, *가령,* scFv의 열 안정성은 전통적인 항체와 비교하였을 때, 적어도 약 2 ℃ 또는 3 ℃ 개선될 수 있다. 한 구체예에서, 상기 결합 도메인은 전통적인 항체와 비교하였을 때, 1 ℃ 개선된 열 안정성을 갖는다. 또다른 구체예에서, 상기 결합 도메인은 전통적인 항체와 비교하였을 때, 2 ℃ 개선된 열 안정성을 갖는다. 또다른 구체예에서, 상기 scFv는 전통적인 항체와 비교하였을 때, 4 ℃, 5 ℃, 6 ℃, 7 ℃, 8 ℃, 9 ℃, 10 ℃, 11 ℃, 12 ℃, 13 ℃, 14 ℃, 또는 15 ℃ 개선된 열 안정성을 갖는다. 예를 들면, 본원에서 기술된 scFv 분자들과 상기 scFv V_H 및 V_L이 유래된 항체의 scFv 분자들 또는 Fab 단편들 간에 비교가 이루어질 수 있다. 열 안정성은 당분야에 공지된 공통적 방법들

에 의해 측정될 수 있다. 예를 들면, 한 구체예에서, T_M이 측정될 수 있다. T_M을 측정하는 방법들과 단백질 안정성을 결정하는 다른 방법들이 하기에서 상세하게 기술된다.

[0195] 항체 서열에서 돌연변이 (가용성 scFv의 인간화 또는 직접 돌연변이 유발을 통하여 발생)는 상기 항체 또는 이의 단편의 안정성을 변경시키고, 상기 항체 및 TFP 구조체의 전반적인 안정성을 개선시킨다. 상기 인간화된 항체 또는 이의 단편의 안정성은 측정, 이를 테면 T_M, 변성 온도 및 응집 온도의 측정을 통하여, 뮤린 항체 또는 이의 단편과 비교된다. 한 구체예에서, 상기 결합 도메인, *가령,* scFv 또는 sdAb는 인간화 과정으로 발생된 적어도 하나의 돌연변이를 포함하고, 이러한 돌연변이된 scFv는 상기 항-TAA TFP 구조체에 개선된 안정성을 부여한다. 또다른 구체예에서, 상기 항-TAA 결합 도메인, *가령,* scFv 또는 sdAb는 인간화 과정으로 발생된 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개의 돌연변이를 포함하고, 이러한 돌연변이된 scFv 또는 sdAb는 TAA-TFP 구조체에 개선된 안정성을 부여한다.

[0196] 하나의 측면에서, 상기 TFP의 항원 결합 도메인은 본원에서 기술된 항원 결합 도메인 아미노산 서열에 대하여 상동성인 아미노산 서열을 포함하며, 그리고 상기 항원 결합 도메인은 본원에서 기술된 항-종양-연합된 항원 항체 단편들의 원하는 기능적 성질을 유지한다. 하나의 특정 측면에서, 상기 본 명세서의 TFP 조성물은 항체 단편을 포함한다. 추가 측면에서, 이 항체 단편은 scFv를 포함한다.

[0197] 다양한 측면들에서, 하나 또는 이둘 모두의 가변 영역 *(가령,* V_H 및/또는 V_L), 예를 들면, 하나 또는 그 이상의 CDR 영역 안에 및/또는 하나 또는 그 이상의 프레임워크 영역 안에 하나 또는 그 이상의 아미노산을 변형시킴으로써, 상기 TFP의 항원 결합 도메인이 공작된다. 하나의 특정 측면에서, 상기 본 명세서의 TFP 조성물은 항체 단편을 포함한다. 추가 측면에서, 이 항체 단편은 scFv를 포함한다.

[0198] 본 명세서의 항체 또는 항체 단편은 이들의 아미노산 서열의 변화 *(가령,* 야생형으로부터 변화)되기만, 그러나 원하는 활성에서는 변화가 없는, 추가 변형이 있을 수 있음을 당업자는 인지할 것이다. 예를 들면, "비-필수(essential)" 아미노산 잔기에서 아미노산 치환을 유도하는 추가 뉴클레오티드 치환이 당해 단백질에서 만들어질 수 있다. 예를 들면, 한 분자에서 비-필수 아미노산 잔기는 동일한 측쇄 패밀리의 또다른 아미노산 잔기로 대체될 수 있다. 또다른 구체예에서, 아미노산들의 스트링은 측쇄 패밀리 구성원의 순서 및/또는 조성에서 상이하지만 구조적으로 유사한 아미노산 스트링으로 대체될 수 있는데, *가령,* 보존적 치환, 즉, 한 아미노산 잔기가 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기로 치환이 만들어질 수 있다.

[0199] 당분야에 정의된 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기의 패밀리는 염기성 측쇄 (가령, 리신, 아르기닌, 히스티딘), 산성 측쇄 (가령, 아스파르트산, 글루탐산), 하전되지 않은 극성한 측쇄 (가령, 글리신, 아스파라긴, 글루타민, 세린, 트레오닌, 티로신, 시스테인), 비극성 측쇄 (가령, 알라닌, 발린, 류신, 이소류신, 프롤린, 페닐알라닌, 메티오닌, 트립토판), 베타-분지 측쇄 (가령, 트레오닌, 발린, 이소류신) 및 방향족 측쇄 (가령, 티로신, 페닐알라닌, 트립토판, 히스티딘)을 포함한다.

[0200] 두 가지 또는 그 이상의 핵산 또는 폴리펩티드 서열들 내용에서 용어 동일성 백분율은 동일한 두 가지 또는 그 이상의 서열을 지칭한다. 서열들이 하기 서열 비교 창에 걸쳐, 또는 명시된 영역에서, 다음의 서열 비교 알고리즘들중 하나를 이용하여 측정될 때, 또는 수작업 배열 및 눈으로 관찰에 의해 측정될 때, 두 서열이 동일한 아미노산 잔기들 또는 뉴클레오티드들의 백분율 *(가령,* 명시된 영역, 또는 명시되지 않을 경우 전체 서열에 걸쳐 60% 동일성, 임의선택적으로 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 동일성)하다면, 이 두 서열은 "실질적으로 동일하다". 임의선택적으로, 적어도 약 50개 뉴클레오티드들 (또는 10개 아미노산) 길이의 영역, 또는 더 바람직하게는 100개 내지 500개 또는 1000개 또는 그 이상의 뉴클레오티드들 (또는 20개, 50개, 200개 또는 그 이상의 아미노산) 길이의 영역에 걸쳐 동일성이 존재한다.

[0201] 서열 비교를 위해, 전형적으로 테스트 서열과 비교되는 하나의 서열은 기준 서열로 삼는다. 서열 비교 알고리즘을 사용하는 경우, 테스트 서열과 기준 서열을 컴퓨터에 유입하고, 필요에 따라 하위 서열 좌표를 지정하고, 그리고 서열 알고리즘 프로그램 매개 변수를 지정한다. 디폴트 프로그램 매개 변수를 사용할 수 있거나, 대체 매개 변수를 지정할 수 있다. 그 다음, 서열 비교 알고리즘은 프로그램 매개 변수에 기초하여, 기준 서열에 대한 테스트 서열의 서열 동일성 백분율을 산출한다. 비교를 위한 서열 정렬 방법들은 당업계에 잘 알려져 있다. *가령,* Smith and Waterman, (1970) Adv. Appl. Math. 2:482c의 국소 상동성 알고리즘, Needleman and Wunsch, (1970) *J. Mol. Biol.* 48:443의 상동성 정렬 알고리즘, Pearson and Lipman, (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85:2444의 유사성 방법의 조사, Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575

Science Dr., Madison, Wis.에서 이들 알고리즘 GAP, BESTFIT, FASTA, 그리고 TFASTA의 자동 실행, 또는 수작업 정렬 및 시각적 관찰(*가령,* Brent et al., (2003) Current Protocols in Molecular Biology 참고)에 의해, 비교를 위한 최적의 서열 정렬을 수행할 수 있다. 서열 동일성 백분율 및 서열 유사성 백분율을 결정하는데 적합한 두 가지 예시적인 알고리즘이 BLAST 및 BLAST 2.0 알고리즘이며, 이들은 차례로 Altschul et al., (1977) *Nuc. Acids Res.* 25:3389-3402; 그리고 Altschul et al., (1990) *J. Mol. Biol.* 215:403-410에서 기술된다. BLAST 분석을 수행하기 위한 소프트웨어는 National Center for Biotechnology Information를 통해 공개적으로 제공된다.

[0202] 하나의 측면에서, 본 명세서에서는 출발 항체 또는 단편 *(가령,* scFv)의 아미노산 서열을 변형시켜, 기능적으로 등가의 분자들을 만드는 것이 고려된다. 예를 들면, 상기 TFP에 포함된 결합 도메인, *가령,* scFv의 V_H 또는 V_L는 항-CD19 결합 도메인, *가령,* scFv의 출발 V_H 또는 V_L 프레임워크 영역과 적어도 약 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일성이 유지되도록 변형될 수 있다. 본 명세서에서는 전체 TFP 구조체의 변형이 고려되는데, *가령,* 기능적으로 등가의 분자들을 만들기 위하여, 상기 TFP 구조체의 다양한 도메인의 하나 또는 그 이상의 아미노산 서열에 변형이 고려된다. 상기 TFP 구조체는 출발 TFP 구조체에 대하여 적어도 약 70%, 71%. 72%. 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일성이 유지되도록 변형될 수 있다.

[0203] *세포외 도메인*

[0204] 상기 세포외 도메인은 천연 원천 또는 재조합 원천으로부터 유래될 수 있다. 여기에서 원천이 자연 원천인 경우, 이 도메인은 임의의 단백질, 그러나 특히 막-결합된 단백질 또는 막경유 단백질로부터 유래된다. 하나의 측면에서, 상기 세포외 도메인은 상기 막경유 도메인과 연합될 수 있다. 본 명세서에서 특정 용도의 세포외 도메인은 적어도 T 세포 수용체의 알파 쇄, 베타 쇄 또는 제타 쇄, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포외 영역(들)을 함유할 수 있거나, 또는 대체 구체예들에서, CD28, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, CD154의 세포외 영역(들)을 함유할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 TCR 세포외 도메인이다. 일부 경우에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다.

[0205] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 델타 쇄, 또는 TCR 감마 쇄의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 델타 쇄, 또는 TCR 감마 쇄의 IgC 도메인을 포함한다.

[0206] 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 델타 쇄, 또는 TCR 감마 쇄의 상기 세포외 도메인의 적어도 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개, 26개, 27개, 28개, 29개, 30개, 31개, 32개, 33개, 34개, 35개, 36개, 37개, 38개, 39개, 40개, 41개, 42개, 43개, 44개, 45개, 46개, 47개, 48개, 49개, 50개, 51개, 52개, 53개, 54개, 55개, 56개, 57개, 58개, 59개, 60개, 61개, 62개, 63개, 64개, 65개, 66개, 67개, 68개, 69개, 70개, 71개, 72개, 73개, 74개, 75개, 76개, 77개, 78개, 79개, 80개, 81개, 82개, 83개, 84개, 85개, 86개, 87개, 88개, 89개, 90개, 91개, 92개, 93개, 94개, 95개, 96개, 97개, 98개, 99개, 100개 또는 그 이상의 연속 아미노산 잔기들을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 델타 쇄, 또는 TCR 감마 쇄의 세포외 도메인을 인코딩하는 서열에 대해 적어도 약 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% 또는 그 이상의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 N-말단 또는 C-말단, 또는 N-말단과 C-말단 모두에서 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개 또는 그 이상의 아미노산 절두를 갖는, TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 델타 쇄, 또는 TCR 감마 쇄의 세포외 도메인을 인코드하는 서열을 포함한다.

[0207] 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 TCR 알파, TCR 베타, TCR 델타, 또는 TCR 감마의 IgC 도메인의 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개, 26개, 27개, 28개, 29개, 30개, 31개, 32개, 33개, 34개, 35개, 36개, 37개, 38개, 39개, 40개, 41개, 42개, 43개, 44개, 45개, 46개, 47개, 48개, 49개, 50개, 51개, 52개, 53개, 54개, 55개, 56개, 57개,

58개, 59개, 60개, 61개, 62개, 63개, 64개, 65개, 66개, 67개, 68개, 69개, 70개, 71개, 72개, 73개, 74개, 75개, 76개, 77개, 78개, 79개, 80개, 81개, 82개, 83개, 84개, 85개, 86개, 87개, 88개, 89개, 90개, 91개, 92개, 93개, 94개, 95개, 96개, 97개, 98개, 99개, 100개 또는 그 이상의 연속 아미노산 잔기들을 포함하거나, 또는 적어도 이들 개수의 아미노산 잔기들을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 TCR 알파, TCR 베타, TCR 델타, 또는 TCR 감마의 IgC 도메인을 인코딩하는 서열에 대해 적어도 약 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% 또는 그 이상의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 N-말단 또는 C-말단, 또는 N-말단과 C-말단 모두에서 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개 또는 그 이상의 아미노산 절두를 갖는, TCR 알파, TCR 베타, TCR 델타, 또는 TCR 감마의 IgC 도메인을 인코드하는 서열을 포함한다.

[0208] 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 세포외 도메인의 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개, 26개, 27개, 28개, 29개, 30개, 31개, 32개, 33개, 34개, 35개, 36개, 37개, 38개, 39개, 40개, 41개, 42개, 43개, 44개, 45개, 46개, 47개, 48개, 49개, 50개, 51개, 52개, 53개, 54개, 55개, 56개, 57개, 58개, 59개, 60개, 61개, 62개, 63개, 64개, 65개, 66개, 67개, 68개, 69개, 70개, 71개, 72개, 73개, 74개, 75개, 76개, 77개, 78개, 79개, 80개, 81개, 82개, 83개, 84개, 85개, 86개, 87개, 88개, 89개, 90개, 91개, 92개, 93개, 94개, 95개, 96개, 97개, 98개, 99개, 100개 또는 그 이상의 연속 아미노산 잔기들을 포함하거나, 또는 적어도 이들 개수의 아미노산 잔기들을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 세포외 도메인을 인코딩하는 서열에 대해 적어도 약 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% 또는 그 이상의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 N-말단 또는 C-말단, 또는 N-말단과 C-말단 모두에서 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개 또는 그 이상의 아미노산 절두를 갖는, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 세포외 도메인을 인코드하는 서열을 포함한다.

[0209] 상기 세포외 도메인은 TCR 세포외 도메인일 수 있다. 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위 또는 CD3 델타 TCR 소단위로부터 유래될 수 있다. 상기 세포외 도메인은 전장의 TCR 세포외 도메인 또는 이의 단편 (가령, 기능성 단편)일 수 있다. 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 가변 도메인을 포함할 수 있다. 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 가변 도메인과 불변 도메인을 포함할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 세포외 도메인은 가변 도메인을 포함하지 않을 수 있다.

[0210] 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 불변 도메인을 포함할 수 있다. 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 전장의 불변 도메인을 포함할 수 있다. 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 전장의 불변 도메인의 단편 (가령, 기능성 단편)을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 불변 도메인의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 포함할 수 있다.

[0211] 본원에서 기술된 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄는 다양한 종으로부터 유래될 수 있다. 상기 TCR 쇄는 뮤린 또는 인간 TCR 쇄일 수 있다. 예를 들면, 상기 세포외 도메인은 뮤린 TCR 알파 쇄, 뮤린 TCR 베타 쇄, 인간 TCR 감마 쇄 또는 인간 TCR 델타 쇄의 불변 도메인을 포함할 수 있다.

[0212] *막경유 도메인*

[0213] 일반적으로, TFP 서열은 단일 게놈 서열에 의해 인코드된 세포외 도메인과 막경유 도메인을 함유한다. 대체 구체예들에서, TFP는 당해 TFP의 세포외 도메인에 대하여 이종기원의 막경유 도메인을 포함하도록 기획될 수 있다. 막경유 도메인은 상기 막경유 영역에 인접한 하나 또는 그 이상의 추가적인 아미노산을 포함할 수 있는데, 가령, 상기 막경유 영역이 유래된 단백질의 세포외 영역과 연합된 *가령,* 하나 또는 그 이상의 아미노산 *(가령,* 상기 세포외 영역의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개, 26개, 27개, 28개, 29개, 30개 또

는 그 이상의 아미노산) 및/또는 상기 막경유 단백질이 유래된 단백질의 세포내 영역과 연합된 하나 또는 그 이상의 추가 아미노산 (*가령,* 상기 세포내 영역의 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개, 26개, 27개, 28개, 29개, 30개, 또는 그 이상의 아미노산)을 포함할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 막경유 도메인에는 상기 세포외 영역의 적어도 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개 또는 그 이상의 아미노산이 내포될 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 막경유 도메인에는 상기 세포내 영역의 적어도 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개 또는 그 이상의 아미노산이 내포될 수 있다. 하나의 측면에서, 상기 막경유 도메인은 상기 TFP의 다른 도메인들중 하나와 연합되어 이용된 도메인이다. 일부 경우들에서, 가령, 상기 수용체 복합체의 다른 구성요소들과의 상호작용을 최소화시키기 위하여, 상기 막통과 도메인은 동일한 또는 상이한 표면 막 단백질의 막통과 도메인에 이러한 도메인이 결합되는 것을 회피하도록 아미노산 치환으로 선택되거나 또는 변형될 수 있다. 하나의 측면에서, 상기 막경유 도메인은 상기 TFP-T 세포 표면 상에서 또다른 TFP와 동종이량체화될 수 있다. 상이한 측면에서, 상기 막통과 도메인의 아미노산 서열은 동일한 TFP에 존재하는 고유의 결합 짝의 결합 도메인과의 상호작용을 최소화하도록, 변형되거나 또는 치환될 수 있다.

[0214] 상기 막경유 도메인은 천연 원천 또는 재조합 원천으로부터 유래될 수 있다. 여기에서 상기 원천이 자연 원천인 경우, 이 도메인은 임의의 막-결합된 단백질 또는 막경유 단백질로부터 유래된다. 하나의 측면에서, 상기 막경유 도메인은 상기 TFP가 표적에 결합되었을 때 마다, 상기 세포내 도메인(들)로 신호전달할 수 있다. 일부 경우에서, 상기 TCR-통합된 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, TCR 제타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD28, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, CD154, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 막경유 도메인을 포함하는 막경유 도메인을 포함한다.

[0215] 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 막경유 도메인의 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개, 26개, 27개, 28개, 29개, 또는 30개 또는 그 이상의 연속 아미노산을 포함하거나, 또는 적어도 상기 수치들중 하나 또는 그 이상의 연속 아미노산 잔기를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 막경유 도메인을 인코딩하는 서열에 대해 적어도 약 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% 또는 그 이상의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 N-말단 또는 C-말단, 또는 N-말단과 C-말단 모두에서 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 또는 10개 또는 그 이상의 절두를 갖는, TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 막경유 도메인을 인코드하는 서열을 포함한다.

[0216] 일부 경우에서, 상기 막경유 도메인은 상기 TFP의 세포외 영역, *가령,* 상기 TFP의 항원 결합 도메인에 힌지(hinge), *가령,* 인간 단백질의 힌지를 통하여 부착될 수 있다. 예를 들면, 한 구체예에서, 상기 힌지는 인간 면역글로불린 (Ig) 힌지, *가령,* IgG4 힌지, 또는 CD8a 힌지일 수 있다.

[0217] *링커*

[0218] 임의선택적으로, 짧은 올리고- 또는 폴리펩티드 링커 (길이가 2개 내지 10개 아미노산)는 상기 결합 요소와 TFP의 TCR 세포외 도메인 사이에 링키지를 형성할 수 있다. 글리신-세린 더블릿(doublet)이 특별히 적합한 링커를 제공한다. 일부 경우들에서, 상기 링커의 길이는 적어도 약 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 또는 그 이상일 수 있다. 예를 들면, 한 측면에서, 상기 링커는 아미노산 서열 GGGGSGGGGS 또는 서열 (GGGGS)x을 포함하며, 이때 X는 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 10 또는 그 이상이다. 일부 구체예들에서, X는 2이다. 일부 구체예들에서, X는 4이다. 일부 구체예들에서, 상기 링커는 뉴클레오티드 서열 GGTGGCGGAGGTTCTGGAGGTGGAGGTTCC에 의해 인코드된다.

[0219] *세포질 도메인*

[0220] 상기 TFP의 세포질 도메인에는 세포내 도메인이 내포될 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 CD3 감마, CD3 델타, CD3 입실론, TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타로부터 유래된다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 상기 TFP가 CD3 감마, 델타 또는 입실론 폴리펩티드를 함유한다면, 신호생성 도메인을 포함하고; TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 및 TCR 델타 소단위들은 일반적으로 짧은 (가령, 길이가 1-19개의

아미노산) 세포내 도메인을 갖고, 일반적으로 신호생성 도메인에서 결여된다. 세포내 신호생성 도메인은 상기 TFP가 도입되는 면역 세포의 정상적인 작동체 기능중 적어도 하나의 활성을 일반적으로 담당한다. TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 및 TCR 델타의 세포내 도메인은 신호생성 도메인을 갖지 않고, 이들은 본원에서 기술된, 일차 세포내 신호생성 도메인, 가령, CD3 제타를 갖는 단백질을 모집할 수 있고, 이는 세포내 신호생성 도메인으로 기능한다. 용어 "작동체 기능(effector function)"이란 세포의 특화된 기능을 지칭한다. T 세포의 작동체 기능은 예를 들면, 사이토킨의 분비를 포함하는 세포 용해 활성 또는 헬퍼 활성일 수 있다. 따라서, 용어 "세포내 신호전달 도메인"이란 당해 작동체 기능 신호를 변환하고, 세포에게 특화된 기능을 수행하도록 지시하는 단백질의 부분을 지칭한다. 통상적으로 전체 세포내 신호전달 도메인이 이용될 수 있지만, 많은 경우에 있어서 상기 전체 쇄를 사용할 필요는 없다. 상기 세포내 신호전달 도메인의 절두된(truncated) 부분이 사용되는 경우, 이러한 절두된 부분은 작동체 기능 신호를 변환시키는 한, 무손상 쇄를 대신하여 사용될 수 있다. 따라서, 용어 세포내 신호전달 도메인은 당해 작동체 기능 신호를 변환시키는데 충분한 세포내 신호전달 도메인의 임의의 절두된 부분이 포함되는 것을 의미한다.

[0221] 본 명세서의 TFP에 사용하기 위한 세포내 도메인의 예로는 항원 수용체 참여 후, 신호전달을 개시하기 위하여 협력해서 작용할 수 있는 이러한 T 세포 수용체(TCR)과 이의 공동-수용체들의 세포질 서열 뿐만 아니라, 이들 서열의 임의의 유도체 또는 변이체, 및 동일한 기능적 능력을 갖는 임의의 재조합 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 알파의 세포내 도메인 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, 또는 TCR 델타 쇄의 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 또는 19개 또는 그 이상의 연속 아미노산 잔기를 포함하거나, 또는 적어도 상기 수치들중 하나 또는 그 이상의 연속 아미노산 잔기를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, 또는 TCR 델타 쇄의 세포내 도메인을 인코딩하는 서열에 대해 적어도 약 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% 또는 그 이상의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 N-말단 또는 C-말단, 또는 N-말단과 C-말단 모두에서 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 또는 10개 또는 그 이상의 아미노산 절두를 갖는, TCR 알파의 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, 또는 TCR 델타 쇄의 세포내 도메인을 인코딩하는 서열을 포함한다.

[0222] 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 세포내 도메인의 적어도 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개, 26개, 27개, 28개, 29개, 30개, 31개, 32개, 33개, 34개, 35개, 36개, 37개, 38개, 39개, 40개, 41개, 42개, 43개, 44개, 45개, 46개, 47개, 48개, 49개, 50개, 51개, 52개, 53개, 54개, 55개, 56개, 57개, 58개, 59개, 60개, 61개, 또는 62개 또는 그 이상의 연속 아미노산을 잔기들을 포함하거나, 또는 적어도 이들 수치들중 하나 또는 그 이상의 수의 아미노산 잔기들을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 세포내 도메인을 인코딩하는 서열에 대해 적어도 약 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, 99% 또는 그 이상의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 N-말단 또는 C-말단, 또는 N-말단과 C-말단 모두에서 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개 또는 그 이상의 아미노산 절두를 갖는, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 또는 CD3 델타 TCR 소단위의 세포내 도메인을 인코드하는 서열을 포함한다.

[0223] 상기 TCR 단독으로 생성된 신호는 나이브 T 세포들의 완전한 활성화에 불충분하고, 부차적 및/또는 공동자극 신호가 필요하다는 것은 알려져 있다. 따라서, 나이브(naïve) T 세포 활성화는 별개의 두 클래스의 세포질 신호생성 서열에 의해 중재된다고 말할 수 있다: 상기 TCR (일차 세포내 신호생성 도메인)을 통하여 항원-의존적 일차 활성화를 개시하는 클래스, 그리고 부차적 또는 공동자극 신호를 제공하기 위하여 항원-독립적인 방식으로 작용하는 클래스 (부차적 세포질 도메인, *가령,* 공동자극 도메인).

[0224] 일차 신호생성 도메인은 자극 방식, 또는 저해 방식으로 TCR 복합체의 일차 활성화를 조절한다. 자극 방식으로 작용하는 일차 세포내 신호전달 도메인은 면역수용체 티로신-기반 활성화 모티프 (ITAMs)로 알려진 신호전달 모티프를 함유할 수 있다.

[0225] 본 명세서에 특별히 사용되는 용도의 일차 세포내 신호생성 도메인을 함유하는 ITAMs의 예로는 CD3 제타, FcR

감마, FcR 베타, CD3 감마, CD3 델타, CD3 입실론, CD5, CD22, CD79a, CD79b, 그리고 CD66d가 내포된다. 한 구체예에서, 본 명세서의 TFP는 세포내 신호생성 도메인, *가령,* CD3-입실론의 일차 신호생성 도메인을 포함한다. 한 구체예에서, 일차 신호생성 도메인은 변형된 ITAM 도메인을 포함하는데, *가령,* 고유의 ITAM 도메인과 비교하였을 때, 활성이 변경된(가령, 증가되거나 또는 감소된) 돌연변이된 ITAM 도메인을 포함한다. 한 구체예에서, 일차 신호생성 도메인은 변형된 ITAM-함유하는 일차 세포내 신호생성 도메인, *가령,* 최적화된 및/또는 절두된 ITAM-함유하는 일차 세포내 신호생성 도메인을 포함한다. 구체예에서, 일차(primary) 신호생성 도메인은 1개, 2개, 3개, 4개 또는 그 이상의 ITAM 모티프를 포함한다.

[0226] 상기 TFP의 세포내 신호생성 도메인은 자체가 CD3 제타 신호생성 도메인, 가령, CD3 입실론, CD3 델타, CD3 감마, 또는 CD3 제타을 포함할 수 있거나, 또는 본 명세서의 TFP의 내용에서 유용한 임의의 다른 원하는 세포내 신호생성 도메인(들)과 복합될 수 있다. 예를 들면, 상기 TFP의 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론 쇄 일부분과 공동자극 신호생성 도메인을 포함할 수 있다. 상기 공동-자극 신호생성 도메인은 공동-자극 분자의 상기 세포내 도메인을 포함하는 TFP의 일부분을 지칭한다. 공동-자극 분자는 항원에 대한 림프구의 효과적인 반응에 요구되는 항원 수용체 또는 이의 리간드를 제외한 세포 표면 분자다. 이러한 분자들의 예로는 CD27, CD28, 4-1BB (CD137), OX40, CD30, CD40, PD1, ICOS, 림프구 기능-연합된 항원-1 (LFA-1), CD2, CD7, LIGHT, NKG2C, B7-H3, 그리고 CD83에 특이적으로 결합하는 리간드, 그리고 이와 유사한 것들이 내포된다. 예를 들면, CD27 공동-자극은 시험관내에서 인간 TFP-T 세포들의 확장, 작동체 기능 및 생존을 강화시키고, 그리고 생체내에서 인간 T 세포 지속성 및 항종양 활성을 증가시킨다고 실증되었다(Song et al. Blood. 2012; 119(3):696-706).

[0227] 본 명세서의 TFP의 세포질 부분 안에 세포내 신호생성 서열은 무작위로 또는 명시된 순서로 서로 연계될 수 있다. 임의선택적으로, 짧은 올리고- 또는 폴리펩티드 링커, 예를 들면, 2개 내지 10개 길이의 아미노산 (가령, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 또는 10개 아미노산)이 세포내 신호생성 서열 간에 링키지를 형성할 수 있다.

[0228] 한 구체예에서, 글리신-세린 더블릿이 적합한 링커로 이용될 수 있다. 한 구체예에서, 단일 아미노산, *가령,* 알라닌, 글리신이 적합한 링커로 이용될 수 있다.

[0229] 하나의 측면에서, 본원에서 기술된 상기 TFP-발현하는 세포는 제 2 TFP, 가령, 동일한 표적 (MSLN) 또는 상이한 표적 (가령, CD70, CD19, 또는 MUC16)에 대한 상이한 항원 결합 도메인을 포함하는 제 2 TFP를 더 포함할 수 있다. 한 구체예에서, 상기 TFP-발현하는 세포가 두 개 또는 그 이상의 상이한 TFPs를 포함하는 경우, 상기 상이한 TFPs의 항원 결합 도메인은 당해 항원 결합 도메인들이 서로 상호작용하지 않을 수 있다. 예를 들면, 제 1 및 제 2 TFP를 발현시키는 세포는 제 1 TFP의 항원 결합 도메인을, 가령, 단편으로써, 가령, 제 2 TFP의 항원 결합 도메인과 연합을 형성하지 않는 scFv를 보유할 수 있고, 가령, 제 2 TFP의 상기 항원 결합 도메인은 VHH이다.

[0230] 또다른 측면에서, 본원에서 기술된 상기 TFP-발현하는 세포는 또다른 작용제, 가령, 변형된 T 세포의 활성을 강화시키는 작용제를 추가 발현시킬 수 있다. 예를 들면, 한 구체예에서, 상기 작용제는 저해성 분자를 억제하는 작용제일 수 있다. 저해성 분자들, 가령, PD1은 일부 구체예들에서, 변형된 T 세포의 면역 작동체 반응을 탑재하는 능력을 감소시킨다. 저해성 분자들의 예로는 PD1, PD-L1, CTLA4, TIM3, LAG3, VISTA, BTLA, TIGIT, LAIR1, CD160, 2B4 및 TGFR 베타가 내포된다. 한 구체예에서, 저해성 분자를 억제하는 상기 작용제는 제 1 폴리펩티드, *가령,* 상기 세포로 양성 신호를 제공하는 제 2 폴리펩티드, *가령,* 본원에서 기술된 세포내 신호생성 도메인과 연합된 저해성 분자이다. 한 구체예에서, 상기 작용제는 *가령,* 저해성 분자, 이를 테면 PD1, LAG3, CTLA4, CD160, BTLA, LAIR1, TIM3, 2B4 및 TIGIT, 또는 이들중 임의의 것의 단편 *(가령,* 이들중 임의의 것의 세포외 도메인의 적어도 일부분)의 제 1 폴리펩티드 그리고 본원에서 기술된 세포내 신호생성 도메인인 제 2 폴리펩티드*(가령,* 공동자극 도메인 *(가령,* 본원에서 기술된 4-1BB, CD27 또는 CD28) 및/또는 일차 신호생성 도메인 *(가령,* 본원에서 기술된 CD3 제타 신호생성 도메인)를 포함한다. 한 구체예에서, 상기 작용제는 PD1 또는 이의 결합 단편 *(가령,* PD1의 세포외 도메인의 적어도 일부분)의 제 1 폴리펩티드, 그리고 본원에서 기술된 세포내 신호생성 도메인*(가령,* 본원에서 기술된 CD28 신호생성 도메인 및/또는 본원에서 기술된 CD3 제타 신호생성 도메인)의 제 2 폴리펩티드를 포함한다. PD1은 CD28, CTLA-4, ICOS, 그리고 BTLA를 비롯한, CD28 패밀리 수용체들의 저해성 구성원이다. PD-1은 활성화된 B 세포들, T 세포들 그리고 골수 세포들 (Agata et al. 1996 Int. Immunol 8:765-75) 상에서 발현된다. PD1의 두 리간드, PD-L1 및 PD-L2는 PD1에 결합할 때, T 세포 활성화를 하향조절하였다 (Freeman et al., 2000 *J. Exp. Med.* 192:1027-34; Latchman et al., 2001 *Nat. Immunol.* 2:261-8; Carter et al., 2002 *Eur. J. Immunol.* 32:634-43). PD-L1은 인간 암에서 풍부하다 (Dong et al., 2003 *J. Mol. Med.* 81:281-7; Blank et al., 2005 *Cancer Immunol. Immunother.* 54:307-314; Konishi et al.,

2004 *Clin. Cancer Res.* 10:5094). PD1과 PD-L1의 국소 상호작용을 억제함으로써 면역 억제는 역전될 수 있다.

[0231] 한 구체예에서, 상기 작용제는 저해성 분자의 세포외 도메인 (ECD)을 포함하는데, *가령,* 예정된 사멸 1 (PD1)은 막경유 도메인과 임의선택적으로 세포내 신호생성 도메인, 이를 테면 41BB 및 CD3 제타 (또한 본원에서는 PD1 TFP로도 지칭됨)에 융합될 수 있다. 한 구체예에서, 본원에서 기술된 항-TAA TFP와 조합하여 사용될 때, 상기 PD1 TFP는 상기 T 세포의 지속성을 개선시킨다. 한 구체예에서, 상기 TFP는 PD1의 세포외 도메인을 포함하는 PD1 TFP이다. 대안으로, 예정된 사멸-리간드 1 (PD-L1) 또는 예정된 사멸- 리간드 2 (PD-L2)에 특이적으로 결합하는 항체 또는 항체 단편 이를 테면 scFv를 함유하는 TFPs가 제공된다.

[0232] 또다른 측면에서, 본 명세서는 TFP-발현하는 T 세포들, *가령,* TFP-T 세포들의 집단을 제공한다. 일부 구체예들에서, TFP-발현하는 T 세포들의 집단은 상이한 TFPs를 발현시키는 세포들의 혼합물을 포함한다. 예를 들면, 한 구체예에서, TFP-T 세포 집단에는 본원에서 기술된 결합 도메인을 갖는 TFP를 발현시키는 제 1 세포, 그리고 상이한 항-TAA 결합 도메인, *가령,* 상기 제 1 세포에 의해 발현되는 TFP에서 해당 결합 도메인과는 상이한, 본원에 기술된 결합 도메인을 갖는 TFP를 발현시키는 제 2 세포가 내포될 수 있다. 또다른 예로써, TFP-발현시키는 세포들의 집단에는 제 1 결합 도메인 결합 도메인, *가령,* 본원에서 기술된 결합 도메인이 내포된 TFP를 발현시키는 제 1 세포, 그리고 상기 제 1 세포의 결합 도메인 이외의 표적 (*가령,* 또다른 종양-연합된 항원)에 대한 항원 결합 도메인이 내포된 TFP를 발현시키는 제 2 세포가 내포될 수 있다.

[0233] 또다른 측면에서, 본 명세서는 세포들 집단을 제공하는데, 이때 이 집단에서 적어도 하나의 세포는 본원에서 기술된 도메인을 갖는 TFP를 발현시키고, 그리고 또다른 작용제, *가령,* 변형된 T 세포의 활성을 강화시키는 작용제를 발현시키는 제 2 세포의 집단을 제공한다. 예를 들면, 한 구체예에서, 상기 작용제는 저해성 분자를 억제하는 작용제일 수 있다. 저해성 분자들은 가령, 일부 구체예들에서, 변형된 T 세포의 면역 작동체 반응을 탑재하는 능력을 감소시킨다. 저해성 분자들의 예로는 PD1, PD-L1, PD-L2, CTLA4, TIM3, LAG3, VISTA, BTLA, TIGIT, LAIR1, CD160, 2B4 및 TGFR 베타가 내포된다. 한 구체예에서, 저해성 분자를 억제하는 작용제는 제 1 폴리펩티드, *가령,* 상기 세포로 양성 신호를 제공하는 제 2 폴리펩티드, *가령,* 본원에서 기술된 세포내 신호생성 도메인과 연합된 저해성 분자이다.

[0234] *시험관내에서* TFPs를 인코딩하는 전사된 RNA를 만드는 방법들이 본원에서 개시된다. 본 명세서에는 세포로 직접적으로 형질감염될 수 있는 TFP 인코딩 RNA 구조체가 또한 내포된다. 형질감염에 사용을 위하여 mRNA를 만드는 방법은 특별히 기획된 프라이머에 이어서, polyA 추가, 3' 및 5' 해독안된 서열 ("UTR")을 함유하는 구조체를 만들기 위하여 폴리A 추가, 5' 캡(cap) 및/또는 내부 리보솜 진입 부위(Internal Ribosome Entry Site: IRES), 발현될 핵산, 그리고 polyA 꼬리(tail)-전형적으로 50-2000개 염기 길이의 주형을 시험관내 전사(IVT)와 관련될 수 있다. 이렇게 만들어진 RNA는 상이한 종류의 세포들을 효과적으로 형질감염시킬 수 있다. 하나의 측면에서, 상기 주형에는 상기 TFP의 서열이 내포된다.

[0235] 한 측면에서, 상기 항-TAA TFP는 메신져 RNA (mRNA)에 의해 인코드된다. 한 측면에서, 상기 항-TAA TFP를 인코딩하는 mRNA는 TFP-T 세포의 생산을 위하여 T 세포 내로 도입된다. 한 구체예에서, 상기 *시험관내* 전사된 RNA TFP는 일시적 형질감염 형태로 세포 안으로 도입될 수 있다. 상기 RNA는 중합효소 쇄 반응 (PCR)-생성된 주형을 이용하여 시험관내 전사에 의해 만들어진다. 임의의 원천의 관심대상 DNA는 적절한 프라이머 및 RNA 중합효소를 이용한 시험관내 mRNA 합성을 위하여 PCR에 의해 주형으로 바로 전환될 수 있다. 상기 DNA의 원천은 예를 들면, 게놈 DNA, 플라스미드 DNA, 파아지 DNA, cDNA, 합성 DNA 서열 또는 임의의 적합한 DNA 원천일 수 있다. *시험관내* 전사를 위한 바람직한 주형은 본 명세서의 TFP이다. 한 구체예에서, PCR에 이용되는 DNA는 개방 해독 틀 (open reading frame)을 함유한다. 상기 DNA는 유기체 게놈의 자연 발생적 DNA 서열로부터 유래될 수 있다. 한 구체예에서, 상기 핵산에는 5' 및/또는 3' 해독안된 영역들 (UTRs)의 전부 또는 일부분이 내포될 수 있다. 상기 핵산에는 엑손 및 인트론이 내포될 수 있다. 한 구체예에서, PCR에 이용되는 DNA는 인간 핵산 서열이다. 또다른 구체예에서, PCR에 이용되는 DNA에는 5' 및 3' UTRs이 내포된 인간 핵산 서열이다. 대안으로, 상기 DNA는 자연 발생적 유기체에서 정상적으로 발현되지 않은 인공 DNA 서열일 수 있다. 예시적인 인공 DNA 서열은 융합 단백질을 인코드하는 개방 해독 틀을 형성하기 위하여 함께 결찰되는 유전자의 일부분을 함유하는 서열이다. 함께 결찰되는 상기 DNA의 일부분은 단일 유기체, 또는 하나 이상의 유기체로부터 유래될 수 있다.

[0236] 형질감염에 이용되는 mRNA의 시험관내 전사를 위한 주형을 만드는 데 PCR이 이용된다. PCR을 실행하는 방법들은 당업계에 잘 알려져 있다. PCR에 사용을 위한 프라이머는 PCR의 주형으로 이용되는 DNA의 영역에 실질적으로 상보적인 영역을 갖도록 기획된다. 본원에서 사용된 바와 같이, "실질적으로 상보적"이란 일차 서열의 염기의 대부분 또는 전부가 상보적인 뉴틀레오티드 서열을 지칭하거나, 또는 하나 또는 그 이상의 염기가 비-상보적,

또는 비-합치(mismatched)된다. 실질적으로 상보적 서열은 PCR에 이용되는 어닐링 조건 하에서 의도된 DNA 표적에 어닐링되거나 또는 혼성화될 수 있다. 상기 프라이머는 DNA 주형의 임의의 일부분에 실질적으로 상보적이 되도록 기획될 수 있다. 예를 들면, 상기 프라이머는 5' 및 3' UTRs이 내포된, 세포에서 정상적으로 전사되는 핵산(개방 해독 틀)의 일부분을 증폭시키도록 기획될 수 있다. 상기 프라이머는 관심대상의 특정 도메인을 인코드하는 핵산의 일부분을 증폭시키도록 기획될 수 있다. 한 구체예에서, 상기 프라이머는 5' 및 3' UTRs의 전부 또는 일부분이 내포된, 인간 cDNA의 코딩 영역을 증폭시키도록 기획될 수 있다. 당분야에 공지된 합성 방법들에 의해 PCR에 유용한 프라이머를 생성시킬 수 있다. "전방 프라이머(forward primers)"는 DNA 주형 상에서 증폭될 DNA 서열의 상류인 뉴클레오티드에 실질적으로 상보적인 뉴클레오티드 영역이 함유된 프라이머다. "상류(upstream)"는 본원에서 코딩 가닥에 대하여 증폭되는 DNA 서열에 대하여 위치 5를 지칭할 때 이용된다. "역 프라이머(Reverse primers)"란 증폭되는 DNA 서열의 하류인 이중-가닥의 DNA 주형에 실질적으로 상보적인 뉴클레오티드 영역을 함유하는 프라이머다. "하류(downstream)"란 본원에서 코딩 가닥에 대하여 증폭되는 DNA 서열에 대하여 위치 3'을 지칭할 때 이용된다.

[0237] 본원에서 기술된 방법에서 PCR에 유용한 임의의 DNA 중합효소들이 이용될 수 있다. 시약 및 중합효소들은 다수의 출처로부터 상업적으로 이용가능하다.

[0238] 안정성 및/또는 해독 효능을 촉진시키는 능력을 갖는 화학 구조가 또한 이용될 수 있다. RNA는 바람직하게는 5' 및 3' UTRs를 보유한다. 한 구체예에서, 5' UTR은 1 내지 3000개 길이의 뉴클레오티드다. 코딩 영역에 첨가되는 5' 및 3' UTR 서열의 길이는 이 UTRs의 상이한 영역에 어닐링하는 PCR용 프라이머를 디자인하는 것을 포함하지만, 이에 한정되지 않는 상이한 방법에 의해 변경될 수 있다. 이 접근법을 사용하여, 당업자는 전사된 RNA의 형질감염 후, 최적의 해독 효율을 달성하는데 필요한 5' 및 3' UTR 길이를 변형시킬 수 있다.

[0239] 5' 및 3' UTRs은 관심대상의 핵산에 대해 자연 발생적이고, 내생성인 5' 및 3' UTRs일 수 있다. 대안으로, 관심대상 핵산에 내생성이 아닌 UTR 서열은 UTR 서열을 순방향 및 역방향 프라이머에 혼입시킴으로써, 또는 주형의 임의의 다른 변형에 의해 첨가될 수 있다. 관심대상 핵산에 내생성이 아닌 UTR 서열의 사용은 RNA의 안정성 및/또는 해독 효율을 변형시키는데 유용할 수 있다. 예를 들면, 3'UTR 서열의 AU-풍부한 요소들이 mRNA의 안정성을 감소시킬 수 있다는 것이 공지되어 있다. 따라서, 3' UTRs는 당업계에 잘 공지된 UTRs의 특성에 기초하여 전사된 RNA의 안정성을 증가시키도록 선택되거나 디자인될 수 있다.

[0240] 한 구체예에서, 5' UTR은 내생성 핵산의 Kozak 서열을 함유할 수 있다. 대안으로, 관심대상 핵산에 내생성이 아닌 5' UTR이 전술한 바와 같이 PCR에 의해 첨가될 때, 컨센수스(consensus) Kozak 서열은 5' UTR 서열을 첨가함으로써, 재-설계 될 수 있다. Kozak 서열은 일부 RNA 전사체의 해독 효율을 증가시킬 수 있지만, 모든 RNAs가 효율적인 해독을 수행하는데 필요하지는 않다. 많은 mRNAs에 대한 Kozak 서열에 대한 요건은 당업계에 공지되어 있다. 다른 구체예들에서, 5' UTR은 이의 RNA 게놈이 세포에서 안정적인 RNA 바이러스의 5' UTR로부터 유래될 수 있다. 다른 구체예들에서, 다양한 뉴클레오티드 유사체들이 mRNA의 엑소뉴클레아제 분해를 방해하기 위해 3' 또는 5' UTR에서 사용될 수 있다.

[0241] 유전자 클로닝의 필요없이, DNA 주형으로부터 RNA를 합성하기 위해서, 전사 프로모터는 전사될 서열의 DNA 주형 상류에 부착되어야만 한다. RNA 중합효소의 프로모터로 기능을 하는 서열을 전방 프라이머의 5' 단부에 추가할 때, 상기 RNA 중합효소 프로모터는 전사될 개방 해독 틀의 상류 PCR 산물에 통합된다. 하나의 바람직한 구체예에서, 상기 프로모터는 본원의 도체에서 기술된 T7 중합효소 프로모터다. 다른 유용한 프로모터로는 T3 및 SP6 RNA 중합효소 프로모터가 내포되나, 이에 국한되지 않는다. T7, T3 및 SP6 프로모터에 대한 컨센수스 뉴클레오티드 서열은 당분야에 공지되어 있다.

[0242] 일부 구체예들에서, mRNA는 리보솜 결합, 이 세포에서 mRNA의 해독 개시 및 안정성을 결정하는 5' 말단과 3' poly(A) 꼬리에 모두 캡을 가지고 있다. 가령, 원형의 DNA 주형 상에서 플라스미드 DNA, RNA 중합효소는 진핵세포에서 발현에 적합하지 않은 긴 콘카타머(concatameric) 산물을 만든다. 3' UTR의 단부에서 선형화된 플라스미드 DNA 전사로 인하여 비록 전사 후 폴리아데닐화되더라도 진핵 형질감염에서 효과가 없는 정상 크기의 mRNA가 만들어진다.

[0243] 선형 DNA 주형 상에서, 파아지 T7 RNA 중합효소는 이 전사체의 3' 단부를 당해 주형의 마지막 염기를 지나서 까지 연장시킬 수 있다(Schenborn and Mierendorf, *Nuc Acids Res.*, 13:6223-36 (1985); Nacheva and Berzal-Herranz, *Eur. J. Biochem.*, 270:1485-65 (2003).

[0244] polyA/T 스트레취가 DNA 주형으로 통합되는 전통적인 방법은 분자 클로닝이다. 그러나, 플라스미드 DNA로 통합

된 polyA/T 서열은 플라스미드를 불안정하게 할 수 있고, 그 이유는 박테리아성 세포들로부터 획득된 플라스미드 DNA 주형은 흔히 결손 및 기타 이상으로 인하여 상당히 오염되기 때문이다. 이것은 클로닝 절차를 힘들고, 시간 소모적으로 만들 뿐만 아니라, 종종 신뢰할 수 없게 한다. 그 이유는 클로닝없이, polyA/T 3' 스트레취를 갖는 DNA 주형의 구축을 허용하는 수 있는 방법이 매우 바람직하다.

[0245] 전사 DNA 주형의 polyA/T 세그먼트는 poly-T 꼬리, 이를 테면 100개의 T 꼬리 (크기는 50-5000개의 T가 될 수 있음)를 함유하는 역 프라이머를 이용하여 PCR 동안, 또는 임의의 다른 방법, 가령, DNA 결찰 또는 *시험관내* 재조합을 포함하나, 이에 국한되지 않는 임의의 다른 방법에 의해 PCR 후, 만들어질 수 있다. poly(A) 꼬리는 또한 RNAs에게 안정성을 제공하고, 이의 분해를 감소시킨다. 일반적으로, poly(A) 꼬리의 길이는 전사된 RNA의 안정성과 양의 상관관계에 있다. 한 구체예에서, poly(A) 꼬리는 100개 내지 5000개 사이의 아데노신이다.

[0246] RNAs의 poly(A) 꼬리는 poly(A) 중합효소, 이를 테면, 대장균(E. coli) polyA 중합효소 (E-PAP)를 사용하여 시험관내 전수 후, 더 연장될 수 있다. 한 구체예에서, poly(A) 꼬리의 뉴클레오티드 길이를 100개에서 300개 내지 400개의 뉴클레오티드 길이로 증가시키면, RNA의 해독 효과가 약 2-배 증가된다. 추가적으로, 3' 단부에 상이한 화학기를 부착시키면 mRNA 안정성이 증가될 수 있다. 이러한 부착은 변형된/인공 뉴클레오티드들, 압타머 및 기타 화합물들을 함유할 수 있다. 예를 들면, poly(A) 중합효소를 이용하여 ATP 유사체들은 이러한 poly(A) 꼬리에 통합될 수 있다. ATP 유사체들은 당해 RNA의 안정성을 더 증가시킬 수 있다.

[0247] 5' 캡은 또한 RNA 분자들에게 안정성을 제공할 수 있다. 일부 구체예들에서, 본원에서 개시된 방법들에 의해 만들어진 RNAs에는 5' 캡이 포함된다. 상기 5' 캡은 당분야에 공지된 기술 및 본원에서 기술된 기술에 의해 제공된다(Cougot, et al., *Trends in Biochem. Sci.*, 29:436-444 (2001); Stepinski, et al., *RNA*, 7:1468-95 (2001); Elango, et al., *Biochim. Biophys. Res. Commun.*, 330:958-966 (2005)).

[0248] 본원에서 개시된 방법들에 의해 만들어진 RNAs에는 내부 리보솜 진입 부위 (IRES) 서열을 또한 함유할 수 있다. 상기 IRES 서열은 mRNA에 캡-독립적 리보솜 결합을 개시하고, 해독 개시를 촉진시킬 수 있는 임의의 바이러스성, 염색체 또는 인공으로 기획된 서열일 수 있다. 세포 전기천공(electroporation)에 적합한 임의의 용질은 세포 침투성 및 생존력을 촉진시키는 인자, 이를 테면, 당(sugars), 펩티드들, 지질, 단백질들, 항산화제, 그리고 계면활성제가 포함될 수 있다.

[0249] RNA는 임의의 다수의 상이한 방법, 예를 들면, 전기천공(Amaxa Nucleofector®-II (Amaxa Biosystems, Cologne, Germany)), ECM 830 (BTX) (Harvard Instruments, Boston, Mass.) 또는 Gene Pulser® II (BioRad, Denver, Colo.), Multiporator® (Eppendorf, Hamburg Germany), 리포펙션을 이용한 양이온 리포좀 중재된 형질감염, 폴리머 포집화(encapsulation), 펩티드 중재된 형질감염, 또는 바이오리스틱(biolistic) 입자 전달 시스템, 이를 테면, "유전자 총(gene guns)" (예를 들면, Nishikawa, et al. Hum Gene Ther., 12(8):861-70 (2001) 참고)이 내포되나, 이에 국한되지 않는 상업적으로 이용가능한 방법들을 이용하여 표적 세포로 도입시킬 수 있다.

[0250] **TFP 및 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 재조합 핵산**

[0251] 일부 구체예들에서, T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산 분자가 본원에서 기술된다. 상기 TFP는 TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분을 포함하는 TCR 소단위를 포함할 수 있다. 상기 TCR 소단위는 막경유 도메인을 더 포함할 수 있다. 상기 TCR 소단위는 TCR 감마, TCR 델타, TCR 알파 또는 TCR 베타의 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 더 포함할 수 있다. 상기 TFP는 항원 결합 도메인을 포함하는 항체 (가령, 인간, 인간화된, 또는 뮤린 항체)를 더 포함할 수 있다. 상기 재조합 핵산 분자는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 더 포함할 수 있고, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인, TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인, TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이다. 상기 TCR 소단위 및 상기 항체는 작동가능하도록 연계될 수 있다. 상기 TFP는 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체 (가령, 내생성 TCR 복합체)에 기능적으로 통합될 수 있다.

[0252] 상기 불변 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 쇄의 불변 도메인을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 전장의 불변 도메인을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 전장의 불변 도메인의 단편 (가령, 기능성 단편)을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 불변 도메인의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개,

50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 포함할 수 있다. 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 막경유 도메인 및/또는 세포내 영역을 더 인코드할 수 있다. TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 전장의 불변 영역을 인코드할 수 있다. TCR 쇄의 불변 영역은 불변 도메인, 막경유 도메인, 및 세포내 영역을 포함할 수 있다. TCR 쇄의 불변 영역에는 상기 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 상기 막경유 도메인 및 상기 세포내 영역이 또한 배제될 수 있다.

[0253] 본원에서 기술된 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄는 다양한 종으로부터 유래될 수 있다. 상기 TCR 쇄는 뮤린 또는 인간 TCR 쇄일 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 뮤린 또는 인간 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 불변 도메인을 포함할 수 있다.

[0254] 상기 불변 도메인은 본원에 기술된 불변 도메인의 서열의 절두, 추가, 또는 치환을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 16, 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 19, 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 21, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 서열 식별 번호: 155, 서열 식별 번호: 207, 서열 식별 번호: 209, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 갖는, 본원에 기술된 불변 도메인의 절두형 형태를 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 16, 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 19, 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 21, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 서열 식별 번호: 155, 서열 식별 번호: 207, 서열 식별 번호: 209, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 추가 아미노산 잔기를 갖는 서열을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 16, 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 19, 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 21, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 서열 식별 번호: 155, 서열 식별 번호: 207, 서열 식별 번호: 209, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 치환을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 16, 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 19, 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 21, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 서열 식별 번호: 155, 서열 식별 번호: 207, 서열 식별 번호: 209, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 서열 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 16, 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 19, 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 21, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 서열 식별 번호: 155, 서열 식별 번호: 207, 서열 식별 번호: 209, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 서열의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개 또는 그 이상의 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 16, 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 19, 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 21, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 서열 식별 번호: 155, 서열 식별 번호: 207, 서열 식별 번호: 209, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 서열의 많아야 20개, 19개, 18개, 17개, 16개, 15개, 14개, 13개, 12개, 11개, 10개, 9개, 8개, 7개, 6개, 5개, 4개, 3개, 2개 또는 1개의 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 16, 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 19, 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 21, 또는 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 서열 식별 번호: 155, 서열 식별 번호: 207, 서열 식별 번호: 209, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265의 서열의 적어도 약 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다.

[0255] 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 위치 2-137을 포함할 수 있다. 상기 뮤린 TCR 알파

불변 도메인은 본원에 기술된 불변 도메인의 서열의 절두, 추가, 또는 치환을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 위치 2-137의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 갖는 불변 도메인의 절두된 형태를 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은서열 식별 번호: 146의 위치 2-137의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 추가 아미노산 잔기를 갖는 서열을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은서열 식별 번호: 146의 위치 2-137의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 치환을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 위치 2-137의 서열 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 위치 2-137 서열의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개 또는 그 이상의 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 위치 2-137의 서열의 많아야 20개, 19개, 18개, 17개, 16개, 15개, 14개, 13개, 12개, 11개, 10개, 9개, 8개, 7개, 6개, 5개, 4개, 3개, 2개 또는 1개 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 위치 2-137의 서열에 대해 적어도 약 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다.

[0256] 상기 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 위치 2-173을 포함할 수 있다. 상기 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 본원에 기술된 불변 도메인의 서열의 절두, 추가, 또는 치환을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 위치 2-173의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 갖는 불변 도메인의 절두된 형태를 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은서열 식별 번호: 152의 위치 2-173의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 추가 아미노산 잔기를 갖는 서열을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은서열 식별 번호: 152의 위치 2-173의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 치환을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 위치 22-173의 서열 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 위치 2-173 서열의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개 또는 그 이상의 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 위치 2-173의 서열의 많아야 20개, 19개, 18개, 17개, 16개, 15개, 14개, 13개, 12개, 11개, 10개, 9개, 8개, 7개, 6개, 5개, 4개, 3개, 2개 또는 1개 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 위치 2-173의 서열에 대해 적어도 약 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다.

[0257] 일부 경우들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이다. 상기 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의 변형, 그러나, 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 243을 포함할 수 있다. 상기 TCR 델타 불변 도메인은 본원에 기술된 불변 도메인의 서열의 절두, 추가, 또는 치환을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 243의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 갖는 본원에 기술된 불변 도메인의 절두된 형태를 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은서열 식별 번호: 243의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 추가 아미노산 잔기를 갖는 서열을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은서열 식별 번호: 243의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 치환을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 243의 서열 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 243의 서열의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개 또는 그 이상의 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 243의 서열의 많아야 20개, 19개, 18개, 17개, 16개, 15개, 14개, 13개, 12개, 11개, 10개, 9개, 8개, 7개, 6개, 5개, 4개, 3개, 2개 또는 1개 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번

호: 243의 서열에 대해 적어도 약 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다.

[0258] 상기 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의 변형, 그러나, 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코드하는 서열은 TCR 델타 가변 도메인을 더 인코드하며, 이로써 전체 TCR 델타 도메인을 인코드하게 된다. 상기 전체 TCR 델타 도메인은 델타 2 또는 델타 1일 수 있다. 상기 전체 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 256, 이의 기능성 단편들, 또는 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

[0259] 상기 전체 TCR 델타 도메인은 본원에 기술된 불변 도메인의 서열의 절두, 추가, 또는 치환을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 델타 도메인은 서열 식별 번호: 256의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 갖는 본원에 기술된 델타 도메인의 절두된 형태를 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 델타 도메인은 서열 식별 번호: 256의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 추가 아미노산 잔기를 갖는 서열을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 델타 도메인은 서열 식별 번호: 256의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 치환을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 상기 델타 도메인은 서열 식별 번호: 256의 서열 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 상기 델타 도메인은 서열 식별 번호: 256의 서열의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개 또는 그 이상의 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 델타 도메인은 서열 식별 번호: 256의 서열의 많아야 20개, 19개, 18개, 17개, 16개, 15개, 14개, 13개, 12개, 11개, 10개, 9개, 8개, 7개, 6개, 5개, 4개, 3개, 2개 또는 1개 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 델타 도메인은 서열 식별 번호: 256의 서열에 대해 적어도 약 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다.

[0260] 상기 TCR 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21을 포함할 수 있다. 상기 TCR 감마 불변 도메인은 본원에 기술된 불변 도메인의 서열의 절두, 추가, 또는 치환을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 갖는 본원에 기술된 불변 도메인의 절두된 형태를 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은서열 식별 번호: 21의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 추가 아미노산 잔기를 갖는 서열을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 불변 도메인은서열 식별 번호: 21의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 치환을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21의 서열 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21의 서열의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개 또는 그 이상의 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21의 서열의 많아야 20개, 19개, 18개, 17개, 16개, 15개, 14개, 13개, 12개, 11개, 10개, 9개, 8개, 7개, 6개, 5개, 4개, 3개, 2개 또는 1개 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 불변 도메인은 서열 식별 번호: 243의 서열에 대해 적어도 약 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다.

[0261] 상기 TCR 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코드하는 서열은 TCR 감마 가변 도메인, 이로써 전체 TCR 감마 도메인을 더 인코드하게 된다. 상기 전체 TCR 감마 도메인은 감마 9 또는 감마 4일 수 있다. 상기 전체 TCR 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

[0262] 상기 전체 TCR 감마 도메인은 본원에 기술된 불변 도메인의 서열의 절두, 추가, 또는 치환을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 잔기를 갖는 본원에 기술된 감마 도메인의 절두된 형태를 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 감마 도메

인은 서열 식별 번호: 255의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 추가 아미노산 잔기를 갖는 서열을 포함할 수 있다. 예를 들면, 상기 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255의 적어도 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개 또는 그 이상의 아미노산 치환을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 상기 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255의 서열 또는 이의 단편을 포함할 수 있다. 상기 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255의 서열의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개 또는 그 이상의 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255의 서열의 많아야 20개, 19개, 18개, 17개, 16개, 15개, 14개, 13개, 12개, 11개, 10개, 9개, 8개, 7개, 6개, 5개, 4개, 3개, 2개 또는 1개 변형, 돌연변이 또는 결손을 포함할 수 있다. 상기 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255의 서열에 대해 적어도 약 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다.

[0263] TCR 베타 쇄 (호모 사피엔스): VEDLNKVFPPEVAVFEPSEAEISHTQKATLVCLATGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTDPQPLKEQPALNDSRYCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQVQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQIVSAEAWGRADCGFTSVSYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSALVLMAMVKRKDF (서열 식별 번호: 16).

[0264] 상기 뮤린 TCR 베타 쇄 불변 영역 기본형(canonical) 서열은 다음과 같다:

[0265] EDLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQKATLVCLARGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYCLSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQFHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISAEAWGRADCGITSASYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS (서열 식별 번호: 152).

[0266] TCR 알파 불변 영역 (무스 무스쿨루스) (또는 [mm]TRAC(82-137)):

[0267] ATYPSSDVPCDATLTEKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLLMTLRLWSS (서열 식별 번호: 17).

[0268] 상기 뮤린 TCR 알파 쇄 불변 (mTRAC) 영역 기본형 서열은 다음과 같다:

[0269] XIQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFTDFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLDMKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQDIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLLMTLRLWSS (서열 식별 번호: 146).

[0270] TCR 베타 불변 영역 (무스 무스쿨루스) (또는 [mm]TRBC1(123-173)): GRADCGITSASYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS (서열 식별 번호: 18).

[0271] 상기 뮤린 TCR 베타 쇄 불변 영역 기본형 서열은 다음과 같다:

[0272] EDLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQKATLVCLARGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYCLSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQFHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISAEAWGRADCGITSASYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS (서열 식별 번호: 152).

[0273] TCR 베타 쇄 (호모 사피엔스): PVDSGVTQTPKHLITATGQRVTLRCSPRSGDLSVSWYQQSLDQGLQFLIQYYNGEERAKGNILERFSAQQFPDLHSELNLSSLELGDSALYFCASSPRTGLNTEAFFGQGTRLTVVEDLNKVFPPEVAVFEPSEAEISHTQKATLVCLATGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTDPQPLKEQPALNDSRYCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQVQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQIVSAEAWGRADCGFTSVSYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSALVLMAMVKRKDF (서열 식별 번호: 19).

[0274] TCR 델타 불변 영역 형태(version) 1 (호모 사피엔스): SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFF (서열 식별 번호: 20).

[0275] TCR 감마 불변 영역 (호모 사피엔스) (또는 [hs]TRGC(1-173)): DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCNGEKS (서열 식별 번호: 21).

[0276] TCR 델타 불변 영역 형태 2 (호모 사피엔스): SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLTAK (서열 식별 번호: 22).

[0277] 일부 경우들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이다. 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드할 수 있다. 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기

TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이할 수 있다.

[0278] 일부 경우들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이다. 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코드하는 서열은 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드할 수 있다. 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이할 수 있다.

[0279] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열을 포함한다. 상기 TCR 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 상기 TCR 감마 불변 도메인을 인코드하는 서열은 TCR 감마 가변 도메인을 더 인코드할 수 있고, 이로써 전체 TCR 감마 도메인을 인코드하게 된다. 상기 TCR 감마 도메인은 감마 9 또는 감마 4일 수 있다. 상기 전체 TCR 감마 도메인은 서열 식별 번호: 255, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 상기 TCR 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 상기 TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 TCR 델타 가변 도메인을 더 인코드할 수 있고, 이로써 전체 TCR 델타 도메인을 인코드하게 된다. 상기 TCR 델타 도메인은 델타 2 또는 델타 1일 수 있다. 상기 전체 TCR 델타 도메인은 서열 식별 번호: 256, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

[0280] 일부 경우들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때, 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 경우에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 경우에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 경우에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자들 안에 함유된다. 상기 서열은 상기 인코드된 TFP와 상기 TCR 불변 도메인 사이에 절단 부위 (가령, 프로테아제 절단 부위)를 더 인코드한다. 상기 절단 부위는 프로테아제 절단 부위일 수 있다. 상기 절단 부위는 자가-절단 펩티드, 이를 테면, T2A, P2A, E2A 또는 F2A 절단 부위일 수 있다. 상기 절단 부위는 서열 식별 번호: 23의 서열을 포함할 수 있다.

[0281] T2A 절단 부위: EGRGSLLTCGDVEENPGP (서열 식별 번호: 23).

[0282] 상기 TFP의 TCR 소단위 및 상기 불변 도메인은 동일한 TCR 쇄 또는 상이한 TCR 쇄로부터 유래된 서열을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 TFP의 TCR 소단위 및 상기 불변 도메인은 상이한 TCR 쇄들로부터 유래된다. 예를 들면, 상기 TCR 소단위는 (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) 세포내 도메인을 포함할 수 있고, 여기에서 상기 TCR 세포외 도메인, 상기 막경유 도메인 및 상기 세포내 도메인은 TCR 알파 쇄로부터 유래되며, 상기 불변 도메인은 TCR 베타 쇄의 불변 도메인을 포함한다. 또다른 예로써, 상기 TCR 소단위는 (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) 세포내 도메인을 포함할 수 있고, 여기에서 상기 TCR 세포외 도메인, 상기 막경유 도메인 및 상기 세포내 도메인은 TCR 베타 쇄로부터 유래되며, 상기 불변 도메인은 TCR 알파 쇄의 불변 도메인을 포함한다. 또다른 예로써, 상기 TCR 소단위는 (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) 세포내 도메인을 포함할 수 있고, 여기에서 상기 TCR 세포외 도메인, 상기 막경유 도메인 및 상기 세포내 도메인은 TCR 감마 쇄로부터 유래되며, 상기 불변 도메인은 TCR 델타 쇄의 불변 도메인을 포함한다. 여전히 또다른 예로써, 상기 TCR 소단위는 (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 그리고 (3) 세포내 도메인을 포함할 수 있고, 여기에서 상기 TCR 세포외 도메인, 상기 막경유 도메인 및 상기 세포내 도메인은 TCR 델타 쇄로부터 유래되며, 상기 불변 도메인은 TCR 감마 쇄의 불변 도메인을 포함한다.

[0283] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위와 상기 항체 도메인, 상기 항원 도메인 또는 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 (G4S)n을 포함하며, 이때 n=1 ~ 4이다.

[0284] 일부 경우들에서, 상기 막경유 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 감마, TCR 델타, TCR 알파 또는 TCR 베타의 TCR 막경유 도메인이다. 일부 경우들에서, 상기 세포내 도메인은 오로지 CD3 입실론, 오로지 CD3 감마, 오로지 CD3 델타, 오로지 TCR 감마, 오로지 TCR 델타, 오로지 TCR 알파 또는 오로지 TCR 베타로부터 유래된다.

[0285] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개 또는 이들 모두는 동일한 TCR 소단위로부터 유래된다.

[0286] 일부 경우에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다.

[0287] 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 제타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD28, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, CD154, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 막경유 도메인을 포함하는 막경유 도메인을 포함한다.

[0288] 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, 또는 이의 단편의 TCR 세포내 도메인을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함한다.

[0289] 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 감마의 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 TCR 세포내 도메인를 포함할 수 있다. 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 불변 도메인의 세포외 일부분, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 구체예들에서, (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위는 본원에 기술된 델타 불변 도메인, 또는 이의 단편, 가령, 델타 불변 도메인이거나, 또는 이를 포함한다. 상기 델타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 20, 서열 식별 번호: 22, 서열 식별 번호: 243 또는 서열 식별 번호: 265, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열의 서열을 가질 수 있다. 일부 구체예들에서, (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위는 감마 불변 도메인, 가령, 본원에 기술된 감마 불변 도메인이거나, 또는 이를 포함한다. 상기 감마 불변 도메인은 서열 식별 번호: 21 또는 서열 식별 번호: 155, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열의 서열을 갖는다. 상기 TFP의 세포외 도메인은 감마 쇄 또는 델타 쇄의 가변 도메인을 포함하지 않을 수 있다.

[0290] 상기 TFP의 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포외 도메인, 막경유 도메인 그리고 세포내 도메인을 포함할 수 있다. 일부 구체예들에서, 재조합 핵산은 CD3 입실론,, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포외 도메인, 막경유 도메인 그리고 세포내 도메인, 그리고 TCR 베타 및 TCR 알파의 불변 도메인을 포함하는 TFP를 포함한다. 일부 구체예들에서, 재조합 핵산은 CD3 입실론의 세포외 도메인, 막경유 도메인 그리고 세포내 도메인 그리고 TCR 감마 및 TCR 델타의 불변 도메인을 포함하는 TFP를 포함한다. 일부 구체예들에서, 재조합 핵산은 CD3 입실론의 세포외 도메인, 막경유 도메인 그리고 세포내 도메인, 그리고 전장 TCR 감마 및 전장 TCR 델타를 포함하는 TFP를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP의 TCR 소단위는 CD3 입실론을 포함한다. 상기 CD3 입실론의 TCR 소단위는 서열 식별 번호: 258의 서열, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다.

[0291] 일부 경우들에서, 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인 및 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인의 적어도 일부분을 포함하는 TCR 소단위는 TCR 알파 불변 도메인 또는 TCR 베타 불변 도메인이거나, 또는 이를 포함한다. 상기 TCR 소단위는 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타의 세포내 도메인을 포함할 수 있다. 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, 가령, 본원에 기술된 TCR 알파 불변 도메인일 수 있다. 상기 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 또는 서열 식별 번호: 207, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 상기 상기 TCR 알파 불변 도메인을 인코드하는 서열은 상기 TCR 알파 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드한다. 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이할 수 있다. 상기 TCR 알파 불변 도메인은 뮤린 TCR

알파 불변 도메인을 포함할 수 있다. 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인의 아미노산 2-137을 포함할 수 있다. 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 아미노산 2-137을 포함할 수 있다. 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 207의 서열을 포함할 수 있다. 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 146의 아미노산 82-137을 포함할 수 있다. 상기 뮤린 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17의 서열을 포함한다. 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인, 가령, 본원에서 기술된 TCR 베타 불변 도메인일 수 있다. 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 또는 서열 식별 번호: 209, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 상기 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상기 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된, 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 더 인코드할 수 있다. 상기 제 2 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인은 상기 TFP의 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인과 동일하거나, 또는 상이할 수 있다. TCR 베타 불변 도메인은 뮤린 TCR 베타 불변 도메인을 포함한다. 상기 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 상기 뮤린 TCR 베타 불변 도메인의 아미노산 2-173을 포함한다. 상기 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 아미노산 2-173을 포함한다. 상기 뮤린 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 209를 포함한다. 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 152의 아미노산 123-173을 포함한다. 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18을 포함한다.

[0292] 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인과 TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열을 포함할 수 있다. 상기 TCR 알파 불변 도메인은 서열 식별 번호: 17, 서열 식별 번호: 142, 서열 식별 번호: 143, 서열 식별 번호: 146, 또는 서열 식별 번호: 207, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 상기 TCR 베타 불변 도메인은 서열 식별 번호: 18, 서열 식별 번호: 148, 서열 식별 번호: 149, 서열 식별 번호: 152, 또는 서열 식별 번호: 209, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타일 수 있다. 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론일 수 있다.

[0293] 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRBC 유전자 서열을 포함할 수 있다. 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRBC 유전자 서열을 포함할 수 있다. 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, 및 TRBC 유전자 서열을 포함할 수 있다. 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, 및 TRBC 유전자 서열을 포함할 수 있다. 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRAC 유전자 서열, 제 1 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, TRBC 유전자 서열, 제 2 절단가능한 링커 서열, 제 3 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 CD3 입실론 유전자 서열을 포함할 수 있다.

[0294] 본원에 기술된 바와 같이,본원에 기술된 서열에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함할 수 있다.

[0295] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 4-1BB의 기능적 신호생성 도메인 및/또는 CD3 제타의 기능적 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함한다.

[0296] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 공동-자극 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우에서, 상기 공동자극 도메인은 OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1 (CD11a/CD18), ICOS (CD278), 그리고 4-1BB (CD137), 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 기능적 신호생성 도메인을 포함한다.

[0297] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, TCR 제타 쇄, Fc 입실론 수용체 1 쇄, Fc 입실론 수용체 2 쇄, Fc 감마 수용체 1 쇄, Fc 감마 수용체 2a 쇄, Fc 감마 수용체 2b1 쇄, Fc 감마 수용체 2b2 쇄, Fc 감마 수용체 3a 쇄, Fc 감마 수용체 3b 쇄, Fc 베타 수용체 1 쇄, TYROBP (DAP12), CD5, CD16a, CD16b, CD22, CD23, CD32, CD64, CD79a, CD79b, CD89,

CD278, CD66d, 이의 기능적 단편들, 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 면역수용체 티로신-기반의 활성화 모티프(ITAM) 또는 이의 일부분을 포함하는 TCR 소단위의 ITAM을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 ITAM은 CD3 감마, CD3 델타, 또는 CD3 입실론의 ITAM을 대체한다. 일부 경우들에서, 상기 ITAM은 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택되며, 그리고 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택된 상이한 ITAM을 대체한다.

[0298] 일부 경우들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 감마 불변 도메인, 상기 TCR 델타 불변 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다. 일부 경우들에서, (a) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 델타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; (b) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 감마, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는 (c) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0299] 일부 경우들에서, 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함한다.

[0300] 상기 항체 또는 항원 결합 도메인은 항체 단편일 수 있다. 상기 항체 또는 항원 결합 도메인은 뮤린, 인간 또는 인간화된 것일 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 인간 또는 인간화된 항체는 항체 단편이다. 일부 경우들에서, 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인, VH 도메인 또는 VL 도메인이다. 일부 경우들에서, 인간 또는 인간화된 항원 결합 도메인을 포함하는 항체는 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-1 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFF 수용체 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에서 선택된다.

[0301] 본원에서 기술된 항원 결합 도메인은 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-CD20 결합 도메인, 항-CD70 결합 도메인, 항-79b 결합 도메인, 항-HER2 결합 도메인, 항-PMSA 결합 도메인, 항-MUC16 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFF 수용체 결합 도메인, 항-Nectin-4 결합 도메인, 항-TROP-2 결합 도메인, 항-GPC3 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에서 선택될 수 있다.

[0302] 일부 경우에서, 상기 핵산은 DNA 및 RNA로 구성된 군에서 선택된다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 mRNA이다. 일부 경우에서, 상기 재조합 핵산은 핵산 유사체를 포함하고, 이때 상기 핵산 유사체는 이 재조합 핵산의 인코딩 서열에 존재하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 핵 유사체는 다음으로 구성된 군에서 선택된다: 2'-O-메틸, 2'-O-메톡시에틸 (2'-O-MOE), 2'-O-아미노프로필, 2'-데옥시, T-데옥시-2'-플로오르, 2'-O-아미노프로필 (2'-O-AP), 2'-O-디메틸아미노에틸 (2'-O-DMAOE), 2'-O-디메틸아미노프로필 (2'-O-DMAP), T-O-디메틸아미노에틸옥시에틸 (2'-O-DMAEOE), 2'-O-N-메틸아세트아미도 (2'-O-NMA) 변형된, 잠김 핵산 (LNA), 에틸렌 핵산 (ENA), 펩티드 핵산 (PNA), 1',5'-무수헥시톨 핵산 (HNA), 몰포리노, 메틸포스포네이트 뉴클레오티드, 티올포스포네이트 뉴클레오티드, 그리고 2'-플루오르 N3-P5'-포스포라미디트.

[0303] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 리더 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 프로모터 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 poly(A) 꼬리를 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 3'UTR 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 단리된 핵산 또는 자연 발생적이 아닌 핵산이다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 *시험관내* 전사된 핵산이다.

[0304] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열과 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다.

[0305] 일부 구체예들에서, T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에서 기술된다. 상기 TFP는 TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분을 포함하는 TCR 소단위를 포함할 수 있다. 상기 TCR 소단위는 막경유 도메인을 더 포함할 수 있다. 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마

쇄, TCR 델타 쇄, 또는 이의 단편의 세포내 도메인을 더 포함할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인을 포함하거나, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함한다. 상기 TFP는 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 더 포함할 수 있다. 상기 재조합 핵산 분자는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함할 수 있고, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인, TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인, TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 이때 상기 TCR 소단위 및 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 상기 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 경우들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면 상에 있는 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 CD16-결합 폴리펩티드를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된 리간드이다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코드하는 핵산 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있다.

[0306] 일부 경우들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때, 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 경우에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 경우에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 경우에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자들 안에 함유된다.

[0307] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위와 상기 항체 도메인, 상기 항원 도메인 또는 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 경우들에서, 상기 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하며, 이때 n=1 ~ 4이다.

[0308] 일부 경우들에서, 상기 막경유 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 TCR 막경유 도메인이다. 일부 경우에서, 상기 세포내 도메인은 오로지 CD3 입실론, 오로지 CD3 감마, 오로지 CD3 델타, 오로지 TCR 알파 또는 오로지 TCR 베타에서만 유래된다.

[0309] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개는 동일한 TCR 소단위로부터 유래된다.

[0310] 일부 경우에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다.

[0311] 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 제타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD28, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, CD154, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 막경유 도메인을 포함하는 막경유 도메인을 포함한다.

[0312] 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함한다.

[0313] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 4-1BB의 기능적 신호생성 도메인 및/또는 CD3 제타의 기능적 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는

세포내 도메인을 포함한다.

[0314] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 공동-자극 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우에서, 상기 공동자극 도메인은 OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1 (CD11a/CD18), ICOS (CD278), 그리고 4-1BB (CD137), 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 기능적 신호생성 도메인을 포함한다.

[0315] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, TCR 제타 쇄, Fc 입실론 수용체 1 쇄, Fc 입실론 수용체 2 쇄, Fc 감마 수용체 1 쇄, Fc 감마 수용체 2a 쇄, Fc 감마 수용체 2b1 쇄, Fc 감마 수용체 2b2 쇄, Fc 감마 수용체 3a 쇄, Fc 감마 수용체 3b 쇄, Fc 베타 수용체 1 쇄, TYROBP (DAP12), CD5, CD16a, CD16b, CD22, CD23, CD32, CD64, CD79a, CD79b, CD89, CD278, CD66d, 이의 기능적 단편들, 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 면역수용체 티로신-기반의 활성화 모티프(ITAM) 또는 이의 일부분을 포함하는 TCR 소단위의 ITAM을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 ITAM은 CD3 감마, CD3 델타, 또는 CD3 입실론의 ITAM을 대체한다. 일부 경우들에서, 상기 ITAM은 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택되며, 그리고 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택된 상이한 ITAM을 대체한다.

[0316] 일부 경우들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 감마 불변 도메인, 상기 TCR 델타 불변 도메인, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 불변 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다. 일부 경우들에서, (a) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 베타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; (b) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 알파, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위을 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; (c) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, 및 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; (d) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 베타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는 (e) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 알파, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0317] 일부 경우들에서, 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함한다.

[0318] 일부 경우들에서, 상기 인간 또는 인간화된 항체는 항체 단편이다. 일부 경우들에서, 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인 (sdAb), VH 도메인 또는 VL 도메인이다. 일부 경우들에서, 인간 또는 인간화된 항원 결합 도메인을 포함하는 항체는 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-1 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 항-IL13Rα2 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFFR 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에서 선택된다.

[0319] 일부 경우에서, 상기 핵산은 DNA 및 RNA로 구성된 군에서 선택된다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 mRNA이다. 일부 경우에서, 상기 재조합 핵산은 핵산 유사체를 포함하고, 이때 상기 핵산 유사체는 이 재조합 핵산의 인코딩 서열에 존재하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 핵 유사체는 다음으로 구성된 군에서 선택된다: 2'-O-메틸, 2'-O-메톡시에틸 (2'-O-MOE), 2'-O-아미노프로필, 2'-데옥시, T-데옥시-2'-플로오르, 2'-O-아미노프로필 (2'-O-AP), 2'-O-디메틸아미노에틸 (2'-O-DMAOE), 2'-O-디메틸아미노프로필 (2'-O-DMAP), T-O-디메틸아미노에틸옥시에틸 (2'-O-DMAEOE), 2'-O-N-메틸아세트아미도 (2'-O-NMA) 변형된, 잠김 핵산 (LNA), 에틸렌 핵산 (ENA), 펩티드 핵산 (PNA), 1',5'-무수헥시톨 핵산 (HNA), 몰포리노, 메틸포스포네이트 뉴클레오티드, 티올포스포네이트 뉴클레오티드, 그리고 2'-플루오르 N3-P5'-포스포라미디트.

[0320] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 리더 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 프로모터 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 poly(A) 꼬리를 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 3'UTR 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 단리된 핵산 또는 자연 발생적이 아닌 핵산이다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 시험관내 전사된 핵산이다.

[0321] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열과 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 대안으로, 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 또는 TCR 델타 도메인, 가령, 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 포함한다.

[0322] 일부 구체예들에서, T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에서 기술된다. 상기 TFP는 TCR 소단위를 포함할 수 있다. 상기 TCR 소단위는 TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분을 포함할 수 있다. 상기 TCR 소단위는 막경유 도메인을 더 포함할 수 있다. 상기 TCR 소단위는 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 더 포함할 수 있다. 상기 TFP는 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 도메인을 더 포함할 수 있다. 상기 재조합 핵산 분자는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함할 수 있고, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인, TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인, TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항원 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 리간드를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 리간드는 세포의 수용체에 결합한다. 일부 경우들에서, 상기 리간드는 세포 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합한다. 일부 경우들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 수용체 또는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질이다. 일부 경우들에서, 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체이다. 일부 경우들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 CDR을 포함하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의 단편이다.

[0323] 일부 경우들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때, 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 경우에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 경우에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 경우에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자들 안에 함유된다.

[0324] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위와 상기 항체 도메인, 상기 항원 도메인 또는 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 경우에서, 상기 링커 서열은 (G4S)n을 포함하며, 이때 n=1 ~ 4이다.

[0325] 일부 경우들에서, 상기 막경유 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 델타, 또는 TCR 감마의 TCR 막경유 도메인이다. 일부 경우들에서, 상기 세포내 도메인은 오로지 CD3 입실론, 오로지 CD3 감마, 오로지 CD3 델타, 오로지 TCR 알파, 오로지 TCR 베타, 오로지 TCR 델타, 또는 오로지 TCR 감마로부터 유래된다.

[0326] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개는 동일한 TCR 소단위로부터 유래된다.

[0327] 일부 경우에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 델타 쇄, TCR 감마 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다.

[0328] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 델타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 제타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD28, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, CD154, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 막경유 도메인을 포함하는 막경유 도메인을 포함한다.

[0329] 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 TCR 세포내 도메인을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함한다.

[0330] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 4-1BB의 기능적 신호생성 도메인 및/또는 CD3 제타의 기능적 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함한다.

[0331] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 공동-자극 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우에서, 상기 공동자극 도메인은 OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1 (CD11a/CD18), ICOS (CD278), 그리고 4-1BB (CD137), 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 기능적 신호생성 도메인을 포함한다.

[0332] 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, TCR 제타 쇄, Fc 입실론 수용체 1 쇄, Fc 입실론 수용체 2 쇄, Fc 감마 수용체 1 쇄, Fc 감마 수용체 2a 쇄, Fc 감마 수용체 2b1 쇄, Fc 감마 수용체 2b2 쇄, Fc 감마 수용체 3a 쇄, Fc 감마 수용체 3b 쇄, Fc 베타 수용체 1 쇄, TYROBP (DAP12), CD5, CD16a, CD16b, CD22, CD23, CD32, CD64, CD79a, CD79b, CD89, CD278, CD66d, 이의 기능적 단편들, 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 면역수용체 티로신-기반의 활성화 모티프(ITAM) 또는 이의 일부분을 포함하는 TCR 소단위의 ITAM을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 ITAM은 CD3 감마, CD3 델타, 또는 CD3 입실론의 ITAM을 대체한다. 일부 경우들에서, 상기 ITAM은 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택되며, 그리고 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택된 상이한 ITAM을 대체한다.

[0333] 일부 경우들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 감마 불변 도메인, 상기 TCR 델타 불변 도메인, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 불변 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다. 일부 경우들에서, (a) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 베타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; (b) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 감마, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위을 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; (c) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; (d) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 베타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는 (e) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 알파, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0334] 일부 경우들에서, 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함한다.

[0335] 일부 경우들에서, 상기 인간 또는 인간화된 항체는 항체 단편이다. 일부 경우들에서, 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인, VH 도메인 또는 VL 도메인이다. 일부 경우들에서, 인간 또는 인간화된 항원 결합 도메인을 포함하는 항체는 항-CD19 결합 도메인, 항-CD20 결합 도메인, 항-메소텔린 결합 도메인, 항-PMSA 결합 도메인, 항-CD70 결합 도메인, 항-CD79b 결합 도메인, 항-MUC16 결합 도메인, 항-항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-IL13Rα2 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-BAFF 또는 항-BAFFR 결합 도메인, 항-PD-1 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에

서 선택된다.

[0336] 일부 경우에서, 상기 핵산은 DNA 및 RNA로 구성된 군에서 선택된다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 mRNA이다. 일부 경우에서, 상기 재조합 핵산은 핵산 유사체를 포함하고, 이때 상기 핵산 유사체는 이 재조합 핵산의 인코딩 서열에 존재하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 핵 유사체는 다음으로 구성된 군에서 선택된다: 2'-O-메틸, 2'-O-메톡시에틸 (2'-O-MOE), 2'-O-아미노프로필, 2'-데옥시, T-데옥시-2'-플로오르, 2'-O-아미노프로필 (2'-O-AP), 2'-O-디메틸아미노에틸 (2'-O-DMAOE), 2'-O-디메틸아미노프로필 (2'-O-DMAP), T-O-디메틸아미노에틸옥시에틸 (2'-O-DMAEOE), 2'-O-N-메틸아세트아미도 (2'-O-NMA) 변형된, 잠김 핵산 (LNA), 에틸렌 핵산 (ENA), 펩티드 핵산 (PNA), 1',5'-무수헥시톨 핵산 (HNA), 몰포리노, 메틸포스포네이트 뉴클레오티드, 티올포스포네이트 뉴클레오티드, 그리고 2'-플루오르 N3-P5'-포스포라미디트.

[0337] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 리더 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 프로모터 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 poly(A) 꼬리를 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 3'UTR 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 단리된 핵산 또는 자연 발생적이 아닌 핵산이다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 시험관내 전사된 핵산이다.

[0338] 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열과 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 델타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 막경유 도메인을 인코딩하는 서열과 TCR 델타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다.

[0339] 일부 구체예들에서, 본원에 기술된 상기 재조합 핵산을 포함하는 벡터가 본원에서 추가 기술된다. 일부 경우들에서, 상기 벡터는 DNA, RNA, 플라스미드, 렌티바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터, 아데노-연합된 바이러스 벡터 (AAV), Rous 육종 바이러스 (RSV) 벡터, 또는 레트로바이러스 벡터로 구성된 군에서 선택된다. 일부 경우들에서, 상기 벡터는 AAV6 벡터이다. 일부 경우들에서, 상기 벡터는 프로모터를 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 벡터는 시험관내 전사된 벡터다.

[0340] 원하는 분자들을 코딩하는 핵산 서열은 당분야에 공지된 재조합 방법, 이를 테면, 예를 들면, 표준 기술을 이용하여 이 유전자를 발현시키는 세포로 부터 라이브러리를 스크리닝함으로써, 상기 동일한 것을 포함하는 것으로 알려진 벡터로부터 당해 유전자를 유도함으로써, 또는 상기 동일한 것을 함유하는 세포 및 조직으로부터 직접적으로 단리함으로써 획득될 수 있다. 대안으로, 관심대상 유전자는 클론보다는 합성에 의해 만들어질 수 있다.

[0341] 본 명세서는 본 명세서의 DNA가 삽입된 벡터들을 또한 제공한다. 렌티바이러스와 같은 레트로바이러스로부터 유래된 벡터는 장기 유전자 전이를 달성하는데 적합한 도구인데, 그 이유는 이식유전자의 장기적이고, 안정적인 통합 및 이의 딸 세포에서의 그의 전파를 허용하기 때문이다. 렌티바이러스성 벡터들은 암-레트로바이러스들, 이를 테면, 비-증식 세포들, 이를 테면 간세포를 형질도입시킬 수 있는 뮤린 백혈병 바이러스들로부터 유래된 벡터보다 추가적인 장점을 갖는다. 이들은 면역원성이 낮다는 장점을 또한 갖고 있다.

[0342] 또다른 구체예에서, 본 명세서의 바람직한 TFP를 인코딩하는 핵산을 포함하는 벡터는 아데노바이러스 벡터 (A5/35)이다. 또다른 구체예에서, 상기 TFPs를 인코딩하는 핵산은 트랜스포존, 이를 테면, 슬리핑 뷰티, 크리스퍼, CAS9, 그리고 아연 핑거 뉴클레아제를 이용하여 발현이 이루어질 수 있다. 하기 June et al. 2009 Nature Reviews Immunology 9.10: 704-716 참고(이는 본원의 참고자료에 편입됨).

[0343] 본 명세서의 발현 구조체들을 표준 유전자 전달 프로토콜을 이용하여 핵산 면역화 및 유전자 요법에 또한 이용할 수도 있다. 유전자 전달 방법들은 당분야에 공지되어 있다 (*가령*, U.S. 특허 번호 5,399,346, 5,580,859, 5,589,466 참고-이들의 전문이 본원의 참고자료에 편입됨). 또다른 구체예에서, 본 명세서는 유전자 요법 벡터를 제공한다.

[0344] 상기 핵산은 다수의 벡터 유형으로 클로닝될 수 있다. 예를 들면, 상기 핵산은 플라스미드, 파아지미드, 파아지 유도체, 동물 바이러스, 그리고 코스미드를 포함하나, 이에 국한되지 않은 벡터 안으로 클로닝될 수 있다. 특히 관심대상 벡터들에는 발현 벡터들, 복제 벡터들, 프로브 생성 벡터들, 그리고 서열화 벡터들이 포함된다.

[0345] 또한, 상기 발현 벡터는 바이러스성 벡터 형태로 세포에 제공될 수 있다. 바이러스성 벡터 기술은 당분야에 잘 공지되어 있으며, 예를 들면, Sambrook et al., 2012, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, volumes 1-4,

Cold Spring Harbor Press, NY), 그리고 다른 바이러스학 및 분자 생물학 메뉴얼에 기술된다. 벡터로 유용한 바이러스들에는 레트로바이러스들, 아데노바이러스들, 아데노-연합된 바이러스들, 헤르페스 바이러스들, 그리고 렌티바이러스들이 포함되나, 이에 국한되지 않는다. 일반적으로, 적합한 벡터는 적어도 하나의 유기체 안에서 기증적으로 복제되는 원점, 프로모터 서열, 통상적인 제한 앤도뉴클레아제 부위, 그리고 하나 또는 그 이상의 선택성 마커들을 함유한다 (*가령,* WO 01/96584; WO 01/29058; 그리고 U.S. 특허 번호 6,326,193).

[0346] 포유 동물 세포로의 유전자 전이를 위해 다수의 바이러스 기반 시스템이 개발되었다. 예를 들면, 레트로바이러스는 유전자 전달 시스템을 위한 편리한 플랫폼을 제공한다. 선택된 유전자는 벡터에 삽입되고, 당업계에 공지된 기술을 사용하여 레트로바이러스 입자로 포장될 수 있다. 그 다음, 상기 재조합 바이러스는 단리되고, 시험관내 또는 생체 외에서 대상체의 세포들로 전달될 수 있다. 다수의 레트로바이러스 시스템이 당업계에 공지되어 있다. 일부 구체예들에서, 아데노바이러스 벡터들이 이용된다. 다수의 아데노바이러스 벡터가 당분야에 공지되어 있다. 한 구체예에서, 렌티바이러스 벡터들이 이용된다.

[0347] 추가 프로모터 요소들, *가령,* 인핸서는 전사 개시 빈도를 조절한다. 비록 다수의 프로모터는 시작 부위의 하류에 기능적 요소를 함유하는 것으로 나타났지만, 전형적으로, 이들은 시작 부위의 상류 30-110 bp 영역에 위치한다. 프로모터 요소들 간의 공간은 유연성이 있고, 이러한 요소들이 서로에 대하여 역전되어 있거나, 또는 이동될 때, 프로모터 기능은 보존된다. 티미딘 키나제 (tk) 프로모터에서, 상기 프로모터 요소들 간의 공간은 50개 bp로 벌어질 때까지 증가될 수 있지만, 이때부터 활성은 감소되기 시작한다. 상기 프로모터에 의존적으로, 개별 요소들은 공조적으로 또는 독립적으로 전사를 활성화시키는 기능을 할 수 있다.

[0348] 포유류 T 세포에서 TFP 이식유전자를 발현시킬 수 있는 예시적인 프로모터는 EF1a 프로모터다. 고유의 EF1a 프로모터는 연장 인자-1 복합체의 알파 소단위의 발현을 이끄는데, 이것은 아미노아실 tRNAs를 리보솜으로 효소적 운반을 담당한다. 상기 EF1a 프로모터는 포유류 발현 플라스미드에서 광범위하게 이용되었으며, 클론된 이식유전자들로부터 렌티바이러스성 벡터로 TFP 발현을 구동시키는데 효과적임을 보여주었다 (*가령,* Milone et al., Mol. Ther. 17(8): 1453-1464 (2009)). 프로모터의 또다른 예로는 즉각 초기 사이토메갈로바이러스 (CMV) 프로모터 서열이다. 이 프로모터 서열은 이에 작동가능하도록 연계된 임의의 폴리뉴클레오티드 서열의 높은 수준의 발현을 구동시킬 수 있는 강력한 구성적 프로모터 서열이다. 그러나, 기타 구성적 프로모터 서열이 또한 이용될 수 있는데, 예를 들면, 원숭이 바이러스 40 (SV40) 초기(early) 프로모터, 마우스 유방 종양 바이러스 (MMTV), 인간 면역결핍 바이러스 (HIV) 긴 말단 반복부 (LTR) 프로모터, MoMuLV 프로모터, 조류 백혈병 바이러스 프로모터, Epstein-Barr 바이러스 즉각 초기 프로모터, Rous 육종 바이러스 프로모터를 포함하나 이에 국한되지 않으며, 뿐만 아니라 인간 유전자 프로모터, 이를 테면, 액틴 프로모터, 미오신 프로모터, 연장 인자-1a 프로모터, 헤모글로빈 프로모터, 그리고 크레아틴 키나제 프로모터를 포함하나, 이에 국한되지 않는다. 더욱이, 본 명세서는 구성적 프로모터의 사용에 한정되지 않아야 한다. 유도성 프로모터는 본 명세서의 일부분으로 또한 간주된다. 유도성 프로모터의 사용으로 분자 스위치를 제공하는데, 이것은 발현이 바람직한 경우에, 작동가능하도록 연계된 폴리뉴클레오티드 서열의 발현을 켤 수 있고, 이러한 발현을 원하지 않는 경우 발현을 끌 수 있다. 유도성 프로모터의 예로는 메탈로티오닌 프로모터, 글루코코르티코이드 프로모터, 프로게스테론 프로모터, 그리고 테트라사이클린-조절된 프로모터가 포함되나, 이에 국한되지 않는다.

[0349] TFP 폴리펩티드 또는 이의 일부분들의 발현을 평가하기 위하여, 세포 안으로 도입될 발현 벡터는 바이러스성 벡터들을 통하여 형질감염 또는 감염시키고자 하는 세포 집단으로부터 발현 세포의 식별 및 선별을 용이하게 하기 위하여, 선택성 마커 유전자 또는 리포터 유전자 또는 이둘 모두를 또한 함유할 수 있다. 다른 측면들에서, 상기 선택성 마커는 별개의 DNA 조각을 통하여 운반되고, 공동-형질감염 과정에 이용될 수 있다. 선별 가능한 마커와 리포터 유전자 모두는 숙주 세포에서의 발현을 가능하게 하기 위해 적절한 조절 서열에 의해 측면에 있을 수 있다. 유용한 선택성 마커들에는 예를 들면, 항생제-저항성 유전자들, 이를 테면 neo 및 이와 유사한 것들이 포함된다.

[0350] 리포터 유전자는 잠재적으로 형질감염된 세포를 확인하고, 조절 서열의 기능성을 평가하기 위해 사용된다. 일반적으로, 리포터 유전자는 수용자 유기체 또는 조직에 존재하지 않거나, 또는 발현되지 않는 유전자이며, 폴리펩티드의 발현으로 쉽게 검출 가능한 특성, 예를 들어, 효소 활성으로 현시되는 폴리펩티드를 코딩하는 유전자이다. 리포터 유전자의 발현은 DNA가 수용자 세포로 도입된 후 적절한 시간에 분석된다. 적합한 리포터 유전자는 루시페라제, 베타-갈락토시다제, 클로람페니콜 아세틸 트랜스퍼라제, 분비된 알칼리성 포스파타제 또는 녹색 형광 단백질 유전자를 암호화하는 유전자를 포함할 수 있다 (*가령,* Ui-Tei et al., 2000 FEBS Letters 479: 79-82). 적합한 발현 시스템은 공지되어 있고, 공지된 기술을 사용하여 제조되거나 상업적으로 입수될 수 있다. 일반적으로, 리포터 유전자의 최대 발현 수준을 나타내는 최소 5' 측면 영역을 갖는 구조체는 프로모터로써 식

별된다. 이러한 프로모터 영역들은 리포터 유전자에 연계될 수 있고, 프로모터-구동된 전사를 조절하는 능력에 대하여 물질들을 평가하는데 이용될 수 있다.

[0351] 세포 안으로 유전자를 도입시키고, 발현시키는 방법은 당업계에 공지되어 있다. 발현 벡터와 관련하여, 벡터는 숙주 세포, 예를 들어, 포유류, 박테리아, 효모 또는 곤충 세포 내로 당업계의 임의의 방법으로 용이하게 도입될 수 있다. 예를 들면, 발현 벡터는 물리적, 화학적 또는 생물학적 수단에 의해 숙주 세포로 전달될 수 있다.

[0352] 폴리뉴클레오티드를 숙주 세포에 도입시키는 물리적 방법은 인산 칼슘 침전, 리포펙션, 입자 충격, 마이크로인젝션, 전기천공 등을 포함한다. 벡터 및/또는 외생성 핵산을 포함하는 세포를 생산하는 방법은 당업계에 잘 알려져 있다. 예를 들면, Sambrook et al., 2012, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, volumes 1-4, Cold Spring Harbor Press, NY 참고). 폴리뉴클레오티드를 숙주 세포에 도입하는 바람직한 방법은 인산 칼슘 형질감염이다.

[0353] 관심대상의 폴리뉴클레오티드를 숙주 세포에 도입시키는 생물학적 방법은 DNA 및 RNA 벡터의 사용을 포함한다. 바이러스 벡터 및 특히 레트로 바이러스 벡터는 인간 세포와 같은 포유 동물 세포에 유전자를 삽입하는 가장 널리 사용되는 방법이 되었다. 다른 바이러스 벡터는 렌티바이러스, 폭스바이러스, 단순 포진 바이러스 I, 아데노바이러스 및 아데노-관련 바이러스 등으로부터 유래될 수 있다(*가령*, U.S. 특허 번호 5,350,674 및 5,585,362 참고.

[0354] 폴리뉴클레오티드를 숙조 세포 안으로 도입시키는 화학적 수단은 콜로이드성 분산 시스템, 이를 테면, 거대분자 복합체, 나노캡슐, 미소구, 비드, 그리고 수중유 에멀션, 미셀, 혼합 미셀 및 리포좀을 포함하는 지질-기반 시스템을 포함한다. 시험관내 및 생체내 전달 비히클로 사용하기 위한 예시적인 콜로이드계는 리포좀 (예를 들어, 인공 막 소포)이다. 핵산의 표적화 운반을 위한 최신 방법이 이용될 수 있는데, 이를 테면, 표적화된 나노입자 또는 다른 적합한 준-미크론 크기의 운반 시스템을 사용한 폴리뉴클레오티드의 운반이 이용가능하다.

[0355] 비-바이러스성 전달 시스템이 사용되는 경우, 예시적인 전달 비히클은 리포좀이다. 지질 제형의 사용은 핵산을 숙주 세포 내로 (*시험관내, 생체외* 또는 *생체내*) 도입하기 위해 고려된다. 또다른 측면에서, 핵산은 지질과 연합될 수 있다. 지질과 연합된 핵산은 리포좀의 수성 내부에 캡슐화될 수 있으며, 리포좀의 지질 이중층 내에 산재되어 리포좀 및 올리고 뉴클레오티이드 둘 다와 결합된 연결 분자를 통해 리포좀에 부착되어 리포좀에 포획될 수 있고, 리포좀과 복합체를 이루고, 지질을 함유하는 용액에 분산되거나, 지질과 혼합되거나, 지질과 결합되거나, 지질 중 현탁액으로서 함유되거나, 미셀과 함유되거나 또는 복합체 화되거나 그렇지 않으면 지질과 연합될 수 있다. 지질, 지질/DNA 또는 지질/발현 벡터와 관련된 조성물은 용액 중 임의의 특정 구조로 제한되지 않는다. 예를 들면, 그들은 이중층 구조, 미셀 또는 "붕괴된" 구조로 존재할 수 있다. 그것들은 단순히 용액에 흩어져 있어 크기 또는 모양이 균일하지 않은 응집체를 또한 형성할 수도 있다. 지질은 자연 발생 또는 합성 지질일 수 있는 지방성 물질이다. 예를 들면, 지질은 지방산, 알코올, 아민, 아미노 알코올 및 알데히드와 같은 장쇄 지방족 탄화수소 및 이들의 유도체를 함유하는 부류, 뿐만 아니라 세포질에서 자연적으로 발생하는 지방 방울을 포함한다.

[0356] 상업적 공급원으로부터 사용에 적합한 지질을 구할 수 있다. 예를 들면, 디미리스틸 포스파티딜콜린 ("DMPC")은 Sigma, St. Louis, Mo.에서 얻을 수 있으며; 디세틸 포스페이트 ("DCP")는 K & K Laboratories (Plainview, N.Y.)에서 얻을 수 있고; 콜레스테롤("Choi")은 Calbiochem-Behring에서 얻을 수 있고; 디미리스틸 포스파티딜글리세롤 ("DMPG") 및 기타 지질은 Avanti Polar Lipids, Inc.(Birmingham, Ala.)에서 얻을 수 있다. 클로로포름 또는 클로로포름/메탄올의 지질 원액은 약 -20 ℃에서 보관할 수 있다. 클로로포름은 메탄올보다 쉽게 증발하기 때문에 유일한 용매로 사용된다. "리포좀"은 봉입된 지질 이중층 또는 응집체의 생성에 의해 형성된 다양한 단일 및 다중-박층 지질 비히클을 포함하는 일반적인 용어다. 리포좀은 인지질 이중층 막 및 내부 수성 매질을 갖는 소포 구조를 갖는 것이 특징이 될 수 있다. 다중-박층 리포좀은 수성 매질로 분리된 여러 지질 층을 가지고 있다. 인지질이 과량의 수용액에 현탁될 때, 이들은 자발적으로 형성된다. 지질 성분들은 폐쇄 구조가 형성되기 전에 자가-재배열을 거쳐, 지질 이중층 사이에 물과 용해된 용질을 포획한다(Ghosh et al., 1991 Glycobiology 5: 505-10). 그러나, 용액에서 정상적인 소포 구조와 다른 구조를 갖는 조성물도 또한 포함된다. 예를 들면, 지질은 미셀 구조로 추정될 수 있거나, 또는 단순히 지질 분자의 불균일 응집체로 존재할 수 있다. 리포펙타민-핵산 복합체 또한 고려된다.

[0357] 숙주 세포 안으로 외생성 핵산을 도입하거나 또는 본 명세서의 억제제에 세포를 노출시키는 데 사용되는 방법과 무관하게, 숙주 세포에서 재조합 DNA 서열의 존재를 확인하기 위해 다양한 분석을 수행할 수 있다. 이러한 검정에는 예를 들면, 당분야에 잘 공지된 "분자 생물학적" 검정, 이를 테면, Southern 및 Northern 블랏팅, RT-PCR

및 PCR; "생화학적" 검정, 이를 테면 특정 펩티드의 존재 또는 부재를 가령, 면역학적 방법(이를 테면 ELISAs 및 웨스턴 블랏)에 의해 탐지하는 검정, 또는 본 명세서 범위 안에 속하는 물질을 식별하기 위한 본원에 기술된 검정이 포함된다.

[0358] 본 명세서는 TFP 인코딩 핵산 분자를 포함하는 벡터를 추가 제공한다. 하나의 측면에서, TFP 벡터는 세포, *가령,* T 세포로 직접적으로 형질도입될 수 있다. 하나의 측면에서, 상기 벡터는 클로닝 또는 발현 벡터, *가령,* 하나 또는 그 이상의 플라스미드들 *(가령,* 발현 플라스미드들, 클로닝 벡터들, 미니서클, 미니벡터들, 이중 극미 염색체, 레트로바이러스성 벡터 구조체들과 렌티바이러스성 벡터 구조체들을 비롯한, 그러나, 이에 국한되지 않는 벡터다. 하나의 측면에서, 상기 벡터는 포유류 T 세포들에서 상기 TFP 구조체를 발현시킬 수 있다. 한 측면에서, 상기 포유류 T 세포는 인간 T 세포이다.

[0359] 한 측면에서, 본 명세서는 (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항원 결합 도메인을 포함하는 항체를 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며; 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0360] 또다른 측면에서, 본 명세서는 (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0361] 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 감마의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 감마 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 델타의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 TCR 델타 불변 도메인 또는 이의 단편을 인코딩하는 서열과 TCR 감마 불변 도메인 또는 이의 단편을 인코딩하는 서열 모두에 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타이다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3 입실론이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 적어도 하나의 리더 서열과 적어도 하나의 링커를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인의 일부분, TCR 베타 도메인의 일부분, 또는 이 둘 모두를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 제 1 링커 서열, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커, 제 2 리더 서열, 제 2 항원 결합 도메인 서열, 제 2 링커 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRDC 유전자 서열, 제 1 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, TRGC 유전자 서열, 제 2 절단가능한 링커 서열, 제 3 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 CD3 입실론 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 제 1 항원 결합 도메인 서열, 제 1 링커 서열, TRDC 유전자 서열 또는 이의 단편, TRAC 유전자 서열 또는 이의 단편, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 제 2 항원 결합 도메인 서열, 제 2 링커 서열, TRGC 유전자 서열 또는 이의 단편, 및 TRBC 유전자 서열 또는 이의 단편을 포함한다 . 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 1에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 2에서 제시된 폴리펩

티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 3에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 4에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 5에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG4 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 뮤린, 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면 상에 있는 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16-결합 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코드하는 핵산 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있다.

[0362] 또다른 측면에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 결합 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에서 제공되며; 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항원 결합 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0363] 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 적어도 일부분 서열, 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인 모두의 일부분 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 리간드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포의 수용체에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 수용체 또는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질이다. 일부 구체예들에서, 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체이다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 CDR을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의 단편이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR에 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위와 상기 항체 도메인, 상기 항원 결합 도메인 또는 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 링커 서열은 (G4S)n을 포함하며, 이때 n=1 ~ 4이다. 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 델타, 또는 TCR 감마의 TCR 막경유 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 인코드된 세포내 도메인은 오로지 CD3 입실론, 오로지 CD3 감마, 오로지 CD3 델타, 오로지 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타로부터 유래된다. 일부 구체예들에서, 상기 인코드된 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개는 동일한 TCR 소단위로부

터 유래된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 감마 쇄 또는 TCR 델타 쇄의 불변 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, TCR 제타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD28, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, CD154, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 막경유 도메인을 포함하는 막경유 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인로부터 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하거나, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 4-1BB의 기능적 신호생성 도메인 및/또는 CD3 제타의 기능적 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함한다.

[0364] 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 공동-자극 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 공동자극 도메인은 OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1 (CD11a/CD18), ICOS (CD278), 그리고 4-1BB (CD137), 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 기능적 신호생성 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, TCR 제타 쇄, Fc 입실론 수용체 1 쇄, Fc 입실론 수용체 2 쇄, Fc 감마 수용체 1 쇄, Fc 감마 수용체 2a 쇄, Fc 감마 수용체 2b1 쇄, Fc 감마 수용체 2b2 쇄, Fc 감마 수용체 3a 쇄, Fc 감마 수용체 3b 쇄, Fc 베타 수용체 1 쇄, TYROBP (DAP12), CD5, CD16a, CD16b, CD22, CD23, CD32, CD64, CD79a, CD79b, CD89, CD278, CD66d, 이의 기능적 단편들, 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 면역수용체 티로신-기반의 활성화 모티프(ITAM) 또는 이의 일부분을 포함하는 TCR 소단위의 ITAM을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 ITAM은 CD3 감마, CD3 델타, 또는 CD3 입실론의 ITAM을 대체한다. 일부 구체예들에서, 상기 ITAM은 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택되며, 그리고 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택된 상이한 ITAM을 대체한다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 감마 불변 도메인, 상기 TCR 델타 불변 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다.

[0365] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 델타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 감마, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0366] 일부 구체예들에서, 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체는 항체 단편이다. 일부 구체예들에서 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인, VH 도메인 또는 VL 도메인이다. 일부 구체예들에서, 항원 결합 도메인은 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-CD20 결합 도메인, 항-CD70 결합 도메인, 항-79b 결합 도메인, 항-HER2 결합 도메인, 항-PMSA 결합 도메인, 항-MUC16 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFF 수용체 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열과 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다.

[0367] 또다른 측면에서, 본 명세서는 (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인, 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의

세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항원 결합 도메인을 포함하는 항체 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며; 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인, 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0368] 또다른 측면에서, 본 명세서는 (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인, 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0369] 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 알파 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 베타의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 알파의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRBC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 10에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 적어도 하나의 리더 서열과 적어도 하나의 링커를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG4 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 뮤린, 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면 상에 있는 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16-결합 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코드하는 핵산 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있다.

[0370] 또다른 측면에서, 본 명세서는 (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타의 세포내 도메인 또는 CD3 입실론, CD3 감마, 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인으로부터 유래된 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 결합 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며; 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, 또는 TCR 베타 불변 도메인 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항원 결합 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0371] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 불변 도메인, 가령, 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 및 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 세포외 도메인 또는 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 알파 세포외 도메인 또는 TCR 베타 세포외 도메인은 뮤린 TCR 알파 세포외 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 불변 도메인 또는 TCR 베타 불변 도메인의 적어도 일부분을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유

도메인을 인코딩하는 서열과 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 적어도 일부분 서열, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인 모두의 적어도 일부분 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 리간드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포의 수용체에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 수용체 또는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질이다. 일부 구체예들에서, 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함한다.

[0372] 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체이다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 CDR을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의 단편이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR에 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위와 상기 항체 도메인, 상기 항원 결합 도메인 또는 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 링커 서열은 (G4S)n을 포함하며, 이때 n=1 ~ 4이다. 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 델타, 또는 TCR 감마의 TCR 막경유 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 인코드된 세포내 도메인은 오로지 CD3 입실론, 오로지 CD3 감마, 오로지 CD3 델타, 오로지 TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 또는 TCR 델타로부터 유래된다. 일부 구체예들에서, 상기 인코드된 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개는 동일한 TCR 소단위로부터 유래된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, TCR 제타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD28, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, CD154, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 막경유 도메인을 포함하는 막경유 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인로부터 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하거나, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 4-1BB의 기능적 신호생성 도메인 및/또는 CD3 제타의 기능적 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함한다.

[0373] 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 공동-자극 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 공동자극 도메인은 OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1 (CD11a/CD18), ICOS (CD278), 그리고 4-1BB (CD137), 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 기능적 신호생성 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, TCR 제타 쇄, Fc 입실론 수용체 1 쇄, Fc 입실론 수용체 2 쇄, Fc 감마 수용체 1 쇄, Fc 감마 수용체 2a 쇄, Fc 감마 수용체 2b1 쇄, Fc 감마 수용체 2b2 쇄, Fc 감마 수용체 3a 쇄, Fc 감마 수용체 3b 쇄, Fc 베타 수용체 1 쇄, TYROBP (DAP12), CD5, CD16a, CD16b, CD22, CD23, CD32, CD64, CD79a, CD79b, CD89, CD278, CD66d, 이의 기능적 단편들, 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군

에서 선택된 단백질의 면역수용체 티로신-기반의 활성화 모티프(ITAM) 또는 이의 일부분을 포함하는 TCR 소단위의 ITAM을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 ITAM은 CD3 감마, CD3 델타, 또는 CD3 입실론의 ITAM을 대체한다. 일부 구체예들에서, 상기 ITAM은 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택되며, 그리고 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택된 상이한 ITAM을 대체한다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다.

[0374] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인이며, 상기 TFP CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되고; 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0375] 또다른 측면에서, 본 명세서는 (a) (i) (1) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인, 및 (3) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타의 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항원 결합 도메인을 포함하는 항체 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 및 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0376] 또다른 측면에서, 본 명세서는 (a) (i) (1) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인, 및 (3) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타의 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 및 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0377] 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 알파 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 베타의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 베타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 세포내 도메인은 TCR 알파의 세포내 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRAC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRBC 유전자 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 10에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 적어도 하나의 리더 서열과 적어도 하나의 링커를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 IgG4 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 뮤린, 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면 상에 있는 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 CD16-결합 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된 것이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코드하는 핵산 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있다.

[0378] 또다른 측면에서, 본 명세서는 (a) (i) (1) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 세포외 도메인의 적어도 일부분,

(2) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타 막경유 도메인, 및 (3) 뮤린 TCR 알파 또는 뮤린 TCR 베타의 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 결합 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산을 제공하며; 이때 상기 TCR 불변 도메인은 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 베타 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 및 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이며; 그리고 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항원 결합 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 변형된 T 세포에서 발현될 때, TCR 복합체로 기능적으로 편입된다.

[0379] 일부 구체예들에서, 상기 세포외 도메인은 TCR 알파 불변 도메인 또는 TCR 베타 불변 도메인의 적어도 일부분을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인을 인코딩하는 적어도 일부분 서열, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인 모두의 적어도 일부분 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 리간드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포의 수용체에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드는 세포 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 수용체 또는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질이다. 일부 구체예들에서, 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체이다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 항원 결합 도메인은 CDR을 포함하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의 단편이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포에서 발현될 때 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR에 통합된다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위와 상기 항체 도메인, 상기 항원 결합 도메인 또는 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 구체예들에서, 상기 링커 서열은 (G4S)n을 포함하며, 이때 n=1 ~ 4이다. 일부 구체예들에서, 상기 막경유 도메인은 TCR 알파 또는 TCR 베타, 가령, 뮤린 TCR 알파 또는 TCR 베타의 TCR 막경유 도메인이다.

[0380] 일부 구체예들에서, 상기 인코드된 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개는 동일한 TCR 소단위로부터 유래된다.

[0381] 일부 구체예들에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 세포외 도메인 또는 이의 일부분, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 막경유 도메인, 이의 기능성 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열을 포함하는, 막경유 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 또는 TCR 베타 쇄, 가령, 뮤린 TCR 알파 쇄 또는 TCR 베타 쇄의 TCR 세포내 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 4-1BB의 기능적 신호생성 도메인 및/또는 CD3 제타의 기능적 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함한다.

[0382] 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 공동-자극 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 공동자극 도메인은 OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1 (CD11a/CD18), ICOS (CD278), 그리고 4-1BB (CD137), 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열

로 구성된 군에서 선택된 단백질의 기능적 신호생성 도메인을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, TCR 제타 쇄, Fc 입실론 수용체 1 쇄, Fc 입실론 수용체 2 쇄, Fc 감마 수용체 1 쇄, Fc 감마 수용체 2a 쇄, Fc 감마 수용체 2b1 쇄, Fc 감마 수용체 2b2 쇄, Fc 감마 수용체 3a 쇄, Fc 감마 수용체 3b 쇄, Fc 베타 수용체 1 쇄, TYROBP (DAP12), CD5, CD16a, CD16b, CD22, CD23, CD32, CD64, CD79a, CD79b, CD89, CD278, CD66d, 이의 기능적 단편들, 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 면역수용체 티로신-기반의 활성화 모티프(ITAM) 또는 이의 일부분을 포함하는 TCR 소단위의 ITAM을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 ITAM은 CD3 감마, CD3 델타, 또는 CD3 입실론의 ITAM을 대체한다. 일부 구체예들에서, 상기 ITAM은 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택되며, 그리고 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택된 상이한 ITAM을 대체한다. 일부 구체예들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인이며, 상기 TFP CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되고; 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0383] 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 DNA 및 RNA로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 mRNA이다. 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 circRNA이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 핵산 유사체를 포함하고, 이때 상기 핵산 유사체는 상기 재조합 핵산의 인코딩 서열에 존재하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 핵 유사체는 다음으로 구성된 군에서 선택된다: 2'-O-메틸, 2'-O-메톡시에틸 (2'-O-MOE), 2'-O-아미노프로필, 2'-데옥시, T-데옥시-2'-플로오르, 2'-O-아미노프로필 (2'-O-AP), 2'-O-디메틸아미노에틸 (2'-O-DMAOE), 2'-O-디메틸아미노프로필 (2'-O-DMAP), T-O-디메틸아미노에틸옥시에틸 (2'-O-DMAEOE), 2'-O-N-메틸아세트아미도 (2'-O-NMA) 변형된, 잠김 핵산 (LNA), 에틸렌 핵산 (ENA), 펩티드 핵산 (PNA), 1',5'-무수헥시톨 핵산 (HNA), 몰포리노, 메틸포스포네이트 뉴클레오티드, 티올포스포네이트 뉴클레오티드, 그리고 2'-플루오르 N3-P5'-포스포라미디트. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 리더 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 프로모터 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 poly(A) 꼬리를 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산은 3'UTR 서열을 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 단리된 핵산 또는 자연 발생적이 아닌 핵산이다. 일부 구체예들에서, 상기 핵산은 시험관내 전사된 핵산이다.

[0384] 또다른 측면에서, 본 명세서는 본원에서 기술된 재조합 핵산을 포함하는 벡터를 제공한다.

[0385] 일부 구체예들에서, 상기 벡터는 DNA, RNA, 플라스미드, 렌티바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터, 아데노-연합된 바이러스 벡터 (AAV), Rous 육종 바이러스 (RSV) 벡터, 또는 레트로바이러스 벡터로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 상기 벡터는 AAV6 벡터이다. 일부 구체예들에서, 상기 벡터는 프로모터를 더 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 벡터는 시험관내 전사된 벡터이다.

[0386] 또다른 측면에서, 본 명세서는 본원에서 기술된 재조합 핵산, 또는 본원에서 기술된 벡터를 포함하는 변형된 T 세포를 제공하며, 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함한다.

[0387] 또다른 측면에서, 본 명세서는 본원에서 기술된 TFP를 인코딩하는 핵산 서열, 또는 본원에서 기술된 TFP를 인코드하는 핵산 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 T 세포를 제공하며, 그리고 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능성 붕괴를 포함한다.

[0388] 또다른 측면에서, 본 명세서는 본원에서 기술된 TFP를 인코딩하는 서열 또는 본원에서 기술된 TFP를 인코드하는 핵산 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 동종이계 T 세포를 제공한다.

[0389] 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 이종성(heterologous) 서열을 더 포함하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 이종성 서열을 더 포함하고, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인 또는 TCR 알파 불변 도메인

및 TCR 베타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 상기 TCR 불변 도메인, 가령, 상기 TCR 알파 불변 도메인, 상기 TCR 베타 불변 도메인 또는 상기 TCR 알파 불변 도메인 및 상기 TCR 베타 불변 도메인은 뮤린 TCR 불변 도메인, 가령, 뮤린 TCR 알파 불변 도메인, 뮤린 TCR 베타 불변 도메인 또는 뮤린 TCR 알파 불변 도메인 및 뮤린 TCR 베타 불변 도메인이다. 일부 구체예들에서, 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 내생성 TCR 알파 쇄, 내생성 TCR 베타 쇄, 또는 내생성 TCR 알파 쇄 및 내생성 TCR 베타 쇄이다. 일부 구체예들에서, 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하여, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소된다. 일부 구체예들에서, 상기 기능성 파괴는 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴를 말한다. 일부 구체예들에서, 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴란 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자 서열을 이 T 세포의 게놈으로부터 제거함을 말한다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 CD4 세포들, CD8 세포들, 나이브 T-세포들, 기억 줄기 T-세포들, 중추 기억 T-세포들, 이중 음성 T-세포들, 작동체 기억 T-세포들, 작동체 T-세포들, Th0 세포들, Tc0 세포들, Th1 세포들, Tc1 세포들, Th2 세포들, Tc2 세포들, Th17 세포들, Th22 세포들, 알파/베타 T 세포들, 감마/델타 T 세포들, 천연 킬러 (NK) 세포들, 천연 킬러 T (NKT) 세포들, 조혈 줄기 세포들 및 다능성 줄기 세포들로부터 선택된 인간 T 세포다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 CD8+ 또는 CD4+ T 세포이다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 동종이계 T 세포이다. 일부 구체예들에서, 상기 변형된 T 세포는 세포내 신호생성 도메인의 양성 신호를 포함하는 제 2 폴리펩티드와 연합된, 저해성 분자의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드를 포함하는 저해성 분자를 인코드하는 핵산을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 저해성 분자는 PD1의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드와 공동자극 도메인과 일차 신호생성 도메인을 포함하는 제 2 폴리펩티드를 포함한다.

[0390] 또다른 측면에서, 본 명세서는 본원에서 기술된 변형된 T 세포; 그리고 약제학적으로 수용가능한 담체를 포함하는 약제학적 조성물을 제공한다.

[0391] 또다른 측면에서, 본 명세서는 본원에서 기술된 변형된 T 세포를 만드는 방법, 상기 방법은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR 유전자를 파괴하고; 이로써 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포가 만들어지고; 그리고 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포에 본원에서 기술된 재조합 핵산 또는 본원에서 기술된 벡터를 형질도입시키는 것을 포함한다.

[0392] 일부 구체예들에서, 파괴는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 유전자를 표적으로 하는 뉴클레아제 단백질 또는 뉴클레아제 단백질을 인코딩하는 핵산 서열로 상기 T 세포를 형질도입시키는 것을 포함한다.

[0393] 또다른 측면에서, 본 명세서는 본원에서 기술된 변형된 T 세포를 만드는 방법을 제공하며, 이 방법은 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포에 본원에서 기술된 재조합 핵산, 또는 본원에서 기술된 벡터를 형질도입시키는 것을 포함한다.

[0394] 일부 구체예들에서, 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포이다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 인간 T 세포이다. 일부 구체예들에서, 내생성 TCR의 기능성 파괴 유전자를 함유하는 T 세포는 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하였을 때, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소되었다. 일부 구체예들에서, 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제, 아연-핑거 뉴클레아제 (ZFN), 전사 활성화제-유사 작동체 뉴클레아제 (TALEN), CRISPR/Cas 뉴클레아제, 또는 megaTAL 뉴클레아제이다. 일부 구체예들에서, 상기 재조합 핵산 또는 상기 벡터에 포함된 서열은 내생성 TCR 소단위 유전자의 절단 부위로 삽입되고, 이때 이 내생성 TCR 소단위 유전자로 이러한 서열의 삽입으로 인하여, 당해 내생성 TCR 소단위는 기능적으로 파괴된다. 일부 구체예들에서, 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제다. 일부 구체예들에서, 상기 메가뉴클레아제는 제 1 소단위와 제 2 소단위를 포함하는데, 이때 상기 제 1 소단위는 인지 서열의 제 1 인지 절반-부위에 결합하고, 그리고 상기 제 2 소단위는 당해 인지 서열의 제 2 인지 절반-부위에 결합한다. 일부 구체예들에서, 상기 메가뉴클레아제는 링커를 포함하는 단일-쇄 메가뉴클레아제이며, 이때 상기 링커는 상기 제 1 소단위와 제 2 소단위를 공유적으로 연결한다.

[0395] 또다른 측면에서, 본 명세서는 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법을 제공하며, 이 방법은 당해 대상체에게 본원에 기술된 약제학적 조성물의 치료요법적으로 유효량을 투여하는 것을 포함한다.

[0396] 또다른 측면에서, 본 명세서는 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 (a) 본원에 기술된 방법에 따라 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 담체를 포함하는 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다.

[0397] 또다른 측면에서, 본 명세서는 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 (a) 본원에 기술된 방법에 따라 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 담체를 포함하는 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다.

[0398] 일부 구체예들에서, 상기 변형된 T 세포는 동종이계 T 세포이다. 일부 구체예들에서, 변형안된 대조군 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 구체예들에서, 본원에 기술된 재조합 핵산, 또는 본원에 기술된 벡터를 포함하는 변형된 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 구체예들에서, 상기 방법은 상기 약제학적 조성물의 효과를 증가시키는 작용제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 방법은 상기 약제학적 조성물와 연합된 하나 또는 그 이상의 부작용을 경감시키는 작용제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기 암은 고형 암, 림프종 또는 백혈병이다. 일부 구체예들에서, 상기 암은 신장 세포 암종, 유방암, 폐암, 난소암, 전립선암, 결장암, 자궁경부암, 뇌암, 간암, 췌장암, 콩팥 및 위암으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 구체예들에서, 본원에서 기술된 TFP를 발현시키는 자가 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 구체예들에서, 상기 방법은 이식편 대 숙주 질환을 유도하지 않는다. 일부 구체예들에서, 상기 대상체는 본원에서 기술된 TFP를 발현시키는 자가 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 이식편 대 숙주 질환이 발생될 위험이 적다.

[0399] 또다른 측면에서, 본 명세서는 약물로써 또는 약물 제조에 사용하는 용도로써 본원에서 기술된 재조합 핵산, 본원에서 기술된 벡터, 본원에서 기술된 변형된 T 세포, 또는 본원에 기술된 약제학적 조성물을 제공한다.

[0400] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 감마, TCR 델타, TCR 알파 또는 TCR 베타의 세포내 신호생성 도메인의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 인간 또는 인간화된 항원 결합 도메인을 포함하는 항체를 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항체는 작동가능하도록 연계되며, 그리고 이때 상기 TFP는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0401] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마 또는 TCR 델타의 세포내 신호생성 도메인의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 항체 또는 이의 단편에 결합할 수 있는 결합 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인, 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다.

[0402] 한 구체예에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 델타 불변 도메인을 인코딩하는 서열에 작동가능하도록 연계된다. 또다른 구체예에서, 상기 항원 결합 도메인 또는 리간드 결합 도메인을 인코딩하는 서열은 TCR 델타 불변 도메인 또는 이의 단편과 TCR 감마 불변 도메인 또는 이의 단편을 인코드하는 서열 모두에 작동가능하도록 연계된다. 또다른 구체예에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3ε이다. 또다른 구체예에서, 상기 세포내 신호생성 도메인은 CD3γ이다. 또다른 구체예에서, 상기 재조합 핵산은 적어도 하나의 리더 서열과 적어도 하나의 링커를 더 포함한다. 또다른 구체예에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인의 일부분, TCR 베타 도메인의 일부분, 또는 이 둘 모두를 더 포함한다.

[0403] 또다른 구체예에서, 상기 재조합 핵산 서열은 5'에서 3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다.

[0404] 또다른 구체예에서, 상기 재조합 핵산 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다.

[0405] 또다른 구체예에서, 상기 재조합 핵산 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 제 1 링커 서열, TRDC 유전자 서열, 절단가능한 링커, 제 2 리더 서열, 제 2 항원 결합 도메인 서열, 제 2 링커

서열, 및 TRGC 유전자 서열을 포함한다.

[0406] 또다른 구체예에서, 상기 재조합 핵산 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, TRDC 유전자 서열, 제 1 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, TRGC 유전자 서열, 제 2 절단가능한 링커 서열, 제 3 리더 서열, 항원 결합 도메인 서열, 링커 서열, 및 CD3 입실론 유전자 서열을 포함한다.

[0407] 또다른 구체예에서, 상기 재조합 핵산 서열은 5'-3' 방향으로, 제 1 리더 서열, 제 1 항원 결합 도메인 서열, 제 1 링커 서열, TRDC 유전자 서열 또는 이의 단편, TRAC 유전자 서열 또는 이의 단편, 절단가능한 링커 서열, 제 2 리더 서열, 제 2 항원 결합 도메인 서열, 제 2 링커 서열, TRGC 유전자 서열 또는 이의 단편, 및 TRBC 유전자 서열 또는 이의 단편을 포함한다.

[0408] 한 구체예에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 1에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 또다른 구체예에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 2에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 또다른 구체예에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 3에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 또다른 구체예에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 4에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 또다른 구체예에서, 상기 서열은 서열 식별 번호: 5에서 제시된 폴리펩티드를 인코드한다. 한 구체예에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인을 인코딩하는 적어도 일부분 서열, 또는 TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인 모두의 일부분 서열을 더 포함한다.

[0409] 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 상기 항체의 Fc 도메인에 결합할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 선택적으로 결합할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 IgG1 항체에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 경우들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 경우들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 종양 세포의 표면 상에 있는 세포 표면 항원에 결합한다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 CD16 폴리펩티드 또는 이의 단편을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 CD16-결합 폴리펩티드를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 결합 리간드는 인간 또는 인간화된 리간드이다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 상기 결합 리간드에 의해 결합될 수 있는 항체 또는 이의 단편을 인코드하는 핵산 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 항체 또는 이의 단편은 세포로부터 분비될 수 있다.

[0410] 일부 구체예들에서, (a) (i) (1) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (2) 막경유 도메인, 및 (3) CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마 또는 TCR 델타의 세포내 신호생성 도메인의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함하는 TCR 소단위, 그리고 (ii) 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드에 결합하는 리간드 또는 이의 단편을 포함하는 항원 도메인을 포함하는 T 세포 수용체 (TCR) 융합 단백질 (TFP)을 인코딩하는 서열; 그리고 (b) TCR 불변 도메인을 인코드하는 서열을 포함하는 재조합 핵산이 본원에 기술되며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며; 이때 상기 TCR 소단위와 상기 항원 도메인은 작동가능하도록 연계되며, 이때 상기 TFP는 내생성 TCR의 기능성 파괴를 포함하는 T 세포 안에서 발현될 때, TCR 복합체에 기능적으로 통합된다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 리간드를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 리간드는 세포의 수용체에 결합한다. 일부 경우들에서, 상기 리간드는 세포 표면 상에 발현된 폴리펩티드에 결합한다. 일부 경우들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 스트레스 응답 수용체 또는 폴리펩티드를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 세포의 표면 상에 발현된 수용체 또는 폴리펩티드는 MHC 클래스 I-관련된 당단백질이다. 일부 경우들에서, 상기 MHC 클래스 I-관련된 당단백질은 MICA, MICB, RAET1E, RAET1G, ULBP1, ULBP2, ULBP3, ULBP4 및 이의 조합으로 구성된 군에서 선택된다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 상기 리간드 또는 이의 단편의 단량체 또는 이량체를 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체, 이량체, 삼량체, 사량체, 오량체, 육량체, 칠량체, 팔량체, 구량체, 또는 십량체이다. 일부 경우들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 단량체 또는 이량체다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 항체 또는 이의 단편을 포함하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 가변 영역을 포함하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 항원 도메인은 CDR을 포함하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 리간드 또는 이의 단편은 Natural Killer Group 2D (NKG2D) 리간드 또는 이의 단편이다.

[0411] 일부 구체예들에서, 상기에서 개시된 재조합 핵산의 경우, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 경우에서, 상기 TCR 불변 도메인은 T 세포 안에서 발현될 때, 상기 TFP를 통합시킨 기능적 TCR 복합체와 동일한 기능적 TCR 복합체로 통합된다. 일부 경우에서, 상기 TFP를 인코딩하는

서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 동일한 핵산 분자 안에 함유된다. 일부 경우에서, 상기 TFP를 인코딩하는 서열과 상기 TCR 불변 도메인을 인코딩하는 서열은 상이한 핵산 분자들 안에 함유된다. 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위와 상기 항체 도메인, 상기 항원 도메인 또는 상기 결합 리간드 또는 이의 단편은 링커 서열에 의해 작동가능하도록 연계된다. 일부 경우들에서, 상기 링커 서열은 $(G_4S)_n$을 포함하고, 이때 n=1 ~ 4이다. 일부 경우들에서, 상기 막경유 도메인은 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마 또는 TCR 델타의 TCR 막경유 도메인이다. 일부 경우들에서, 상기 세포내 도메인은 오로지 CD3 입실론, 오로지 CD3 감마, 오로지 CD3 델타, 오로지 TCR 알파, 오로지 TCR 베타, 오로지 TCR 감마 또는 오로지 TCR 델타에서만 유래된다. 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 (i) TCR 세포외 도메인의 적어도 일부분, (ii) TCR 막경유 도메인, 그리고 (iii) TCR 세포내 도메인을 포함하고, 이때 (i), (ii), 그리고 (iii) 중 적어도 두 개는 동일한 TCR 소단위로부터 유래된다. 일부 경우에서, 상기 TCR 세포외 도메인은 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 세포외 도메인 또는 이의 일부분을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄, CD3 제타 쇄, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD28, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, CD154, 이의 기능적 단편들, 그리고 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 막경유 도메인을 포함하는 막경유 도메인을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 입실론, CD3 감마 또는 CD3 델타의 세포내 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 TCR 세포내 도메인을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 4-1BB의 기능적 신호생성 도메인 및/또는 CD3 제타의 기능적 신호생성 도메인, 또는 이에 대하여 적어도 하나의 변형을 갖는 아미노산 서열에서 선택된 단백질의 자극 도메인을 포함하는 세포내 도메인을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 공동-자극 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우에서, 상기 공동자극 도메인은 OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1 (CD11a/CD18), ICOS (CD278), 그리고 4-1BB (CD137), 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 기능적 신호생성 도메인을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 TCR 소단위는 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, CD3 델타 TCR 소단위, Fc 입실론 수용체 1 쇄, Fc 입실론 수용체 2 쇄, Fc 감마 수용체 1 쇄, Fc 감마 수용체 2a 쇄, Fc 감마 수용체 2b1 쇄, Fc 감마 수용체 2b2 쇄, Fc 감마 수용체 3a 쇄, Fc 감마 수용체 3b 쇄, Fc 베타 수용체 1 쇄, TYROBP (DAP12), CD5, CD16a, CD16b, CD22, CD23, CD32, CD64, CD79a, CD79b, CD89, CD278, CD66d, 이의 기능적 단편들, 그리고 이에 대하여 적어도 하나의, 그러나 20개를 넘지 않는 변형을 갖는 이의 아미노산 서열로 구성된 군에서 선택된 단백질의 면역수용체 티로신-기반의 활성화 모티프(ITAM) 또는 이의 일부분을 포함하는 TCR 소단위의 ITAM을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 ITAM은 CD3 감마, CD3 델타, 또는 CD3 입실론의 ITAM을 대체한다. 일부 경우들에서, 상기 ITAM은 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택되며, 그리고 CD3 제타 TCR 소단위, CD3 입실론 TCR 소단위, CD3 감마 TCR 소단위, 그리고 CD3 델타 TCR 소단위로 구성된 군에서 선택된 상이한 ITAM을 대체한다. 일부 경우들에서, 상기 TFP, 상기 TCR 감마 불변 도메인, 상기 TCR 델타 불변 도메인, 및 이의 임의의 조합은 내생성 TCR 복합체 및/또는 적어도 하나의 내생성 TCR 폴리펩티드와 기능적으로 상호작용할 수 있다. 일부 경우들에서, (a) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 델타, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; (b) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 TCR 감마, CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합되며; 또는 (c) 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이며, 상기 TFP는 CD3 입실론, CD3 감마, CD3 델타, 또는 이의 조합의 내생성 소단위를 포함하는 TCR 복합체에 기능적으로 통합된다. 일부 경우들에서, 상기 이에 대하여 적어도 하나, 그러나 20개를 넘지 않는 변형은 세포 신호생성을 중개하는 아미노산의 변형, 또는 상기 TFP에 결합하는 리간드에 반응하여 인산화되는 아미노산의 변형을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 항체는 항체 단편이다. 일부 경우들에서, 상기 항체 단편은 scFv, 단일 도메인 항체 도메인, VH 도메인 또는 VL 도메인이다. 일부 경우들에서, 인간 또는 인간화된 항원 결합 도메인을 포함하는 항체는 항-CD19 결합 도메인, 항-B-세포 성숙 항원 (BCMA) 결합 도메인, 항-메소텔린 (MSLN) 결합 도메인, 항-MUC16 결합 도메인, 항-IL13Rα2 결합 도메인, 항-CD22 결합 도메인, 항-PD-1 결합 도메인, 항-PD-L1 결합 도메인, 항-BAFF 또는 BAFF 수용체 결합 도메인, 및 항-ROR-1 결합 도메인을 포함하는 군에서 선택된다. 일부 경우에서, 상기 핵산은 DNA 및 RNA로 구성된 군에서 선택된다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 mRNA이다. 일부 경우에서, 상기 재조합 핵산은 핵산 유사체를 포함하고, 이때 상기 핵산 유사체는 이 재조

합 핵산의 인코딩 서열에 존재하지 않는다. 일부 경우들에서, 상기 핵 유사체는 다음으로 구성된 군에서 선택된다: 2'-O-메틸, 2'-O-메톡시에틸 (2'-O-MOE), 2'-O-아미노프로필, 2'-데옥시, T-데옥시-2'-플로오르, 2'-O-아미노프로필 (2'-O-AP), 2'-O-디메틸아미노에틸 (2'-O-DMAOE), 2'-O-디메틸아미노프로필 (2'-O-DMAP), T-O-디메틸아미노에틸옥시에틸 (2'-O-DMAEOE), 2'-O-N-메틸아세트아미도 (2'-O-NMA) 변형된, 잠김 핵산 (LNA), 에틸렌 핵산 (ENA), 펩티드 핵산 (PNA), 1',5'-무수헥시톨 핵산 (HNA), 몰포리노, 메틸포스포네이트 뉴클레오티드, 티올포스포네이트 뉴클레오티드, 그리고 2'-플루오르 N3-P5'-포스포라미디트. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 리더 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 프로모터 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 poly(A) 꼬리를 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 3'UTR 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 단리된 핵산 또는 자연 발생적이 아닌 핵산이다. 일부 경우들에서, 상기 핵산은 *시험관내* 전사된 핵산이다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 재조합 핵산은 TCR 알파 막경유 도메인을 인코딩하는 서열과 TCR 베타 막경유 도메인을 인코딩하는 서열을 더 포함한다.

[0412] 일부 구체예들에서, 본원에 기술된 상기 재조합 핵산을 포함하는 벡터가 본원에서 기술된다. 일부 경우들에서, 상기 벡터는 DNA, RNA, 플라스미드, 렌티바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터, 아데노-연합된 바이러스 벡터 (AAV), Rous 육종 바이러스 (RSV) 벡터, 또는 레트로바이러스 벡터로 구성된 군에서 선택된다. 일부 경우들에서, 상기 벡터는 AAV6 벡터이다. 일부 경우에서, 상기 벡터는 프로모터를 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 벡터는 *시험관내* 전사된 벡터다.

[0413] 일부 구체예들에서, 상기에서 기술된 재조합 핵산, 또는 상기에서 기술된 벡터를 포함하는 변형된 T 세포가 본원에서 기술되며; 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능적 파괴를 포함한다. 일부 구체예들에서, 상기에서 기술된 핵산의 TFP를 인코딩하는 서열, 또는 상기에서 기술된 상기 TFP를 인코드하는 핵산의 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 T 세포를 본원에서 추가 개시하며, 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능적 파괴를 포함한다. 상기에서 기술된 TFP를 인코딩하는 서열, 또는 상기에서 기술된 TFP를 인코드하는 핵산의 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 동종이계 T 세포를 본원에서 또한 기술한다. 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 이종성 서열을 더 포함하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이다. 일부 경우들에서, 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 내생성 TCR 알파 쇄, 내생성 TCR 베타 쇄, 또는 내생성 TCR 알파 쇄 및 내생성 TCR 베타 쇄이다. 일부 경우들에서, 상기 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하여, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소된다. 일부 경우에서, 상기 기능적 파괴란 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴를 말한다. 일부 경우들에서, 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴란 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자 서열을 이 T 세포의 게놈으로부터 제거함을 말한다. 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 인간 T 세포이다. 일부 경우에서, 상기 T 세포는 CD8+ T 세포, CD4+ T 세포, 나이브 T 세포, 기억 줄기 T 세포, 중추 기억 T 세포, 이중 음성 T 세포, 작동체 기억 T 세포, 작동체 T 세포, Th0 세포, Tc0 세포, Th1 세포, Tc1 세포, Th2 세포, Tc2 세포, Th17 세포, Th22 세포, 감마 델타 T 세포, 천연 킬러 (NK) 세포, 천연 킬러 T (NKT) 세포, 조혈 줄기 세포, 또는 다능성 줄기 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 CD8+ 또는 CD4+ T 세포이다. 일부 구체예들에서, 상기 T 세포는 CD4+CD8+ T 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 동종이계 T 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 변형된 T 세포들은 세포내 신호생성 도메인의 양성 신호를 포함하는 제 2 폴리펩티드와 연합된, 저해성 분자의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드를 포함하는 저해성 분자를 인코드하는 핵산을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 저해성 분자는 PD1의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드와 공동자극 도메인과 일차 신호생성 도메인을 포함하는 제 2 폴리펩티드를 포함한다.

[0414] 일부 구체예들에서, (a) 본원의 변형된 T 세포들; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 운반체를 포함하는 약제학적 조성물들이 본원에서 개시된다.

[0415] 일부 구체예들에서, 본 명세서의 변형된 T 세포를 만드는 방법이 본원에서 개시되는데, 이 방법은 다음을 포함한다: (a) TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR 유전자를 파괴하고; 이로 인하여 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포가 만들어지고; 그리고 (b) 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포로 본원에서 개시된 재조합 핵산, 또는 벡터를 형질도입시킨다. 일부 경우들에서, 파괴는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 유전자를 표적으로 하는 뉴클레아제 단백질 또는 뉴클레아제 단백질을 인코딩하는 핵산 서열로 상기 T 세포를 형질도입시키는 것을 포함한다. 일부 구체예들에서, 본 명세서의 변형된 T 세포를 만드는 방법이 본원에서 더 개시

되는데, 이 방법은 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포로 본원에서 개시된 재조합 핵산, 또는 벡터를 형질도입시키는 것을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 인간 T 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포는 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하여, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소된다. 일부 경우에서, 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제, 아연-핑거 뉴클레아제 (ZFN), 전사 활성화제-유사 작동체 뉴클레아제 (TALEN), CRISPR/Cas 뉴클레아제, 또는 megaTAL 뉴클레아제이다. 일부 경우에서, 상기 재조합 핵산 또는 상기 벡터에 포함된 서열은 내생성 TCR 소단위 유전자의 절단 부위로 삽입되고, 그리고 이때 이 내생성 TCR 소단위 유전자로 이러한 서열의 삽입으로 인하여 당해 내생성 TCR 소단위는 기능적으로 파괴된다. 일부 경우들에서, 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제이다. 일부 경우들에서, 상기 메가뉴클레아제는 제 1 소단위와 제 2 소단위를 포함하는데, 이때 상기 제 1 소단위는 인지 서열의 제 1 인지 절반-부위에 결합하고, 그리고 상기 제 2 소단위는 당해 인지 서열의 제 2 인지 절반-부위에 결합한다. 일부 경우에서, 상기 메가뉴클레아제는 링커를 포함하는 단일-쇄 메가뉴클레아제이며, 이때 상기 링커는 상기 제 1 소단위와 제 2 소단위를 공유적으로 연결한다.

[0416] 일부 구체예들에서, 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법이 본원에서 개시되며, 상기 방법은 당해 대상체에게 본원에서 개시된 약제학적 조성물의 치료요법적으로 유효량을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구체예들에서, 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법을 또한 본원에서 개시하는데, 이 방법은 당해 대상체에게 (a) 본원에서 개시된 방법에 따라 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 운반체를 포함하는 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 변형된 T 세포는 동종이계 T 세포이다. 일부 경우들에서, 변형안된 대조군 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 경우들에서, 본원에서 기술된 재조합 핵산, 또는 본원에서 기술된 벡터를 포함하는 변형된 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 경우들에서, 상기 방법은 상기 약제학적 조성물의 효과를 증가시키는 제제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 방법은 상기 약제학적 조성물와 연합된 하나 또는 그 이상의 부작용을 경감시키는 제제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 암은 고형 암, 림프종 또는 백혈병이다. 일부 경우들에서, 상기 암은 신장 세포 암종, 유방암, 폐암, 난소암, 전립선암, 결장암, 자궁경부암, 뇌암, 간암, 췌장암, 콩팥 및 위암으로 구성된 군에서 선택된다.

[0417] 일부 구체예들에서, 본원에서 개시된 재조합 핵산, 벡터, 변형된 T 세포, 또는 약제학적 조성물을 약물로써 또는 약물 제조에 사용하는 용도를 본원에서 개시한다.

[0418] **변형된 T 세포**

[0419] 일부 구체예들에서, 본원에서 기술된 재조합 핵산, 또는 본원에서 기술된 벡터를 포함하는 변형된 T 세포가 본원에서 기술되며; 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능적 파괴를 포함한다. 일부 구체예들에서, 본원에서 기술된 핵산의 TFP를 인코딩하는 서열, 또는 본원에서 기술된 핵산의 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 T 세포를 본원에서 또한 개시하며, 이때 상기 변형된 T 세포는 내생성 TCR의 기능적 파괴를 포함한다. 일부 구체예들에서, 본원에서 개시된 TFP를 인코딩하는 서열 또는 본원에서 개시된 핵산 서열에 의해 인코드된 TFP를 포함하는 변형된 동종이계 T 세포들이 본원에서 추가 개시된다.

[0420] 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 TCR 불변 도메인을 인코드하는 이종성 서열을 더 포함하며, 이때 상기 TCR 불변 도메인은 TCR 알파 불변 도메인, TCR 베타 불변 도메인, TCR 알파 불변 도메인 및 TCR 베타 불변 도메인, TCR 감마 불변 도메인, TCR 델타 불변 도메인 또는 TCR 감마 불변 도메인과 TCR 델타 불변 도메인이다. 일부 경우들에서, 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 내생성 TCR 알파 쇄, 내생성 TCR 베타 불변 도메인, 내생성 TCR 알파 불변 도메인 및 내생성 TCR 베타 불변 도메인, 내생성 TCR 감마 쇄, 내생성 TCR 델타 쇄, 또는 내생성 TCR 감마 쇄 및 내생성 TCR 델타 쇄이다. 일부 경우들에서, 상기 기능적으로 파괴된 내생성 TCR은 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하여, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소된다. 일부 경우에서, 상기 기능적 파괴란 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴를 말한다. 일부 경우들에서, 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자의 파괴란 상기 내생성 TCR을 인코드하는 유전자 서열을 이 T 세포의 게놈으로부터 제거함을 말한다. 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 인간 T 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 CD8+ 또는 CD4+ T 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 동종이계 T 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 변형된 T 세포들은 세포내 신호생성 도메인의 양성 신호를 포함하는 제 2 폴리펩티드와 연합된, 저해성 분자의 적어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드를 포함하는 저해성 분자를 인코드하는 핵산을 더 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 저해성 분자는 PD1의 적

어도 일부분을 포함하는 제 1 폴리펩티드와 공동자극 도메인과 일차 신호생성 도메인을 포함하는 제 2 폴리펩티드를 포함한다.

[0421] *T 세포의 공급원*

[0422] 확장 및 유전자 변형에 앞서, 대상체로부터 T 세포의 공급원이 수득된다. 용어 "대상체"란 면역 반응이 유도될 수 있는 살아있는 유기체 (예를 들어, 포유류)가 내포되는 것으로 의도된다. 대상체의 예로는 인간, 개, 고양이, 생쥐, 쥐 및 이의 형질 전환 종이 있다. T 세포는 말초 혈액 단핵 세포, 골수, 림프절 조직, 제대혈, 흉선 조직, 감염 부위의 조직, 복수, 흉막 삼출액, 비장 조직 및 종양을 포함하는 다수의 공급원으로부터 얻을 수 있다. 본 명세서의 특정 측면들에서, 당업계에서 이용 가능한 임의의 수의 T 세포주가 사용될 수 있다. 본 명세서의 특정 측면들에서, 이를 테면, Ficoll™ 분리와 같은 당업자에게 공지된 임의의 수의 기술을 사용하여, 대상으로부터 수집된 혈액 단위로부터 T 세포를 수득할 수 있다. 하나의 바람직한 측면에서, 개체의 순환 혈액으로부터의 세포는 성분채집술(apheresis)에 의해 수득된다. 성분 채집 산물은 전형적으로 T 세포, 단핵구, 과립구, B 세포, 다른 유핵(nucleated) 백혈구, 적혈구 및 혈소판을 포함한 림프구를 함유한다. 하나의 측면에서, 성분 채집술에 의해 수집된 세포를 세척하여 혈장 분획(fraction)을 제거하고, 세포를 후속 처리 단계에 적합한 완충제 또는 배지에 넣을 수 있다. 본 명세서의 하나의 측면에서, 상기 세포들은 인산염 완충된 염수(PBS)로 세척된다. 대안적 측면에서, 상기 세척액은 칼슘이 부족하고, 마그네슘이 부족할 수 있거나, 또는 이들 모두 2가 양이온이 아닐지라도 많은 것이 부족할 수 있다. 칼슘이 없는 초기 활성화 단계는 확대된 (magnified) 활성화로 이어진다. 세척 단계가 제조업자의 지시에 따라 반-자동 "흐름-통과" 원심 분리기 (예를 들어, Cobe® 2991 세포 처리기, Baxter Oncology CytoMate™ 또는 Haemonetics® Cell Saver® 5)를 이용하여 당분야에 공지된 방법에 따라 이루어질 수 있음을 당업자는 용이하게 인지할 것이다. 세척 후, 이들 세포는 다양한 생체 적합성 완충제, 예를 들어, Ca-없는, Mg-없는 PBS, PlasmaLyte A 또는 완충액이 있거나 또는 없는 다른 식염수 용액에 재현탁될 수 있다. 대안적으로, 성분 채집 샘플에서 바람직하지 않은 성분들이 제거될 수 있고, 세포가 배양 배지에 직접 재현탁될 수 있다.

[0423] 하나의 측면에서, T 세포는 적혈구를 용해시키고, 예를 들어, PERCOLL® 구배(gradient)를 통한 원심 분리 또는 역류 원심 분리 용리에 의해 단핵구를 고갈시킴으로써, 말초 혈액 림프구로부터 단리된다. T 세포의 특정 하위집단, 이를 테면, CD3+, CD28+, CD4+, CD8+, CD45RA+, 및 CD45RO+T 세포는 양성 또는 음성 선별 기술에 의해 추가 분리될 수 있다. 예를 들면, 하나의 측면에서, 원하는 T 세포의 양성 선별에 충분한 시간 동안 항-CD3/항-CD28 (가령, 3×28)-접합된 비드, 이를 테면 DYNABEADS® M-450 CD3/CD28 T와 항온처리함으로써, T 세포는 단리된다. 하나의 측면에서, 기간은 약 30 분이다. 추가 측면에서, 기간은 30 분 내지 36 시간, 또는 더 긴 시간 및 그 사이의 모든 정수 값 범위이다. 추가 측면에서, 기간은 적어도 1, 2, 3, 4, 5, 또는 6 시간이다. 여전히 또다른 바람직한 측면에서, 기간은 10 내지 24 시간이다. 하나의 측면에서, 상기 항온처리 기간은 24 시간이다. 다른 세포 유형과 비교하여, T 세포가 거의 없는 임의의 상황에서 T 세포를 단리하기 위해, 예를 들어, 종양 침윤 림프구 (TIL)를 종양 조직으로부터 또는 면역절충된(immunocompromised) 개체로부터 단리시키는 것은 더 긴 배양 기간이 사용될 수 있다. 또한, 더 긴 배양 시간의 사용은 CD8+ T 세포의 포획 효율을 증가시킬 수 있다. 따라서, T 세포가 CD3/CD28 비드에 결합하는 시간을 단순히 단축 또는 연장시킴으로써, 및/또는 (본 명세서에 추가로 기술 된 바와 같이) 비드에 대한 T 세포의 비를 증가 또는 감소시킴으로써, T 세포의 하위집단은 배양 개시 동안 또는 공정 동안 다른 시점에서 또는 이에 대해 우선적으로 선택되거나, 또는 반하여(against) 선택될 수 있다. 추가적으로, 비드 또는 다른 표면 상의 항-CD3 및/또는 항-CD28 항체의 비율을 증가시키거나 또는 감소시킴으로써, T 세포의 하위집단이 배양 개시 또는 다른 바람직한 시점에서 우선적으로 선택되거나, 또는 반하여(against) 선택될 수 있다. 당업자는 본 명세서의 내용에서 다수의 선택 라운드가 또한 사용될 수 있음을 인지할 것이다. 특정 측면들에서, 선택 절차를 수행하고, 활성화 및 확장 과정에서 "선택되지 않은(unselected)" 세포를 사용하는 것이 바람직할 수 있다. "선택되지 않은" 세포는 또한 추가 선택 라운드를 또한 거칠 수 있다.

[0424] 음성 선택에 의한 T 세포 집단의 집중(enrichment)은 음성적으로 선택된 세포에 대하여 특유한 표면 마커를 지향하는 항체의 조합으로 달성될 수 있다. 하나의 방법은 음성으로 선택된 세포 상에 존재하는 세포 표면 마커에 대한 단일 클론 항체의 칵테일을 사용하는 음성 자성(magnetic) 면역흡착 또는 유세포 분석을 통한 세포 분류(sorting) 및/또는 선택법이다. 예를 들면, 음성 선택에 의해 CD4+ 세포를 집중되도록 하기 위해, 단일클론 항체 칵테일은 전형적으로 CD14, CD20, CD11b, CD16, HLA-DR 및 CD8에 대한 항체를 포함한다. 특정 측면들에서, 전형적으로 CD4+, CD25+, CD62Lhi, GITR+ 및 FoxP3+를 발현하는 조절 T 세포를 풍부하게 하거나 양성적으로 선택하는 것이 바람직할 수 있다. 대안으로, 특정 측면들에서, T 조절 세포는 항-C25 콘쥬게이트된

비드 또는 다른 유사한 선택 방법에 의해 고갈될 수 있다.

[0425] 한 구체예에서, 하나 또는 그 이상의 IFNɣ TNF-알파, IL-17A, IL-2, IL-3, IL-4, GM-CSF, IL-10, IL-13, 그랜자임(granzyme) B, 그리고 퍼포린(perforin), 또는 다른 적절한 분자들, *가령*, 기타 사이토킨을 발현시키는 T 세포 집단이 선택될 수 있다. 세포 발현의 스크리닝 방법은 가령, PCT 공개 번호: WO 2013/126712에 기술된 방법에 의해 결정될 수 있다.

[0426] 양성 또는 음성 선택에 의해 원하는 세포 집단을 단리하기 위해, 세포 및 표면 (예를 들어, 비드와 같은 입자)의 농도를 변화시킬 수 있다. 특정 측면들에서, 세포와 비드의 최대 접촉을 보장하기 위해 비드와 세포가 함께 혼합되는 부피를 상당히 감소시키는 것 (가령, 세포의 농도를 증가시키는 것)이 바람직할 수 있다. 예를 들면, 하나의 측면에서, 20 억개 세포/mL의 농도가 사용된다. 하나의 측면에서, 10 억개 세포/mL의 농도가 사용된다. 추가 측면에서, 1 억 개 이상의 세포/mL가 사용된다. 추가 측면에서, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 또는 5천만 세포/mL의 세포 농도가 사용된다. 여전히 한 측면에서, 7천5백만개, 8천만개, 8천 5백만개, 9천만개, 9천5백만개 또는 1 억개 세포/mL의 세포 농도가 사용된다. 추가 측면들에서, 1억 2천 5백만 또는 1 억 5 천만 세포/mL의 농도가 사용될 수 있다. 높은 농도를 사용하면 세포 수율, 세포 활성화 및 세포 확장이 증가할 수 있다. 또한, 높은 세포 농도의 사용은 CD28-음성 T 세포와 같이 관심대상 표적 항원을 약하게 발현시킬 수 있거나 또는 많은 종양 세포가 존재하는 샘플 (*가령*, 백혈병 혈액, 종양 조직 등)로부터 약하게 발현될 수 있는 세포를 보다 효율적으로 포획할 수 있게 한다. 이러한 세포 집단은 치료적 가치를 가질 수 있고, 획득하는 것이 바람직할 것이다. 예를 들면, 고농도의 세포를 사용하면 일반적으로 더 약한 CD28 발현을 갖는 CD8+ T 세포를 보다 더 효율적으로 선택할 수 있다.

[0427] 관련된 측면에서, 보다 낮은 농도의 세포를 사용하는 것이 바람직할 수 있다. T 세포와 표면 (예를 들어, 비드와 같은 입자)의 혼합물을 상당히 희석함으로써, 입자와 세포 사이의 상호 작용이 최소화된다. 이는 입자에 결합될 다량의 원하는 항원을 발현하는 세포를 선택한다. 예를 들면, CD4+ T 세포는 CD28을 더 높은 수준으로 발현시키고, 희석 농도에서 CD8+ T 세포보다 더 효율적으로 포획된다. 하나의 측면에서, 사용된 세포의 농도는 $5x10^6$/mL이다. 다른 측면들에서, 사용된 농도는 약 $1x10^5$/mL 내지 $1x10^6$/mL 및 그 사이의 임의의 정수 값일 수 있다. 다른 측면들에서, 세포는 2-10℃ 또는 실온에서 다양한 속도로 다양한 시간 길이 동안 회전자(rotator)에서 항온처리될 수 있다.

[0428] 자극을 위한 T 세포는 또한 세척 단계 후에 동결될 수 있다. 이론에 결부되지 않고, 동결 및 후속 해동 단계는 세포 집단에서 과립구 및 어느 정도의 단핵구를 제거함으로써 보다 균일한 생성물을 제공한다. 혈장 및 혈소판을 제거하는 세척 단계 후, 세포는 동결 용액에 현탁될 수 있다. 많은 동결 용액 및 매개변수가 관련 기술 분야에 공지되어 있고, 이 문맥에서 유용할 수 있지만, 한 가지 방법은 20% DMSO 및 8% 인간 혈청 알부민을 함유하는 PBD, 또는 10% 덱스트란 40 및 5% 덱스트로스, 20% 인간 혈청 알부민 및 7.5% DMSO, 또는 31.25% Plasmalyte-A, 31.25% 덱스트로스 5%, 0.45% NaCl, 10% 덱스트란 40 및 5% 덱스트로스, 20% 인간 혈청 알부민, 및 7.5% DMSO를 함유하는 배양 배지, 또는 예를 들면, Hespan 및 PlasmaLyte A를 함유하는 적합한 세포 동결 배지를 이용하는 것과 관련되며, 그 다음 세포는 분당 1의 속도로 -80°C로 동결시키고, 액체 질소 저장 탱크의 증기 상(vapor phase)에 저장된다. 다른 제어된 동결 방법이 이용될 수 있고, 뿐만 아니라 -20℃에서 즉시 또는 액체 질소에서 제어되지 않는 동결이 이용될 수 있다. 특정 측면들에서, 동결보존된 세포를 본원에 기재된 바와 같이 해동시키고, 세척하고, 그리고 본 명세서의 방법을 이용하여 활성화 전에 실온에서 1 시간 동안 휴면(rest)시켰다.

[0429] 본원에 기술된 바와 같은 확장된 세포가 필요할 수 있는 시간 이전에 대상으로부터 혈액 샘플 또는 성분 채집 산물의 수집이 또한 본 명세서의 내용에서 고려된다. 이와 같이, 확장될 세포의 공급원은 필요한 임의의 시점에 수집 될 수 있고, T 세포와 같은 바람직한 세포는 분리 및 동결되어, 본원에 기재된 것과 같은 T 세포로부터 혜택을 받을 수 있는 임의의 수의 질환 또는 상태를 위한 T 세포 요법에서 나중에 사용될 수 있다. 하나의 측면에서, 혈액 샘플 또는 성분 채집은 일반적으로 건강한 대상에서 채취된다. 특정 측면들에서, 혈액 샘플 또는 성분 채집은 질환이 발생할 위험이 있지만, 아직 질환이 발생하지 않은 일반적으로 건강한 대상으로부터 채취되며, 관심대상 세포는 분리되어 추후 사용을 위해 동결된다. 특정 측면들에서, T 세포는 팽창, 동결되며, 추후에 사용될 수 있다. 특정 측면들에서, 샘플은 본원에 기술된 바와 같은 특정 질환의 진단 직후, 그리나 임의의 치료에 앞서 환자로부터 수집된다. 추가 측면에서, 상기 세포는 하기 임의의 수의 관련 치료 양식에 앞서 대상으로부터 혈액 샘플 또는 성분 채집으로부터 단리된다: 나탈리주맙,에팔리주맙, 항바이러스제, 화학 요법, 방사선, 면역억제제, 예컨대 사이클로스포린, 아자티오프린, 메토트렉세이트, 미코페놀레이트, 항체, 또는 다른 면역절

제(immunoablative) 제제, 이를 테면, 알렘투주맙(alemtuzumab), 항-CD3 항체, 사이토산, 플루다라빈, 사이클로스포린, 타크로리무스(tacrolimus), 라파마이신, 미코페놀 산, 스테로이드, 로미뎁신(romidepsin)과 같은 제제를 이용한 치료 및 조사(irradiation).

[0430] 본 명세서의 추가 측면에서, T 세포는 대상체에서 기능적 T 세포가 남아있도록 처리를 한 후, 해당 환자로부터 직접 얻는다. 이와 관련하여, 특정 암 치료, 특히 면역계를 손상시키는 약물로 치료 후, 치료 직후 환자가 치료로부터 정상적으로 회복되는 기간 동안, 수득된 T 세포의 품질이 최적일 수 있거나, 또는 *생체 외*에서 확장하는 이들의 능력이 개선될 수 있다. 마찬가지로, 본원에 기재된 방법을 사용한 *생체 외* 조작 후, 이들 세포는 강화된 생착(engraftment) 및 *생체 내* 확장에 바람직한 상태일 수 있다. 따라서, 이러한 회복 단계 동안, T 세포, 수지상 세포 또는 조혈 계통의 다른 세포를 포함하는 혈액 세포를 수집하는 것이 본 명세서의 맥락 내에서 고려된다. 더욱이, 특정 측면들에서, 동원(mobilization) (예를 들어, GM-CSF에 의한 동원) 및 컨디셔닝 요법은 대상에서 특히, 치료 후 특정된 시간대(window of time) 동안 특정 세포 유형의 재-증식(repopulation), 재순환, 재생 및/또는 확장이 선호되는 상태를 창출하는데 이용될 수 있다. 예시적인 세포 유형에는 T 세포, B 세포, 수지상 세포 및 면역계의 다른 세포들이 내포된다.

[0431] *T 세포의 활성화 및 확장*

[0432] T 세포들은 예를 들면, U.S. 특허 번호 6,352,694; 6,534,055; 6,905,680; 6,692,964; 5,858,358; 6,887,466; 6,905,681; 7,144,575; 7,067,318; 7,172,869; 7,232,566; 7,175,843; 5,883,223; 6,905,874; 6,797,514; 6,867,041; 그리고 7,572,631에서 기술된 방법들을 일반적으로 이용하여 활성화되고, 확장될 수 있다.

[0433] 일반적으로, 본 명세서의 T 세포들은 CD3/TCR 복합체 연합된 신호를 자극하는 작용제 및 T 세포 표면 상의 공동자극 분자를 자극하는 리간드가 부착된 표면과의 접촉에 의해 확장될 수 있다. 특히, T 세포 집단은 본원에 기술된 바와 같이, 예를 들어, 항-CD3 항체 또는 이의 항원 결합 단편과의 접촉에 의해, 또는 표면에 고정된 항-CD2 항체와의 접촉에 의해, 또는 칼슘 이오노포어와 함께 단백질 키나제 C 활성화제(가령, 브리오스태틴)과의 접촉에 의해 자극될 수 있다. T 세포의 표면에서 보조 분자의 공동-자극을 위해, 보조 분자에 결합하는 리간드가 사용된다. 예를 들면, T 세포의 집단은 T 세포의 증식을 자극하기에 적합한 조건 하에서 항-CD3 항체 및 항-CD28 항체와 접촉될 수 있다. CD4+ T 세포 또는 CD8+ T 세포의 증식을 자극하기 위하여, 항-CD3 항체 및 항-CD28 항체. 항-CD28 항체의 예로는 9.3, B-T3, XR-CD28 (Diaclone, Besancon, France)을 포함하며, 당분야에 흔히 공지된 다른 방법에서와 같이 이용될 수 있다 (Berg et al., *Transplant Proc*. 30(8):3975-3977, 1998; Haanen et al., *J. Exp. Med*. 190(9):13191328, 1999; Garland et al., *J. Immunol. Meth*. 227(1-2):53-63, 1999). T 세포는 항-CD3 및/또는 CD28 항체가 있거나 없는 사이토카인의 존재 하에 추가로 활성화되고, 확장될 수 있다. 예시적인 사이토킨에는 IL-2, IL-7, IL-15, 및 IL-21이 내포된다.

[0434] 다양한 자극 시간에 노출된 T 세포들은 상이한 특성을 나타낼 수 있다. 예를 들면, 전형적인 혈액 또는 성분채집된 말초 혈액 단핵 세포 산물은 세포 독성 또는 억제제 T 세포 집단 (TC, CD8+)보다 큰 헬퍼 T 세포 집단 (TH, CD4+)을 갖는다. CD3 및 CD28 수용체를 자극함으로써 T 세포의 *생체외* 확장은 약 8 일-9 일 전, 주로 TH 세포로 구성되는 T 세포 집단을 생성하는 반면, 약 8 일-9 일 후, T 세포 집단은 점점 더 많은 TC 세포 집단을 포함한다. 따라서, 치료 목적에 따라, 주로 TH 세포들을 포함하는 T 세포 집단을 대상체에게 주입하는 것이 유리할 수 있다. 유사하게, TC 세포의 항원-특이적 하위세트가 분리된 경우, 이 하위세트를 더 크게 확장시키는 것이 유리할 수 있다.

[0435] 또한, CD4 및 CD8 마커 이외에도, 다른 표현형 마커는 세포 확장 과정 동안 상당히 유의적으로, 그러나 상당부분 재현가능하게 변한다. 따라서, 이러한 재현성(reproducibility)은 특정 목적을 위해 활성화된 T 세포 생성물을 맞춤화하는 능력을 가능하게 한다.

[0436] 항-CD19 항-BCMA, 항-CD22, 항-ROR1, 항-PD-1, 또는 항-BAFF, 항-MUC16, 항-메소텔린, 항-HER2, 항-PMSA, 항-CD20, 항-CD70, 항-GPC3, 항-Nectin-4, 항-Trop2, 또는 항-CD79b TFP가 일단 구축되면, 각종 검정을 이용하여 적절한 *시험관내*에서, 그리고 동물 모델에서 이 분자의 활성, 이를 테면, 항원 자극 후 T 세포들을 확장시키는 능력, 재-자극 없이 T 세포 확장을 유지하는 능력, 그리고 항-암 활성을 포함하나, 이에 국한되지 않는 활성을 평가할 수 있다. 항-CD19 항-BCMA, 항-GPC3, 항-Nectin-4, 항-Trop2, 항-CD22, 항-MSLN, 항-CD79B, 항-ROR1, 항-PD-1, 항-IL13Ra2, 항-PD-L1, 항-CD20, 항-CD70, 또는 항-BAFF 또는 BAFFR TFP의 효과를 평가하기 위한 검정은 하기에서 더 상세하게 기술된다.

[0437] 일차 T 세포들에서 TFP 발현의 Western 블랏 분석을 이용하여 단량체 및 이량체 존재를 탐지할 수 있다(*가령*,

Milone et al., *Molecular Therapy* 17(8): 1453-1464 (2009) 참고). 매우 간략하게, 상기 TFPs를 발현시키는 T 세포들 ($CD4^+$ 및 $CD8^+$ T 세포의 1:1 혼합물)은 10일 이상 동안 *시험관내*에서 확장되고, 용해 후, 환원 조건에서 SDS-PAGE를 거친다. TFPs는 TCR 쇄에 대한 항체를 이용한 웨스턴 블랏팅에 의해 탐지된다. 동일한 T 세포 하위세트를 비-환원 조건 하에서 SDS-PAGE 분석에 사용하여 공유적 이량체 형성을 평가할 수 있다.

[0438] 항원 자극 후,TFP^+ T 세포들의 *시험관내* 확장은 유동세포분석에 의해 측정될 수 있다. 예를 들면, $CD4^+$ 및 $CD8^+$ T 세포의 혼합물은 알파CD3/알파CD28 그리고 APCs에 의해 자극을 받은 후, 프로모터의 제어 하에 분석될 GFP를 발현시키는 렌티바이러스성 벡터로 형질도입된다. 예시적인 프로모터에는 CMV IE 유전자, EF-1알파, 유비퀴틴 C, 또는 포스포글리세로키나제 (PGK) 프로모터들이 내포된다. GFP 형광은 CD4+ 및/또는 CD8+ T 세포 하위세트에서 배양 6 일차에 유동세포분석에 의해 평가된다 (*가령,* Milone et al., Molecular Therapy 17(8): 1453-1464 (2009)). 대안으로, CD4+ 및 CD8+ T 세포들의 혼합물은 0 일차에 알파CD3/알파CD28 피복된 자성 비드로 자극을 받고, 1일차에 2A 리보솜 스키핑(skipping) 서열을 이용하여 eGFP와 함께 TFP를 발현시키는 바이시트론성(bicistronic) 렌티바이러스성 벡터를 이용하여 TFP로 형질도입된다. 배양물은 세척 후, 항-CD3 및 항-CD28 항체 (K562-BBL-3/28) 존재 하에서, TAA+ K562 세포들 (K562-TAA), 야생형 K562 세포들 (K562 야생형) 또는 hCD32 및 4-1BBL을 발현시키는 K562 세포들로 다시-자극된다. 외생성 IL-2는 이틀 마다 100 IU/mL로 이 배양물에 추가된다. GFP+ T 세포들은 비드-기반의 카운팅을 이용하여 유동세포분석에 의해 계수된다 (*가령,* Milone et al., *Molecular Therapy* 17(8): 1453-1464 (2009) 참고).

[0439] 재-자극 없이, 유지된 TFP+T세포 확장을 또한 측정할 수 있다(*가령,* Milone et al., *Molecular Therapy* 17(8): 1453-1464 (2009) 참고). 간략하게 설명하자면, 평균 T 세포 용적 (fl)은 0 일차에 알파CD3/알파CD28 피복된 자성 비드로 자극 후, 1일차에 지정 TFP로 형질도입 후, Coulter Multisizer III 입자 계수기를 이용하여 배양 8일차에 측정된다.

[0440] TFP-T 활성을 측정하기 위하여, 동물 모델이 또한 이용될 수 있다. 예를 들면, 면역결핍 마우스에서 일차 인간 프레-B ALL를 치료하기 위한 인간 CD19-특이적 TFP+ T 세포들을 이용한 이종이식편 모델이 이용될 수 있다(*가령,* Milone et al., Molecular Therapy 17(8): 1453-1464 (2009) 참고). ALL 확립 후, 마우스를 처리군으로 무작위화시킨다. 상이한 수의 공작된 T 세포들을 B-ALL를 품고 있는 NOD/SCID/γ-/- 1:1 비율로 마우스에게 공동주사한다. T 세포 주사 후, 다양한 시점에서 마우스 비장 DNA에서 각 벡터의 복제 수를 평가한다. 매주 간격으로 백혈병에 대하여 동물을 평가한다. 말초 혈액 CD19+ B-ALL 모세포 수는 알파CD19-제타 TFP+ T 세포들 또는 모의(mock)-형질도입된 T 세포들이 주사된 마우스에서 측정된다. 그룹에 대한 생존 곡선은 로그-등급(log-rank) 테스트를 사용하여 비교된다. 추가적으로, NOD/SCID/γ-/- 마우스에게 T 세포 주사-후 4 주 시점에, 절대 말초 혈액 CD4+ 및 CD8+ T 세포 수를 또한 분석할 수도 있다. 마우스에게 백혈병 세포를 주사하고, 3 주 후 eGFP에 연계된 TFP를 인코딩하는 바이시스트론성 렌티바이러스성 벡터에 의해 TFP가 발현되도록 공작된 T 세포를 주입한다. T 세포는 주사-전, 모의-형질도입된 세포와 혼합하여 45-50% 유입 GFP+ T 세포로 정상화되고, 유동세포 분석으로 확인된다. 1-주 간격으로 백혈병에 대하여 동물을 평가한다. 상기 TFP+ T 세포 그룹에 대한 생존 곡선은 로그-등급(log-rank) 테스트를 사용하여 비교된다.

[0441] 투여량 의존적 TFP 처리 반응이 평가될 수 있다(*가령,* Milone et al., *Molecular Therapy* 17(8): 1453-1464 (2009) 참고). 예를 들면, 21 일 차에 TFP T 세포, 동등한 수의 모의-형질도입된 T 세포를 주사한 마우스에서, 또는 T 세포를 주사하지 않은 마우스에서 백혈병이 확립된 후, 35-70 일차에 말초 혈액을 수득한다. 각 그룹의 마우스는 말초 혈액 CD19+ ALL 모세포를 계수하기 위해, 무작위 채혈한 다음, 35 일과 49 일 시점에 죽였다. 나머지 동물은 57 일과 70 일차에 평가된다.

[0442] 세포 증식 및 사이토킨 생산에 대한 평가는 이미 기술된 바 있는데, 가령, Milone et al., *Molecular Therapy* 17(8): 1453-1464 (2009)에서 기술되고 있다. 간단히 말해서, TFP-중재된 증식의 평가는 미량적정 플레이트 상에서 세척된 T 세포에 종양 연합된 항원 (TAA, 가령, CD19) CD19 (K19) 또는 CD32 및 CD137 (KT32-BBL)을 발현하는 K562 세포와 혼합하는데, 이때 T 세포: K562의 최종 비율은 2:1이 되도록 혼합된다. K562 세포들은 사용하기 전, 감마-방사선으로 조사된다(irradiated). 항-CD3 (클론 OKT3) 및 항-CD28 (클론 9.3) 단일클론성 항체들은 T 세포 증식을 자극하기 위한 양성 대조군으로 작용하는 KT32-BBL 세포들와 배양하기 위하여 추가되는데, 그 이유는 이들 신호가 생체외에서 장기적(long-term) CD8+ T 세포 확장을 뒷받침하기 때문이다. 제조업체에서 설명한대로, T 세포는 CountBright™ 형광 비드 (Invitrogen) 및 유동세포 분석을 사용하여 배양물에서 계수된다. TFP+ T 세포들은 eGFP-2A 연계된 TFP-발현시키는 렌티바이러스성 벡터들과 함께 공작된 T 세포를 이용한 GFP 발현에 의해 식별된다. GFP를 발현시키지 않는 TFP+ T 세포들의 경우, TFP+ T 세포들은 바이오티닐화된 재조합

CD19 단백질 및 2 차 아비딘-PE 콘쥬게이트로 탐지된다. T 세포들 상에서 CD4+ 및 CD8+ 발현은 특이적 단일클론성 항체들 (BD Biosciences)을 이용하여 또한 동시에 탐지된다. 제조업체의 지침에 따라, 인간 TH1/TH2 사이토킨 혈구계산(cytometric) 어레이 키트 (BD Biosciences)를 사용하여, 재-자극 후 24 시간 동안 수집된 상청액에서 사이토킨을 측정한다. 형광은 FACScalibur™ 유동세포 분석기 (BD Biosciences)를 사용하여 평가되고, 데이터는 제조업체의 지침에 따라 분석된다.

[0443] 세포독성은 표준 ^{51}Cr-방출 검정에 의해 평가될 수 있다 (*가령,* Milone et al., *Molecular Therapy* 17(8): 1453-1464 (2009) 참고). 표적 세포들 (K562 계통 및 일차 프로-B- ALL 세포들)은 ^{51}Cr ($NaCrO_4$으로써, New England Nuclear)와 함께, 37 ℃에서 2 시간 동안 로딩되는데, 이때 빈번한 교반이 가해지며, 완전 RPMI에서 2 회 세척한 후, 미량적정 플레이트 상에 도말된다. 작동체 T 세포들은 작동체 세포:표적 세포(E:T)의 비율을 다양하게 하면서, 완전 RMPI가 있는 웰에서 표적 세포들과 혼합된다. 오로지 배지만을 함유하거나 (자발적 방출, SR) 또는 Triton-X 100 세제의 1% 용액 (전체 방출, TR)을 함유하는 추가 웰들 또한 준비된다. 37 ℃에서 4 시간 동안 배양한 후, 각 웰로부터 상층액을 수거한다. 그 다음, 방출된 ^{51}Cr은 감마 입자 계수기 (Packard Instrument Co., Waltham, Mass.)를 이용하여 측정된다. 각 조건은 적어도 세 번 수행되며, 용해 비율은 공식을 사용하여 산출된다: 용해 %=(ER-SR)/(TR-SR), 여기에서 ER은 각 실험 조건에서 평균 방출된 ^{51}Cr를 나타낸다.

[0444] 이미징 기술은 종양이 있는 동물 모델에서 TFPs의 특정 트래피킹(trafficking) 및 증식의 평가에 사용할 수 있다. 이러한 검증은 *가령,* Barrett et al., *Human Gene Therapy* 22:1575-1586 (2011)에서 기술된다. NOD/SCID/γc-/- (NSG) 마우스에게 IV로 Nalm-6 세포들 (ATCC® CRL-3273™)을 주사하고, 7 일-후 상기 TFP 구조체들로 전기천공 후 4시간 시점에, T 세포들을 주사한다. 상기 T 세포들은 반딧불이 루시페라제를 발현하기 위해 렌티바이러스 구조체로 안정적으로 형질감염되고, 생물발광에 대하여 생쥐의 영상을 찍는다. 대안으로, Nalm-6 이종이식 모델에서 TFP+ T 세포의 단일 주사에 대한 치료 효능 및 특이성은 다음과 같이 측정할 수 있다: NSG 마우스에게서 반딧불이 루시퍼라제를 안정적으로 발현시키기 위해 형질도입된 Nalm-6을 주사하고, 7 일 후 TAA-TFP로 전기천공된 T 세포를 일회 꼬리 정맥 주사한다. 주사 후 다양한 시점에서 동물을 촬영한다. 예를 들면, 5 일 (치료 전 2 일) 및 8 일 (TFP+ PBL 후 24 시간)시점에 대표적인 마우스에서 반딧불이 루시퍼라제 양성 백혈병의 광자-밀도 열 지도를 만들 수 있다.

[0445] 본원의 실시예 섹션에서 기술된 것들, 뿐만 아니라 당분야에 공지된 것들을 비롯한 기타 검정을 또한 이용하여, 본원에서 기술된 항-CD19, 항-BCMA,, 항-CD22, 항-MSLN, 항-CD79B, 항-GPC3, 항-Nectin-4, 항-Trop2, 항-IL13Ra2, 항-PD-1, 항-ROR1, 항-PD-L1, 또는 항-BAFF 또는 BAFFR TFP 구조체들을 평가할 수 있다.

[0446] **약제학적 조성물**

[0447] 일부 구체예들에서, (a) 본원의 변형된 T 세포들; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 운반체를 포함하는 약제학적 조성물들이 본원에서 개시된다. 이러한 조성물은 중성 완충 식염수, 인산염 완충 식염수 및 이와 유사한 것들과 같은 완충액; 포도당, 만노스, 수크로스 또는 덱스트란, 만니톨과 같은 탄수화물; 단백질; 글리신과 같은 폴리펩티드 또는 아미노산; 항산화제; EDTA 또는 글루타티온과 같은 킬레이트제; 어쥬번트 (가령, 수산화 알루미늄); 그리고 보존제를 포함할 수 있다. 본 명세서의 조성물은 하나의 측면에서, 정맥내 투여용으로 제형화된다.

[0448] 본 명세서의 약제학적 조성물은 치료 (또는 예방)할 질환에 적합한 방식으로 투여될 수 있다. 투여량과 빈도는 환자의 상태, 환자의 질환의 유형 및 중증도와 같은 요인에 따라 결정되지만, 적절한 용량(dosages)은 임상 시험에 의해 결정될 수 있다.

[0449] 한 구체예에서, 상기 약제학적 조성물에는 오염물질, *가령,* 엔도톡신, 미코플라스마, 복제 컴피턴트(competent) 렌티바이러스 (RCL), p24, VSV-G 핵산, HIV gag, 항-CD3/항-CD28 피복된 잔류 비드, 마우스 항체들, 푸울된(pooled) 인간 혈청, 소 혈청 알부민, 소 혈청, 배양 배지 성분들, 벡터 패치지 세포 또는 플라스미드 성분들, 박테리아 및 곰팡이로 구성된 군에서 선택된 오염물질이 실질적으로 없거나, 또는 *가령,* 탐지불가능한 수준으로 존재한다. 한 구체예에서, 상기 박테리아는 알칼리게네스 패칼리스(*Alcaligenes faecalis*), *칸디다 알비칸스(Candida albicans), 대장균(Escherichia coli), 헤모필러스 인플루엔자(Haemophilus influenza), 나이세리아 메닝지티드스(Neisseria meningitides), 슈도모나스 에어루기노사(Pseudomonas aeruginosa), 스타필로코커스 아우레우스(Staphylococcus aureus), 스트렙토코커스 뉴모니아(Streptococcus pneumonia)*, 그리고 *스트렙토코커스 피오게네스(Streptococcus pyogenes)* 그룹 A로 구성된 군에서 선택된 적어도 하나의 박테리아다.

[0450] "면역학적으로 유효량", "항-종양 유효량", "종양-억제 유효량", 또는 "치료요법적 양"이 표시될 경우, 투여될 본 명세서의 조성물의 정확한 양은 환자 (대상체)의 연령, 체중, 종양 크기, 감염 또는 전이 정도 그리고 상태에 따른 개인차를 고려하여 의사에 의해 결정될 수 있다. 본원에서 기술된 T 세포들을 포함하는 약제학적 조성물은 체중 kg당 10^4 ~ 10^9 개 세포, 일부 경우에서 체중 kg 당 10^5 ~ 10^6 개 세포의 용량으로 투여될 수 있다고 일반적으로 말할 수 있고, 이때 이들 범위 안의 모든 정수 범위도 포함된다. T 세포 조성물은 또한 이러한 투여량으로 여러 번 투여될 수 있다. 면역요법에서 일반적으로 알려진 주입 기술을 사용하여 이들 세포를 투여할 수 있다(*가령,* Rosenberg et al., *New Eng. J. Med.* 319:1676, 1988 참고).

[0451] 특정 측면들에서, 활성화된 T 세포를 대상체에게 투여한 다음, 후속적으로 혈액을 다시 채취하고 (또는 성분채집술을 수행하고), 본 개시 내용에 따라 이로부터 T 세포를 활성화시키고, 이러한 활성화된, 그리고 확장된 T 세포를 환자에게 재-주입하는 것이 바람직할 수 있다. 이 프로세스는 몇 주마다 여러 번 수행될 수 있다. 특정 측면들에서, T 세포는 10cc ~ 400cc의 채혈로 활성화될 수 있다. 특정 측면들에서, T 세포들은 20 cc, 30 cc, 40 cc, 50 cc, 60 cc, 70 cc, 80 cc, 90 cc, 또는 100 cc의 채혈로 활성화된다.

[0452] 당해 조성물의 투여는 에어로졸 흡입, 주사, 복용(ingestion), 투입(transfusion), 착상(implantation) 또는 이식(transplantation)을 비롯한 임의의 편리한 방식으로 수행될 수 있다. 본원에서 기술된 조성물은 환자에게 동맥을 경유하여(transarterially), 피하(subcutaneously), 피내(intradermal), 종양내, 마디내(intranodally), 골수내, 근육내, 정맥내 (i.v.) 또는 복강내로 투여될 수 있다. 하나의 측면에서, 본 명세서의 T 세포 조성물은 피내 또는 피하 주사에 의해 환자에게 투여된다. 하나의 측면에서, 본 명세서의 T 세포 조성물은 i.v. 주사에 의해 투여된다. 상기 T 세포의 조성물은 종양, 림프절, 또는 감염 부위에 바로 주사될 수 있다.

[0453] 특정 예시적인 측면에서, 대상체들은 백혈구성분채집술(leukapheresis)을 겪을 수 있고, 이때 관심 대상의 세포들, *가령,* T 세포들을 선별 및/또는 단리시키기 위하여, 백혈구를 수집하고, 농축시키고, 또는 생체외 감손된다(depleted). 이들 T 세포 단리물(isolates)은 당업계에 공지된 방법에 의해 확장될 수 있고, 본 명세서의 하나 또는 그 이상의 TFP 구조체가 도입될 수 있도록 처리되어, 이로 인하여 본 명세서의 변형된 T-T 세포가 탄생할 수 있다. 이를 필요로 하는 대상체는 후속적으로 고용량 화학 요법에 이어, 말초 혈액 줄기 세포 이식에 의한 표준 치료를 받을 수 있다. 특정 측면들에서, 이식 후 또는 이식과 동시에, 대상체는 본 명세서의 확장 변형된 T 세포를 주입받게 된다. 추가 측면에서, 확장된 세포는 수술 전 또는 후에 투여된다.

[0454] 환자에게 투여되는 상기 치료의 용량은 치료될 병태의 정확한 성질 및 치료를 받는 대상자에 따라 달라질 수 있다. 인간 투여를 위한 용량 조정(scaling)은 당업계에서 인정하는 관행에 따라 수행될 수 있다. 예를 들면, 알렘투주맙의 투여량은 일반적으로 성인 환자의 경우 일반적으로 1 일 ~ 30 일 동안 매일 1 ~ 약 100mg 범위로 투여된다. 일부 경우, 하루 최대 40mg까지 더 많은 용량을 사용할 수 있지만, 바람직한 일일 투여량은 하루에 1 ~ 10mg이다 (U.S. 특허 번호 6,120,766에서 기술됨).

[0455] 한 구체예에서, 상기 TFP는 *가령, 시험관내* 전사를 이용하여 T 세포 내로 도입되며, 그리고 대상체 *(가령,* 인간)는 본 명세서의 TFP T 세포들을 최초 투여받고, 그리고 후속적으로 본 명세서의 TFP T 세포의 한번 또는 그 이상의 투여를 제공받으며, 이때 이러한 한번 하나 또는 그 이상의 후속 투여는 앞서 받은 투여 후 15 일 이내, *가령,* 14일, 13일, 12일, 11일, 10일, 9일, 8일, 7일, 6일, 5일, 4일, 3일, 또는 2 일 이내에 투여된다. 한 구체예에서, 본 명세서의 TFP T 세포들의 한 번 이상의 투여는 주당 당해 대상체에게 *(가령,* 인간)투여되는데, *가령,* 본 명세서의 TFP T 세포들은 주당 2회, 3회, 또는 4회 투여된다. 한 구체예에서, 상기 대상체 *(가령,* 인간 대상체)는 주당 한 번 이상의 TFP T 세포들을 투여받고*(가령,* 주당 2회, 3회, 또는 4회 투여) (이를 또한 본원에서는 주기(cycle)로 칭함), 이어서 TFP T 세포 투여가 없이 한 주를 보내고, 그리고 상기 TFP T 세포들의 한번 또는 그 이상의 추가 투여 *(가령,* 상기 TFP T 세포들을 주당 한 번 이상)를 당해 대상체에게 제공한다. 또 다른 구체예에서, 상기 대상체 *(가령,* 인간 대상체)는 일회 이상의 주기로 TFP T 세포들을 제공받고, 이때 각 주기 사이의 기간은 10일, 9일, 8일, 7일, 6일, 5일, 4일, 또는 3 일 미만이다. 한 구체예에서, 상기 TFP T 세포들은 주당 3회 투여를 위하여 격일로 투여된다. 한 구체예에서, 본 명세서의 TFP T 세포들은 적어도 2주, 3주, 4주, 5주, 6주, 7주, 8주, 9주 또는 그 이상 주 동안 투여된다.

[0456] 한 측면에서, CD19 TFP T 세포들은 렌티바이러스성 바이러스성 벡터들, 이를 테면, 렌티바이러스를 이용하여 생성된다. 생성된 TFP-T 세포들은 안정적인 TFP 발현을 가질 것이다.

[0457] 하나의 측면에서, TFP T 세포들은 형질도입 후, 4일, 5일, 6일, 7일, 8일, 9일, 10일, 11일, 12일, 13일, 14일, 15 일 동안 TFP 벡터를 일시적으로 발현시킨다. TFPs의 일시작 발현은 RNA TFP 벡터 운반에 영향을 받을

수 있다. 하나의 측면에서, 상기 TFP RNA는 상기 T 세포로 전기천공에 의해 형질도입된다.

[0458] TFP를 일과적으로 발현시키는 T 세포 (특히 TFP T 세포를 품고 있는 뮤린 scFv을 이용)를 사용하여 치료중인 환자에서 발생할 수 있는 잠재적인 문제는 다중 치료 후 과민증이다.

[0459] 이 이론에 얽매이지 않고, 그러한 과민 반응은 체액 성 항-TFP 반응, 즉 항-IgE 아이소타입을 갖는 항-TFP 항체를 발달시키는 환자에 의해 야기될 수 있다고 본다. 환자의 항체 생산 세포는 항원 노출이 10 일에서 14 일 사이에있을 때 IgG 아이소타입 (과민증를 유발하지 않음)에서 IgE 아이소타입으로 클래스 전환을 겪는 것으로 보인다.

[0460] 환자가 일시적 TFP 요법 (가령, RNA 형질 도입에 의해 생성된 것) 동안, 항-TFP 항체 반응을 생성할 위험이 높은 경우, TFP T 세포 주입 휴지기는 10 ~ 14 일 이상 지속되지 않아야 한다.

[0461] **변형된 T 세포들을 만드는 방법**

[0462] 일부 구체예들에서, 본 명세서의 변형된 T 세포를 만드는 방법들이 본원에서 개시되는데, 이 방법은 다음을 포함한다: (a) TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 감마 쇄, TCR 델타 쇄 또는 이의 임의의 조합을 인코드하는 내생성 TCR 유전자를 파괴하고; 이로 인하여 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포가 만들어지고; 그리고 (b) 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포로 본원의 재조합 핵산, 또는 본원에서 개시된 벡터를 형질도입시킨다. 일부 경우들에서, 파괴는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 유전자를 표적으로 하는 뉴클레아제 단백질 또는 뉴클레아제 단백질을 인코딩하는 핵산 서열로 상기 T 세포를 형질도입시키는 것을 포함한다.

[0463] 일부 구체예들에서, 본 명세서의 변형된 T 세포를 만드는 방법들이 본원에서 더 개시되는데, 이 방법은 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포로 본원에서 개시된 재조합 핵산, 또는 본원에서 개시된 벡터를 형질도입시키는 것을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드하는 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포이다.

[0464] 일부 경우들에서, 상기 T 세포는 인간 T 세포이다. 일부 경우들에서, 상기 내생성 TCR 유전자의 기능적 파괴를 내포하는 T 세포는 변형안된 대조군 T 세포의 것과 비교하여, MHC-펩티드 복합체에 대한 결합이 감소된다.

[0465] 일부 경우들에서, 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제, 아연-핑거 뉴클레아제 (ZFN), 전사 활성화제-유사 작동체 뉴클레아제 (TALEN), CRISPR/Cas 뉴클레아제, CRISPR/Cas 니카제, 또는 megaTAL 뉴클레아제이다. 일부 경우에서, 상기 재조합 핵산 또는 상기 벡터에 포함된 서열은 내생성 TCR 소단위 유전자의 절단 부위로 삽입되고, 그리고 이때 이 내생성 TCR 소단위 유전자로 이러한 서열의 삽입으로 인하여 당해 내생성 TCR 소단위는 기능적으로 파괴된다. 일부 경우들에서, 상기 뉴클레아제는 메가뉴클레아제이다. 일부 경우들에서, 상기 메가뉴클레아제는 제 1 소단위와 제 2 소단위를 포함하는데, 이때 상기 제 1 소단위는 인지 서열의 제 1 인지 절반-부위에 결합하고, 그리고 상기 제 2 소단위는 당해 인지 서열의 제 2 인지 절반-부위에 결합한다. 일부 경우에서, 상기 메가뉴클레아제는 링커를 포함하는 단일-쇄 메가뉴클레아제이며, 이때 상기 링커는 상기 제 1 소단위와 제 2 소단위를 공유적으로 연결한다.

[0466] *유전자 편집 기술*

[0467] 일부 구체예들에서, 본원에서 개시되는 변형된 T 세포들은 유전자 편집 기술, 이를 테면, 클러스트화된 규칙적으로 공간을 둔(clustered regularly interspaced) 짧은 팔린드롬 반복부(CRISPR®, 가령, US 특허 번호 8,697,359 참고), 전사 활성화제-유사 작동체 (TALE) 뉴클레아제 (TALENs, 가령, U.S. 특허 번호 No. 9,393,257 참고), 메가뉴클레아제 (12 내지 40개 염기쌍의 이중-가닥으로된 DNA 서열을 포함하는 큰 인지부위를 갖는 엔도데옥시리보뉴클레아제), 아연 핑거 뉴클레아제 (ZFN, 가령, Urnov et al., Nat. Rev. Genetics (2010) v11, 636-646 참고), 또는 megaTAL 뉴클레아제 (메가뉴클레아제 TAL 반복부에 메가 뉴클레아제가 융합된 단백질) 방법을 이용하여 공작된다. 이러한 방식으로, 키메라 구조체는 배좌(conformation) 또는 신호 전달 능력과 같은 각 소단위의 바람직한 특성이 복합되도록 설계될 수 있다. Sander & Joung, Nat. Biotech. (2014) v32, 347-55; 그리고 June et al., 2009 Nature Reviews Immunol. 9.10: 704-716을 또한 참고, 이들 각각은 본원의 참고자료에 편입됨. 일부 구체예들에서, TFP 소단위의 하나 또는 그 이상의 세포외 도메인, 막경유 도메인, 또는 세포질 도메인은 천연 TCR 소단위 도메인의 하나 이상의 측면을 갖도록 공작된다 (가령, 키메라로).

[0468] 인간 게놈을 영구적으로 변경시키고, 질환 관련 유전자에 부위-특이적 게놈 변형을 도입시키는 기술의 최근 발

달은 치료 응용의 토대가 된다. 이러한 기술은 이제 흔히 "게놈 편집"으로 알려져 있다.

[0469] TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코딩하는 내생성 TCR 유전자는 본원에서 기술된 변형된 세포 (가령, 변형된 T 세포)에서 비활성화될 수 있다. 상기 비활성화에는 게놈 유전자 좌의 파괴, 유전자 침묵, 전사의 억제 또는 감소, 또는 해독의 억제 또는 감소가 내포될 수 있다. 상기 내생성 TCR 유전자는 예를 들면, 저해성 핵산, 이를 테면, siRNA 및 shRNA에 의해 침묵화될 수 있다. 상기 내생성 TCR 유전자의 해독은 저해성 핵산, 이를 테면, microRNA에 의해 억제될 수 있다. 일부 구체예들에서, 내생성 TCR 유전자를 파괴하기 위해 유전자 편집 기술이 사용된다. 일부 구체예들에서, 언급된 내생성 TCR 유전자는 TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코드한다. 일부 구체예들에서, 유전자 편집 기술은 내생성 TCR 유전자에서 여러 게놈 유전자좌를 동시에 파괴할 수 있는 다중 게놈 편집을 위한 길을 열어준다. 일부 구체예들에서, 다중 게놈 편집 기술은 내생성 TCR 및/또는 인간 백혈구 항원 (HLAs) 및/또는 예정된 세포 사멸 단백질 1 (PD1) 및/또는 기타 유전자의 발현이 부족한 유전자-파괴된 T 세포를 생성하는데 적용된다.

[0470] 현행 유전자 편집 기술은 메가뉴클레아제, 아연-핑거 뉴클레아제 (ZFN), TAL 작동체 뉴클레아제 (TALEN), 그리고 클러스트화된 규칙적으로 공간을 둔 짧은 팔린드롬 반복부 (CRISPR)/CRISPR-연합된 (Cas) 시스템을 포함한다. 이들 네 가지 주요 유전자-편집 기술은 사용자-정의 DNA 서열 결합, 이중-가닥 DNA 파손(break)(DSB)을 중재함에 있어서 공통 작용 모드를 공유한다. 그 다음, DSB는 비-상동성 단부 연결 (NHEJ) 또는 (공여자 DNA가 존재할 때) 상동성 재조합 (HR)-공여자 DNA 단편으로부터 상동성 서열을 도입시키는 사건-에 의해 복구될 수 있다. 추가적으로, 니카제 뉴클레아제는 단일-가닥 DNA 파손 (SSB)을 만든다. DSBs는 단일 가닥 DNA 편입 (ssDI) 또는 단일 가닥 주형 복구 (ssTR), 공여자 DNA로부터 상동성 서열을 도입시키는 사건-에 의해 복구될 수 있다.

[0471] 게놈 DNA의 유전적 변형은 관심대상의 유전자좌(locus)의 DNA 서열을 인지하도록 공작된 부위-특이적, 희귀-절단(rare-cutting) 엔도뉴클레아제를 사용하여 수행될 수 있다. 공작된, 부위-특이적 엔도뉴클레아제를 만드는 방법들은 당분야에 공지되어 있다. 예를 들면, 아연-핑거 뉴클레아제 (ZFNs)는 게놈에 있는 사전결정된 부위들을 인지하고, 이를 절단하도록 공작될 수 있다. ZFNs는 Fok1 제한효소에 융합된 아연 핑거 DNA-결합 도메인을 포함하는 키메라 단백질이다. 상기 아연 핑거 도메인은 합리적 또는 실험적 수단을 통해 재-설계되어, 사전결정된 DNA 서열 - 18개 염기쌍에 결합하는 단백질을 생산할 수 있다. Fok1 뉴클레아제에 이렇게 공작된 단백질 도메인이 융합됨으로써, 게놈-수준 특이성을 갖는 DNA 파손을 표적으로 하는 것이 가능하다. ZFNs는 광범위한 진핵 유기체에서 유전자의 추가, 제거 및 치환을 표적으로 하는데 상당히 이용되어 왔었다(Durai et al. (2005), Nucleic Acids Res 33, 5978에서 검토됨). 유사하게, 게놈 DNA에서 특정 부위를 절단하기 위해, TAL-작동체 뉴클레아제 (TALENs)가 만들어질 수 있다. ZFN과 같이, TALEN은 Fok1 뉴클레아제 도메인에 융합된 공작된, 부위-특이적 DNA-결합 도메인을 포함한다 (Mak et al. (2013), Curr Opin Struct Biol. 23:93-9에서 검토됨). 이 경우, 그러나, 상기 DNA 결합 도메인은 TAL-작동체 도메인의 텐덤(tandem) 어레이를 포함하는데, 이들 각각은 단일 DNA 염기쌍을 특이적으로 인지한다. 콤팩트 TALENs는 이량체화 요구를 회피하기 위한 대체 앤도뉴클레아제 구조를 갖는다 (Beurdeley et al. (2013), Nat Commun. 4: 1762). 콤팩트 TALEN은 I-TevI 귀소 앤도뉴클레아제로부터 기인된 뉴클레아제 도메인에 융합된 공작된, 부위-특이적 TAL-작동체 DNA-결합 도메인을 포함한다. Fok1과는 달리, I-TevI는 이중-가닥 DNA 파손을 만들기 위하여 이량체화를 요구하지 않고, 따라서 콤팩트 TALEN는 단량체로 기능한다.

[0472] CRISPR/Cas9 시스템 기반의 공작된 앤도뉴클레아제는 당분야에 또한 공지되어 있다 (Ran et al. (2013), Nat Protoc. 8:2281-2308; Mali et al. (2013), Nat Methods 10:957-63). CRISPR 유전자-편집 기술은 앤도뉴클레아제 단백질로 구성되는데, 이의 DNA-표적화 특이성 및 절단 활성은 짧은 가이드 RNA 또는 듀플렉스(duplex) crRNA/TracrRNA에 의해 프로그래밍될 수 있다. CRISPR 앤도뉴클레아제는 두 성분을 포함한다: (1) 카스파제 작동체 뉴클레아제, 전형적으로 미생물 Cas9; 그리고 (2) 상기 뉴클레아제를 게놈의 관심 부위로 지향시키는 18 내지 20개의 뉴클레오티드 표적화 서열을 포함하는 짧은 "가이드 RNA" 또는 RNA 듀플렉스. 동일한 세포에서 다중 가이드 RNAs를 발현시키는데, 이들 각각은 상이한 표적화 서열을 갖고 있음으로써, 게놈에서 다중 부위로 DNA 파손을 동시에 표적화시키는 것이 가능하다(복합(multiplex) 게놈 편집).

[0473] 당분야에는 두 가지 클래스의 CRISPR 가 공지되어 있는데(Adli (2018) Nat. Commun. 9:1911), 이들 각각은 다중 CRISPR 타입을 함유한다. 클래스 1은 타입 I과 타입 III CRISPR 시스템을 함유하는데, 이들은 고세균류(Archaea)에서 흔히 찾을 수 있다. 그리고, 클래스 II는 타입 II, IV, V, 그리고 VI CRISPR 시스템을 함유한다. 비록 가장 광범위하게 이용되는 CRISPR/Cas 시스템은 타입 II CRISPR-Cas9 시스템이지만, CRISPR/Cas 시스템은 게놈 편집을 위하여 연구자들에 의해 용도변경되었다. 10가지 이상의 상이한 CRISPR/Cas

단백질들이 최근 수년 동안 리모델링되었다 (Adli (2018) Nat. Commun. 9:1911). 그중에서, 이를 테면, *악시도-아미노코커스(Acid-aminococcus)* 종 (AsCpf1) 및 *란치노스피라세 박테리움(Lachnospiraceae bacterium)* (LbCpf1)으로부터 유래된 Cas12a (Cpf1) 단백질들이 특히 주목된다.

[0474] 귀소 앤도뉴클레아제는 자연-발생적 뉴클레아제 군으로써 식물 및 곰팡이의 게놈에서 흔히 발견되는 15-40개 염기-쌍 절단 부위를 인지한다. 이들은 기생충 DNA 요소들, 이를 테면 그룹 1 자가-스플라이싱(self-splicing) 인트론 및 인테인(inteins)과 빈번하게 연합된다. 그들은 세포 DNA 복구 기전을 동원하는 염색체에서 이중-가닥 파손을 생성함으로써, 숙주 게놈의 특정 위치에서 상동성 재조합 또는 유전자 삽입을 자연스럽게 촉진시킨다 (Stoddard (2006), Q. Rev. Biophys. 38: 49-95). 특이적 아미노산 치환은 귀소 뉴클레아제의 DNA 절단 특이성을 재-프로그램할 수 있다(Niyonzima (2017), Protein Eng Des Sel. 30(7): 503-522). 메가뉴클레아제 (MN)는 박테리아성 귀소 앤도뉴클레아제로부터 유래되고, 독특한 표적 부위를 위하여 공작된, 선천적 뉴클레아제활서을 갖는 단량체 단백질이다(Gersbach (2016), Molecular Therapy. 24: 430-446). 일부 구체예들에서, 메가뉴클레아제는 공작된 I-CreI 귀소 엔도뉴클레아제다. 다른 구체예들에서, 메가뉴클레아제는 공작된 I-SceI 귀소 엔도뉴클레아제다.

[0475] 언급된 4가지 주요 유전자 편집 기술에 추가하여, 메가뉴클레아제, ZFNs, 그리고 TALENs의 융합을 포함하는 키메라 단백질들은 ZFNs 및 TALENs의 결합 친화력과 메가뉴클레아제의 절단 특이성의 장점을 취하는 새로운 단량체 효소를 만들기 위하여 공작되었다(Gersbach (2016), Molecular Therapy. 24: 430-446). 예를 들면, megaTAL는 단일 키메라 단백질로써, 메가뉴클레아제의 높은 절단 효능을 갖추고, TALENs으로부터 다루기 용이한(easy-to-tailor) DNA 결합 도메인의 조합이다.

[0476] 유전자 편집 기술을 실행하기 위하여, 상기 뉴클레아제, 그리고 CRISPR/ Cas9 시스템의 경우, gRNA는 관심대상 세포로 효과적으로 전달될 필요가 있을 수 있다. 전달 방법, 이를 테면 물리적 방법, 화학적 방법, 그리고 바이러스성 방법들이 당분야에 또한 공지되어 있다 (Mali (2013). Indian J. Hum. Genet. 19: 3-8.). 일부 경우에서, 물리적 전달 방법은 전기천공, 현미주사, 또는 탄도(ballistic) 입자의 사용을 포함하나, 이에 국한되지 않은 방법에서 선택될 수 있다. 다른 한편으로, 화학적 전달 방법은 복합체 분자들, 이를 테면 인산칼슘, 지질, 또는 단백질의 사용을 필요로 한다. 일부 구체예들에서, 바이러스성 전달 방법은 바이러스들, 이를 테면 아데노바이러스, 렌티바이러스, 그리고 레트로바이러스를 포함하나, 이에 국한되지 않는 바이러스를 사용한 유전자 편집 기술에 적용된다.

[0477] 예로써, TCR 알파 쇄, TCR 베타 쇄, 또는 TCR 알파 쇄와 TCR 베타 쇄를 인코딩하는 내생성 TCR 유전자 (가령, TRAC 유전자좌 또는 TRBC 유전자좌)는 CRISPR/Cas9 시스템에 의해 비활성화될 수 있다. TRAC 좌를 비활성화시키는데(가령, 파괴시키는데) 이용된 gRNA는 서열 식별 번호: 196을 포함할 수 있다. TRBC 좌를 파괴시키는데 이용된 gRNA는 서열 식별 번호: 197을 포함할 수 있다.

[0478] CTCGACCAGCTTGACATCAC (서열 식별 번호: 196).

[0479] ACACTGGTGTGCCTGGCCAC (서열 식별 번호: 197).

[0480] **치료 방법**

[0481] 일부 구체예들에서, 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법들이 본원에서 개시되며, 상기 방법은 당해 대상체에게 본원에서 개시된 약제학적 조성물들의 치료요법적으로 유효량을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구체예들에서, 치료를 요하는 대상체의 암을 치료하는 방법들을 본원에서 더 개시하는데, 이 방법은 당해 대상체에게 (a) 본원에서 개시된 방법에 따라 만들어진 변형된 T 세포; 그리고 (b) 약제학적으로 수용가능한 운반체를 포함하는 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다.

[0482] 일부 경우들에서, 상기 변형된 T 세포는 동종이계 T 세포이다. 일부 경우들에서, 변형안된 대조군 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다. 일부 경우들에서, 본원에서 기술된 재조합 핵산, 또는 본원에서 기술된 벡터를 포함하는 변형된 T 세포의 효과량을 투여받은 대상체와 비교하였을 때, 당해 대상체에서 사이토킨이 덜 방출된다.

[0483] 일부 경우들에서, 상기 방법은 상기 약제학적 조성물의 효과를 증가시키는 제제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다. 일부 경우들에서, 상기 방법은 상기 약제학적 조성물와 연합된 하나 또는 그 이상의 부작용을 경감시키는 제제와 조합하여, 당해 약제학적 조성물을 투여하는 것을 포함한다.

[0484] 일부 경우에서, 상기 암은 고형 암, 림프종 또는 백혈병이다. 일부 경우들에서, 상기 암은 신장 세포 암종, 유

방암, 폐암, 난소암, 전립선암, 결장암, 자궁경부암, 뇌암, 간암, 췌장암, 콩팥 및 위암으로 구성된 군에서 선택된다.

[0485] 본 명세서는 세포 요법 유형을 포함하는데, 여기에서 T 세포들은 TFP 및 TCR 감마 및/또는 델타 불변 도메인을 발현시키도록 유전적으로 변형되며, 이런 변형된 T 세포는 이를 필요로 하는 수령자에게 주입된다. 이렇게 주입된 세포는 수령자의 종양 세포를 사멸시킬 수 있다. 항체 요법과 달리, 변형된 T 세포들은 *생체내*에서 복제가능하여 장기적으로 지속되며, 이로써 지속적인 종양 관리가 유도될 수 있다. 다양한 측면들에서, 당해 환자에게 투여된 상기 T 세포들 또는 이들의 자손들은 당해 환자에게 이 T 세포를 투여한 후, 이 환자에서 적어도 4 개월, 5 개월, 6 개월, 7 개월, 8 개월, 9 개월, 10 개월, 11 개월, 12 개월, 13 개월, 14 개월, 15 개월, 16 개월, 17 개월, 18 개월, 19 개월, 20 개월, 21 개월, 22 개월, 23 개월, 2 년, 3 년, 4 년, 또는 5 년 동안 지속된다.

[0486] 본 명세서는 세포 요법 유형을 또한 포함하는데, 여기에서 T 세포들은 TFP 및 TCR 감마 및/또는 델타 불변 도메인을 일과적으로 발현시키도록, 가령, *시험관내* 전사된 RNA에 의해 변형되며, 이런 변형된 T 세포는 이를 필요로 하는 수령자에게 주입된다. 이렇게 주입된 세포는 수령자의 종양 세포를 사멸시킬 수 있다. 따라서, 다양한 측면들에서, 상기 환자에게 투여된 T 세포들은 이 환자에게 상기 T 세포를 투여한 후, 1 개월 미만, *가령,* 3 주, 2 주, 또는 1 주 동안 존재한다.

[0487] 임의의 특정 이론에 결부되지 않고, 상기 변형된 T 세포들에 의해 유도된 항-종양 면역 반응은 활성 또는 수동적(passive) 면역 반응일 수 있으며, 또는 대안으로 직접 면역 반응 대비(vs) 간접 면역 반응일 수 있다.

[0488] 하나의 측면에서, 본 명세서의 인간 변형된 T 세포들은 포유류에서 *생체외* 면역화 및/또는 *생체내* 요법을 위한 백신 타입일 수 있다. 하나의 측면에서, 상기 포유류는 인간이다.

[0489] *생체외* 면역화에 있어서, 포유류에게 상기 세포를 투여하기 전, 다음중 적어도 하나가 발생된다: i) 상기 세포들의 확장, ii) TFP 및 TCR 감마 및/또는 델타 불변 도메인을 인코딩하는 핵산을 상기 세포들에게 도입, 또는 iii) 상기 세포들의 저온보존.

[0490] *생체외* 과정은 당분야에 잘 공지되어 있고, 하기에서 더 상술된다. 간략하게 설명하자면, 세포들을 포유류 *(가령,* 인간)로부터 단리시키고, 본원에서 기술한 벡터로 유전적으로 변형된다 (가령, 시험관내에서 형질도입 또는 형질감염됨). 상기 변형된 T 세포를 포유류 수령자에게 투여하여 치료요법적 이익을 제공할 수 있다. 상기 포유류 수령자는 인간일 수 있고, 상기 변형된 세포는 당해 수령자의 자가조직일 수 있다. 대안으로, 상기 세포들은 당해 수령자에 대하여 동종이계, 유전적동계(syngeneic) 또는 이종발생적(xenogeneic)일 수 있다.

[0491] 조혈 줄기 및 선조 세포들의 생체외 확장 과정은 U.S. 특허 번호 5,199,942에서 기술되며(본원의 참고자료에 편입됨), 본 명세서의 세포에 적용될 수 있다. 다른 적합한 방법들이 당분야에 공지되어 있고, 따라서, 본 명세서는 상기 *세포외* 확장을 위한 임의의 특정 방법에 국한되지 않는다. 간략하게 설명하자면, T 세포의 *세포외* 배양 및 확장은 다음을 포함한다: (1) 포유류의 말초 혈액 수거물 또는 골수 절편(explants)으로부터 CD34+ 조혈 줄기 및 이의 선조 세포들을 수거하고; 그리고 (2) 이러한 세포들을 *생체외*에서 확장시킨다. U.S. 특허 번호 5,199,942에서 기술된 세포 성장 인자에 추가로, 다른 인자들, 이를 테면 flt3-L, IL-1, IL-3 및 c-kit 리간드를 이들 세포의 배양 및 확장에 이용할 수 있다.

[0492] *생체외* 면역화에 있어서 세포-기반 백신을 이용하는 것에 추가로, 본 명세서는 환자에서 항원에 대항하여 지향된 면역 반응을 유도하기 위한 *생체내*면역화를 위한 조성물 및 방법을 또한 제공한다.

[0493] 일반적으로, 본원에서 기술된 바와 같이 활성화되고, 확장된 상기 세포들을 면역절출된 개체에서 발생되는 질환의 치료 및 예방에 이용할 수 있다.

[0494] 본 명세서의 변형된 T 세포들은 단독으로 투여되거나, 또는 희석제와 조합하여, 및/또는 기타 성분들, 이를 테면, IL-2 또는 기타 사이토킨 또는 다른 세포 집단과 조합된 약제학적 조성물로 투여될 수 있다.

[0495] ***조합 요법(Combination Therapies)***

[0496] 본원에서 기술된 변형된 T 세포는 공지의 다른 제제 및 요법과 조합하여 이용될 수 있다. "조합(in combination)"하여 투여된다라는 것은 본원에서 사용된 바와 같이, 두 가지(또는 그 이상의) 상이한 치료가 장애로 인한 고통을 받는 대상의 과정 동안 당해 대상체에게 전달되는데, *가령,* 이 대상체가 장애로 진단받은 후, 그리고 이 장애게 완치되거나, 또는 제거되기 전, 또는 다른 이유로 인하여 치료가 중단되기 전, 두 가지 또는 그 이상의 치료는 당해 대상체에게 전달된다라는 의미다. 일부 구체예들에서, 하나의 치료 전달이 두 번째의 전

달이 시작될 때 여전히 진행중이므로, 투여 측면에서 볼 때, 중첩된다. 이것은 때때로 본원에서 "동시(simultaneous)" 또는 "공존(concurrent) 전달"로 지칭된다. 다른 구체예들에서, 한 가지 치료의 전달은 다른 치료의 전달이 시작되기 전에 종료된다. 어느 경우이건 일부 구체예들에서, 이 치료는 조합 투여로 인하여 더 효과적이다. 예를 들면, 두 번째 치료가 더 효과적인데, *가령,* 두 번째 치료를 덜 받으면 등가의 효과를 보이며, 또는 두 번째 치료는 첫 번째 치료가 없는 상태에서 두 번째 치료가 투여되거나, 또는 첫 번째 치료에서 유사한 상황이 보이는 경우보다 증상을 더 많이 감소시킨다. 일부 구체예들에서, 전달은 증상의 감소 또는 장애와 관련된 기타 매개 변수가 다른 치료가 없는 상태에서 전달되는 한 치료로 관찰되는 것보다 더 크다. 두 치료의 효과는 부분적으로 가산적일 수 있거나, 완전히 가산적이거나, 또는 가산적인 경우 보다 클 수 있다. 전달은 전달된 첫 번째 치료의 효과가 두 번째가 전달될 때 여전히 검출가능하도록 할 수 있다.

[0497] 일부 구체예들에서, 상기 "적어도 하나의 추가 치료요법제"에는 변형된 T 세포가 내포된다. 동일한 또는 상이한 표적 항원들, 또는 이러한 동일한 표적 항원 상의 동일한 또는 상이한 에피토프에 결합하는 다중 TFPs를 발현시키는 T 세포를 또한 제공한다. T 세포들의 제 1 하위세트는 제 1 TFP 및 TCR 감마 및/또는 델타 불변 도메인을 발현시키고, T 세포들의 제 2 하위세트는 제 2 TFP 및 TCR 감마 및/또는 델타 불변 도메인을 발현시키는, T 세포 집단이 또한 제공된다.

[0498] 본원에서 기술된 변형된 T 세포 및 적어도 하나의 추가 치료요법제는 동일한 조성물에서 동시 투여되거나, 또는 별도의 조성물로 순차적으로 투여될 수 있다. 순차적 투여의 경우, 본원에서 기술된 변형된 T 세포를 우선 투여하고, 추가 제제는 두 번째로 투여하거나, 또는 투여 순서는 뒤바뀔 수 있다.

[0499] 추가 측면들에서, 본원에서 기술된 변형된 T 세포는 외과술, 화학요법, 방사능, 면역억제제(이를 테면 사이클로스포린, 아자티오프린, 메토트렉세이트, 미코페놀레이트, 및 타클로리무스), 항체들, 또는 다른 면역절제제(immunoablative)(이를 테면 알렘투주맙), 항-CD3 항체들 또는 다른 항체 요법, 사이톡신, 플루다라빈, 사이클로스포린, 타크로리무스, 라파마이신, 미코페놀산, 스테로이드, 로미셉신, 사이토킨, 그리고 조사(irradiation), 펩티드 백신(이를 테면, Izumoto et al., 2008 *J. Neurosurg.* 108:963-971에서 기술된 것들)과 조합된 치료 섭생에 이용될 수 있다.

[0500] 한 구체예에서, 상기 대상체에게 변형된 T 세포의 투여와 연합된 부작용을 감소 또는 개선시키는 물질이 투여될 수 있다. 변형된 T 세포의 투여와 연합된 부작용에는 사이토킨 방출 증후군 (CRS), 그리고 혈구식작용성 림프조직구증식(hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH)-일명 대식세포 활성화 증후군 (MAS)-이 내포되나, 이에 국한되지 않는다. CRS 증상에는 고열, 메쓰꺼움, 일시적 저혈압, 저산소증, 그리고 이와 유사한 것들이 내포된다. 따라서, 본 명세서에서 개시된 방법들은 본원에서 기술된 변형된 T 세포를 대상체에게 투여하고, 변형된 T 세포 치료로 인간 가용성 인자의 상승된 수준을 관리하는 물질을 추가 투여하는 것을 포함한다. 한 구체예에서, 상기 대상체에서 상승된 가용성 인자는 IFNɣ, TNFα, IL-2 및 IL-6중 하나 또는 그 이상이다. 따라서, 이러한 부작용을 치료하기 위하여 투여되는 작용제는 이들 가용성 인자 하나 또는 그 이상을 중화시키는 작용제일 수 있다. 이러한 작용제에는 스테로이드, TNFα의 억제제, 그리고 IL-6의 억제제가 내포되나, 이에 국한되지 않는다. TNFα 억제제의 예는 에타너셉트(entanercept)이다. IL-6 억제제의 예는 토실리주밥(tocilizumab) (toc)이다.

[0501] 한 구체예에서, 상기 대상체에게 변형된 T 세포의 활성을 강화시키는 물질이 투여될 수 있다. 예를 들면, 한 구체예에서, 상기 작용제는 저해성 분자를 억제하는 작용제일 수 있다. 일부 구체예들에서, 저해성 분자들, *가령,* 예정된 사멸 1 (PD1)은 변형된 T 세포의 면역 작동체 반응을 탑재하는 능력을 감소시킬 수 있다. 저해성 분자들의 예로는 PD1, PD-L1, CTLA4, TIM3, LAG3, VISTA, BTLA, TIGIT, LAIR1, CD160, 2B4 및 TGFR 베타가 내포된다. *가령,* DNA, RNA 또는 단백질 수준에서 억제함으로써 저해성 분자의 억제로 변형된 T 세포 수행능을 최적화시킬 수 있다. 구체예들에서, 저해성 핵산, *가령,* 저해성 핵산, *가령,* dsRNA, *가령,* siRNA 또는 shRNA를 이용하여, 상기 TFP-발현시키는 세포에서 저해성 분자 발현을 억제시킬 수 있다. 구체예에서, 상기 억제제는 shRNA이다. 구체예에서, 상기 저해성 분자는 변형된 T 세포 안에서 억제된다. 이들 구체예에서, 상기 저해성 분자의 발현을 억제시키는 dsRNA 분자는 성분, *가령,* 상기 TFP의 모든 성분을 인코드하는 핵산에 연계된다. 한 구체예에서, 저해성 신호의 억제제는 *가령,* 저해성 분자에 결합하는 항체 또는 항체 단편일 수 있다. 예를 들면, 상기 제제는 PD1, PD-L1, PD-L2 또는 CTLA4 *(가령,* 이필리무맙 (일명, MDX-010 및 MDX-101, 그리고 Yervoy®로 시판됨; Bristol-Myers Squibb; 프레멜리무맙 (Pfizer의 IgG2 단일클론성 항체, 기존 티실리무맙, CP-675,206으로 알려짐))에 결합하는 항체 또는 항체 단편일 수 있다. 구체예에서, 상기 작용제는 TIM3에 결합하는 항체 또는 항체 단편이다. 구체예에서, 상기 작용제는 LAG3에 결합하는 항체 또는 항체 단편이다.

[0502] 일부 구체예들에서, 변형된 T 세포의 활성을 강화시키는 작용제는 *가령,* 제 1 도메인과 제 2 도메인을 포함하는 융합 단백질일 수 있고, 이때 상기 제 1 도메인은 저해성 분자, 또는 이의 단편이며, 그리고 제 2 도메인은 양성 신호와 연합된 폴리펩티드, *가령,* 본원에서 기술된 세포내 신호생성 도메인을 포함하는 폴리펩티드이다. 일부 구체예들에서, 상기 양성 신호와 연합된 폴리펩티드에는 CD28, CD27, ICOS의 공동자극 도메인, *가령,* CD28, CD27 및/또는 ICOS의 세포내 신호생성 도메인, 및/또는 *가령,* 본원에서 기술된, 가령, CD3 제타의 일차 신호생성 도메인이 내포될 수 있다. 한 구체예에서, 상기 융합 단백질은 상기 TFP를 발현시켰던 동일한 세포에 의해 발현된다. 또다른 구체예에서, 상기 융합 단백질은 세포, *가령,* 항-TAA TFP를 발현시키지 못하는 T 세포에 의해 발현된다.

[0503] **실시예**

[0504] 본 발명은 다음의 실험 실시예들을 참고하여 더 설명된다. 이들 실시예는 오로지 설명을 위한 것이며, 다른 언급이 없는 한, 본 발명의 범위를 제한시키는 것으로 간주되어서는 안된다. 따라서, 본 발명은 어떠한 경우에도 다음의 실시예들로 국한되는 것으로 간주되지 않아야 하며, 오히려 본 명세서에서 제공되는 교시의 결과로써 자명하게 되는 임의의 그리고 모든 변이를 포괄하는 것으로 간주되어야 한다. 추가 설명없이도, 당업자는 전술한 설명 및 다음의 예시적인 실시예를 이용하여 본 발명의 화합물들을 만들고 이용하며, 청구된 방법을 실시할 수 있을 것이다. 다음의 작업 실시예는 본 발명의 다양한 측면을 특이적으로 지적하며, 어떠한 방식으로도 명세서의 나머지 내용을 제한하는 것으로 간주되어서는 안된다.

[0505] *실시예들의 배경*

[0506] T-세포 수용체 (TCR)는 이량체 TCRα/β, CD3γ/ε, CD3δ/ε 및 동종이량체 CD3ζ/ζ의 복합체에 의해 형성된다. 일부 특정 T 세포들에서, TCRα/β 대신 TCRγ/δ이 발현되어, 기능성 TCR이 형성된다. TCRα/β/γ/δ는 모든 T-세포에 공통적인 불변 도메인, 그리고 항원에 특이적인 가변 도메인을 보유한다. TRAC, TRBC, TRGC 및 TRDC 유전자는 차례로, TCRα, TCRβ, TCRγ 및 TCRδ의 불변 C-말단 영역을 인코드한다. 이들 분자 사이의 높은 구조적 상동성에도 불구하고, TCRα는 TCRβ와만 쌍을 이루고, TCR γ는 TCRδ와만 쌍을 이룬다. 이로써, TCR 복합체는 α/β T 세포들에서 TCRα/β와 함께 형성되거나, 또는 γ/δT 세포에서 TCRγ/δ와 함께 형성된다.

[0507] 상기 TCRα/β/γ/δ 불변 영역(들)의 파괴로 TCR 단백질(들)이 상기 세포 표면으로 전좌(translocation)되는 것이 차단된다. 따라서, 상기 TCR 수용체 복합체의 어셈블리가 억제된다. TCRα 또는 TCRβ의 전좌 손상만으로도 TCR α/β T 세포에서 전체 TCR 수용체의 어셈블리가 억제된다. 유사하게, TCRγ 또는 TCRδ의 전좌 손상만으로도 TCRγ/δ T 세포에서 전체 TCR 수용체의 어셈블리가 억제된다. 따라서, 상기 TCR 복합체의 비활성화는 클러스트화된 규칙적으로 공간을 둔 짧은 팔린드롬 반복부 (CRISPR) 방법, 전사 활성화제-유사 작동체 뉴클레아제 (TALENs), 아연 핑거 뉴클레아제 또는 메가뉴클레아제를 이용하는 유전자 편집 방법으로 TRAC 또는 TRBC 유전자를 표적화함으로써 실행될 수 있다. 그러나, CD3ε 또는 CD3γ 또는 CD3δ 융합 단백질들에 기반된 TFP T 세포들은 기능적 TCR 복합체로의 통합을 위하여 TCRα/β 또는 TCRγ/δ의 표면 발현을 필요로 한다.

[0508] 미스매치된 HLA 분자 또는 동계 항원 (가령, 항원 제시 세포들 상에 있는 주요 조직접합성 복합체 (MHC)에 의해 제시되는 항원들의 인지)에 의해 동종반응성 공여자 T 세포의 표면 상에 상기 TCR 복합체의 활성화로 원치않은 효과, 이를 테면, 이식편-대-숙주 질환 (GvHD)과 사이토킨 방출 증후군 (CRS)을 촉발시킬 수 있다. 따라서, 다음 실시예들은 하나 또는 양쪽 모두, 또는 CD3 TFP 상에 결합자를 갖는 TCRα (뮤린) 및 TCR β (뮤린)의 절두된 형태, 또는 하나 또는 양쪽 절두된 TCRs 상에, 또는 자가-절단 신호 (가령, T2A)에 의해 분리된 융합 단백질 자체를 갖는 CD3 TFP 상에 결합자를 갖는 절두된 또는 전장 TCRγ 또는 TCRδ를 인코드하는 이식유전자를 TCRα 또는 TCRβ 녹-아웃 세포에 도입시키는 방법을 기술한다. 한 구체예에서, TCRγ 또는 TCRδ의 절두된 형태에는 막경유 도메인 및 연결 펩티드 도메인 (CP), 그리고 TCRγ 또는 TCRδ의 불변 도메인이 내포된다. 또다른 구체예에서, TCRγ 또는 TCRδ의 절두된 형태에는 막경유 도메인 및 연결 펩티드 도메인 (CP), 및 TCRα 또는 TCRβ의 불변 도메인이 내포된다. 또다른 구체예에서, 상기 TFP의 항원 결합 도메인은 절두된 TCRγ 및/또는 TCRδ중 하나 또는 양쪽 모두의 N-말단 단부에 융합된다.

[0509] **실시예 1. crRNA (CRISPR RNA) 디자인**

[0510] TRA를 비활성화시키기 위한 crRNAs는 DeskGen™ CRISPR 라이브러이 웹사이트 (www.deskgen.com)에서 접근가능한 "Dunne 2017" 알고리즘으로 기획되었다. TRA 좌에 결합하는 임의의 crRNAs는 이 TRA 유전자에서 이중 가닥 파손을 효과적으로 만들 수 있다. CRISPR 앤도뉴클레아제의 표적-외(off-target) 활성을 최소화시키기 위하여,

이용된 crRNAs는 >90%의 표적-외 득점을 갖고, Genome Reference Consortium의 인간 게놈 빌트(build) 38 (GRCh38/hg38) 게놈에서 가장 근접한 상동성 서열과 적어도 3개의 미스메치를 포함한다. 바람직한 구체예에서, 하나의 불합치는 프로토스페이스(protospacer) 인접 모티프 (PAM)에 대해 8bp 상류에 위치한다. 표 1-2에서는 TRA 유전자를 비활성화시키기 위하여 선택된 예시적인 crRNA 서열 (표 1)과 예상되는 표적 활성 (표 2)을 보여준다.

[0511] **표 1**: TRA 유전자를 비활성화시키기 위해 선택된 crRNAs:

ID	crRNA	PAM	표적	게놈 위치	표적-외 득점(%)
TRAC1-4894	TCTCTCAGCTGGTACACGGC	AGG	TRAC1	chr14: 22547526 - 22547545	94
TRAC2-4598	CTCGACCAGCTTGACATCAC	AGG	TRAC2	chr14: 22549647 - 22549666	98
TRAC3-2998	GATTAAACCCGGCCACTTTC	AGG	TRAC3	chr14: 22550612 - 22550631	98

[0512]

[0513] **표 2**: 예상된 표적-외 부위; 표적과 표적-외 사이의 미스매치는 굵게 표시됨

crRNA	표적-외	PAM	미스매치	엑손	게놈 위치
TRAC1 - 4894	TC**C**CTCAGCTGGTACA**A**GG**A**	TGG	3,17,20	**있음**	chr1: 186070730 - 186070753
	TCT**G**TCA**A**CTGGTACA**T**GGC	**A**A**G**	4,8,17	없음	chrX: 83244396 - 83244419
	TCTCATAGCTGGTACA**T**GGC	GGG	5,6,17	없음	chr15: 100865579 - 100865602
	TT**T**CTCAGCTGGTACA**T**GG**A**	GGG	2,17,20	없음	chr1: 247923608 - 247923631
	GC**A**CTCAGCTGGTAC**C**CGGC	**A**A**G**	1,3,16	없음	chr16: 8713603 - 8713626
	TC**A**CTCAGCTGGTACA**T**GG**G**	C**A**G	3,17,20	없음	chr4: 130310607 - 130310630
	TCTC**C**CAGCTGG**G**ACACGG**T**	G**A**G	5,13,20	없음	chr1: 55167399 - 55167422
	TCA**AT**CAGCTGGT**G**CACGGC	TGG	3,4,14	없음	chr1: 236924538 - 236924561
	TCTC**A**CAGCTG**AT**A**T**ACGGC	TGG	5,12,15	없음	chr12: 49641344 - 49641367
TRAC2 - 4598	CTC**C**ACCA**C**CTTGAC**C**TCAC	CGG	4,9,16	**있음**	chr10: 102422239 - 102422262
	CTC**A**ACCAG**AA**T<u>GACATCAC</u>	C**A**G	4,10,11	없음	chr2: 55715822 - 55715845
	CT**A**GACCAGCTTGAC**C**TC**C**C	C**A**G	3,16,19	없음	chr4: 89585943 - 89585966
	CT**A**GACCAGCTTG**G**CA**A**CAC	AGG	3,14,17	없음	chr5: 82123725 - 82123748
TRAC3 - 2998	GA**A**TAAA**A**CCGGCCACTTT**G**	GGG	3,8,20	없음	chr5: 128101267 - 128101290
	GATTA**T**ACC**T**GGCCAC**A**TTC	**A**A**G**	6,10,17	없음	chr2: 145719958 - 145719981

[0514]

[0515] TRBC를 비활성화시키기 위한 crRNAs는 상기에서 기술된 바와 같이 Dunne 2017 알고리즘으로 기획되었다. TCRβ의 불변 영역은 두 개 유전자 TRBC1 및 TRBC2에 의해 인코드되기 때문에, crRNAs는 TRBC1 및 TRBC2 모두에서 동일한 서열을 지향한다. 결과적으로, DeskGen™에 의해 생성된 표적-외 득점은 94%보다 낮다. 그러나, TRBC1 및 TRBC2를 표적으로 하는 것 이외에, crRNAs와 GRCh38/hg38 게놈 간의 다른 상동성 서열은 적어도 3개의 미스매치를 담고 있다. 바람직한 구체예에서, 이들 불합치중 하나는 프로토스페이스 인접 모티프 (PAM)에 대해 8bp 상류에 위치한다. 표 3-4에서는 TRB 유전자를 비활성화시키기 위하여 선택된 예시적인 crRNA 서열 (표 3)과 예상되

는 표적 활성 (표 4)을 보여준다.

[0516] **표 3:** TRB 유전자를 비활성화시키기 위해 선택된 crRNAs

ID	crRNA	PAM	표적	위치	표적-외 득점(%)
TRBC-44345	ACACTGGTGTGCCTGGCCAC	AGG	TRBC1	chr7: 142801121 - 142801140	45
			TRBC2	chr7_KI270803v1_alt: 814747 - 814766	
TRBC-45447a	AGGGCGGGCTGCTCCTTGAG	GGG	TRBC1	chr7: 142791879 - 142791898	47
			TRBC2	chr7: 142801226 - 142801245	
TRBC-45246	CTGCCTGAGCAGCCGCCTGA	GGG	TRBC1	chr7: 142791914 - 142791933	46
			TRBC2	chr7: 142801261 - 142801280	
TRBC-45447b	GCGGGGGTTCTGCCAGAAGG	TGG	TRBC1	chr7: 142791946 - 142791965	47
			TRBC2	chr7: 142801293 - 142801312	

[0517]

[0518] **표 4:** 예상된 표적-외 부위; 표적과 표적-외 사이의 미스매치는 굵게 표시됨

crRNA	표적-외	PAM	미스매치	액손	좌
TRBC-44345	AC**T**CTGG**GC**TGCCTGGCCAC	GGG	3,8,9	있음	chr14: 105601630-105601653
	AC**T**CTG**T**TGTGCCTGG**A**CAC	CGG	3,7,17	있음	chr20: 62963310-62963333
	TCAC**A**GGTG**A**GCCTGGCCAC	AGG	1,5,10	없음	chr14: 98950719-98950742
	GCAC**G**GGTG**G**GCCTGGCCAC	TGG	1,5,10	없음	chr12: 108839394-108839417
	GCA**GG**GGTGTGCCTGGCCAC	TGG	1,4,5	없음	chr16: 3010877-3010900
	A**TC**CTG**C**TGTGCCTGGCCAC	AGG	2,3,7	없음	chr6: 37655368-37655391
	TCT**C**TGGTGTGCCTGGCCA**A**	G**A**G	1,3,20	없음	chrX: 138046658-138046681
	ACAC**AT**GTG**G**GCCTGGCCAC	GGG	5,6,10	없음	chr16: 2438272-2438295
	AGCCTGGTGTG**T**CTGGCCAC	TGG	2,3,12	없음	chr2: 162055950-162055973
	CCT**C**TGGTGTGCCTGGCC**C**C	AGG	1,3,19	없음	chr2: 239228091-239228114
	CCACT**T**GTGTGC**A**TGGCCAC	T**A**G	1,6,13	없음	chr1: 101657244-101657267
	ATA**A**TGGTGTGCCTGGC**A**AC	T**A**G	2,4,18	없음	chr1: 230924183-230924206
	ACACTGG**CC**TGCCTGG**G**CAC	T**A**G	8,9,17	없음	chr1: 155926881-155926904
TRBC-45447a	AG**C**GCGGGCT**C**CTCCTTGA**C**	GGG	3,11,20	있음	chr8: 143598506-143598529
	AGGGC**CT**GCTGCTCCTT**C**AG	C**A**G	6,7,18	있음	chr3: 45030894-45030917
	AGGGC**T**G**A**C**A**GCTCCTTGAG	TGG	6,8,10	없음	chr20: 683139-683162
	GGGG**T**GGGCTGCTCCT**G**GAG	C**A**G	1,5,17	없음	chr20: 63440195-

[0519]

[0520]

					63440218
	AGAGCGGCCTGCTCCTCGAG	GGG	3,8,17	없음	chr17: 50124057-50124080
	GGGGTGGGCTGCACCTTGAG	GGG	1,5,13	없음	chr12: 3189255-3189278
	AAGGCAGGCTCCTCCTTGAG	AGG	2,6,11	없음	chr5: 176733401-176733424
	AGGAAGGGCTGCTCTTTGAG	GAG	4,5,15	없음	chr10: 100783415-100783438
	AGGCTGGGCTGCTCTTTGAG	CAG	4,5,15	없음	chr1: 226617392-226617415
	AGTGCCGGCTGCTCCTGGAG	TGG	3,6,17	없음	chr15: 74624787-74624810
	AGGGTGGGGTGCTCCTCGAG	GGG	5,9,17	없음	chr7: 99165433-99165456
	TGGGCTGGCTGCACCTTGAG	TAG	1,6,13	없음	chr12: 92396203-92396226
	TGGGCGGGCTGTTCCTTGGG	GAG	1,12,19	없음	chr5: 179287136-179287159
TRBC-45246	CTTCCTGAGCAGCCGTCTGC	AGG	3,16,20	있음	chr5: 177525051-177525074
	CTGCCTGAGCAGCTGCCACA	AGG	14,18,19	있음	chr21: 42085445-42085468
	CAGCGTTAGCAGCCGCCTGA	GGG	2,5,7	없음	chr6: 24719514-24719537
	CACCCAGAGCAGCCGCCTGA	CAG	2,3,6	없음	chr8: 58226030-58226053
	CTGCCTGGGAAGCCGCCTGC	CAG	8,10,20	없음	chr1: 41873106-41873129
	CTGCCTCCTCAGCCGCCTGA	GGG	7,8,9	없음	chr15: 89663036-89663059
	CTGTCTGACCAGCCGCCTGC	CGG	4,9,20	없음	chr1: 9401937-9401960
	CAGCCTGAGCTGCCGCCTGC	GGG	2,11,20	없음	chr17: 36923765-36923788
	CAACCTGAGCAGCCTCCTGA	GAG	2,3,15	없음	chr8: 127075998-

					127076021
	CTCCCTGATCAGCCGCATGA	GGG	3,9,17	없음	chr20: 63598726-63598749
	CGGCCGGAGCAGCCGCCTCA	GGG	2,6,19	없음	chr1: 204685196-204685219
	CTGCCTCAACATCCGCCTGA	AAG	7,9,12	없음	chrX: 58268037-58268060
TRBC-44547b	GTTGGGATTCTGCCAGAAGG	CAG	2,3,7	없음	chr17: 52505137-52505160
	GAGGGGGGCCTGCCAGAAGG	AGG	2,8,9	없음	chr8: 1547518-1547541
	GCGGAAGATCTGCCAGAAGG	GGG	5,6,8	없음	chr16: 1946717-1946740
	GGTGGGGTTCTGCCAGGAGG	AGG	2,3,17	없음	chr9: 135224974-135224997
	GCGGGGGATGTGCCAGGAGG	AGG	8,10,17	없음	chr11: 62414927-62414950
	GAGGGGATTCTGCCAGCAGG	CGG	2,7,17	없음	chr5: 133192714-133192737
	GAGGGGGTCCTGCCAGCAGG	GAG	2,9,17	없음	chr6: 13415078-13415101
	GAGGGTGTTCTGCCAGCAGG	CAG	2,6,17	없음	chr8: 23039425-23039448
	GCAGGGGTTCAGCCAGGAGG	CAG	3,11,17	없음	chr11: 60938213-60938236
	GAGGGGGTTCAGACAGAAGG	CAG	2,11,13	없음	chr18: 13654430-13654453
	GCAGGGGTTCTCCCAGTAGG	CAG	3,12,17	없음	chr3: 18516713-18516736
	GTGGGGGTTCTGCCAGCAGC	TGG	2,17,20	없음	chr17: 68030673-68030696

[0521]

[0522] **실시예 2: Jurkat 세포들에서 내생성 TCRα 또는 β의 편집**

[0523] Jurkat 세포들에서 TRAC 유전자 또는 TRBC 유전자의 비활성화는 TRAC 유전자 또는 TRBC 유전자를 지향하는 SpCas9 리보뉴클레오단백질들 (RNPs)의 전기천공에 의해 실행되었다. 전기천공 전까지 세포들은 10% 태아 소 혈청 (FBS) 및 300mg/L의 L-글루타민이 보충된 RPMI 1640 배지 mL 당 $0.2x10^6$ 세포 수준으로 유지되었다. TRA 유전자 또는 TRB 유전자를 표적으로 하는 SpCas9 리보뉴클레오단백질들은 TRAC (TRAC2-4598) 또는 TRBC (TRBC-44345)을 표적으로 하는 crRNA를 tracrRNA에 1:1의 분자 비율로 어닐링함으로써 준비되었다. 어닐링된 듀플렉스는 1.5:1의 분자 비율로 SpCas9 단백질과 혼합되었다. 0.61 μM의 RNPs는 $2.5x10^6$ T 세포들과 혼합된 후, Neon Transfection System (Thermo Fisher Scientific)의 제조업자 프로토콜에 따라 전기천공되었다. 전기천공은 1600V, 10ms, 3 펄스로 설정되었다. 펄스 후, 상기 세포들을 바로 따뜻한 배지로 이동시키고, 3일 동안 37℃에서 항온처리하였다.

[0524] 편집 효능은 유동세포분석에 의해 TCRαβ 및 CD3ε의 표면 발현 상실을 관찰함으로써 평가되었다. 도 1에서는 TRA 편집된 세포들 (좌측 패널) 및 TRB 편집된 세포들 (우측 패널)의 결과를 나타낸다. 편집된 Jurkat 세포들은 자기-활성화된 세포 분류법 (MACS, Miltenyi Biotec) 세포 분리 시스템을 통하여 정제되었다. 편집된 Jurkat 세포들은 TCRαβ (클론: IP27) (eBioscience #17-9986-42) 항체 및 항-CD3ε (클론:SK7) (eBioscience #25-0036-42)에 대하여 음성적으로 선별되었다. TCRαβ 또는 CD3ε를 세포 표면에서 발현시키는 세포들은 MACS MS (Cat. #130-041-301) 또는 LS (Cat. #130-041-306) 컬럼에 고정시키고, 한편 TCRαβ 및 CD3ε, 모두에 대하여 음석인 편집된 Jurkat 세포들은 컬럼을 통하여 흘려보냄으로써 수거되었고, 상기 명시된 배지에서 $0.4x10^6$ 세포들/mL 수준으로 배양물에서 유지되었다. TCRα 및 TCRβ 녹-아웃(knock out) 세포들은 본원에서 TRA-/- 또는 TRB-/- Jurkat 세포로 지칭된다.

[0525] **실시예 3: 동종이계 T 세포 수용체 융합 단백질 T 세포의 생성**

[0526] *Jurkat 세포의 형질도입*

[0527] 가령, 공동-계류중인 U.S. 특허 공개 번호 2017-0166622에서 기술된 바와 같이, 렌티바이러스들을 이용하여, TFP 이식유전자들이 Jurkat 세포 안으로 도입되었다. Jurkat 세포들은 감염비(multiplicity of infection: MOI) 5에서 바이러스와 함께 항온처리되었다. 배양 24-시간-후, 배지를 교체하였다. 형질 도입 효능 및 TFP 발현은 관심있는 TFP 결합제에 특이적인 리간드 및/또는 TCRαβ 및 CD3ε의 표면 발현을 사용하여 유동세포 분석으로 평가되었다. TRAC-/- 및 TRBC-/- Jurkat 세포들은 TCRγδ TFPs로 형질도입되었고, 양성이 매우 강한 CD3ε 착색은 표면 TCR의 복귀를 나타낸다 (도 2). TRBC-/- Jurkat 세포에 TCRβ의 오로지 불변 도메인만을 갖는 항-CD19 TCRβ-TFP 또는 항-CD19 TCRβ-TFP를 또한 형질도입시켰다(도 12B). 이들 결과에서, 전체 인간 TCRβ을 갖는 TFP는 상기 세포 표면에서 발현되지만, 한편 인간 TCRβ의 오로지 불변 도메인만을 갖는 TFP는 상기 세포 표면에서 발현되지 않는다 (도 13). 이것은 TCRβ의 불변 도메인이 상기 세포 표면에 국소화될 수 없기 때문이며, 한편 뮤린 TCRβ 및 뮤린 인간 키메라 TCRβ의 불변 도메인은 상기 세포 표면에 국소화될 수 있다.

[0528] *T 세포의 형질도입*

[0529] 가령, 공동-계류중인 U.S. 특허 공개 번호 2017-0166622에서 기술된 바와 같이, 렌티바이러스들을 이용하여, TFP 이식유전자들이 T 세포 안으로 도입되었다. T 세포는 감염비(multiplicity of infection: MOI) 5에서 바이러스, 그리고 100ng/mL의 LentiBOOST™ (Sirion Biotech)와 함께 혼합되었다. 형질 도입 효능 및 TFP 발현은 관심있는 TFP 결합제에 특이적인 리간드 및/또는 TCRαβ 및 CD3ε의 표면 발현을 사용하여 유동세포 분석으로 평가되었다.

[0530] *삽입유전자의 설명*

[0531] α/βT 세포에서, TRAC 또는 TRBC의 비활성화로 모든 TCR 소단위들의 세포 표면으로의 전좌가 차단된다. TCRα 또는 TCRβ은 TCRγ 또는 TCRδ와 쌍을 이룰 수 없다. 결과적으로, 외생성 TRGC 및 TRDC 삽입유전자 또는 TRAC 및 TRBC 삽입유전자는 $TRAC^{-/-}$ 또는 $TRBC^{-/-}$ 세포에서 발현되어, 기능성 TFP T 세포를 복원시킨다.

[0532] *인간 TCRγ/δTFP의 발현*

[0533] TCRα 음성 세포들은 여전히 TCRβ를 발현시키고, 그리고 상호적으로, TCRα는 TCRβ 음성 세포들에서 발현되지만; 그러나, TCRα 또는 TCRβ은 TCRγ 또는 TCRδ과 쌍을 이룰 수 없다. 따라서, TCRγ TFP 및 TCRδ TFPs는 $TRAC^{-/-}$ 세포들 또는 $TRB^{-/-}$ 세포들에서 함께 발현되었다. 전체 TCR 복합체의 전좌를 복원시키기 위한 최적의 구조체를 결정하기 위해, TCR 음성 세포에서 TCRγ/δ TFPs의 다중 형태를 테스트하였다 (도 3의 도해 참고). 한 구체예에서, TCRγ/δ TFPs는 TCRγ 또는/및 TCR δ의 불변 도메인과 항원 결합자 (가령, scFv 또는 sdAb)를 어셈블링시킴으로써, 만들어졌다. 또다른 구체예에서, TCRγ/δ 불변 도메인은 CD3ε TFP와 함께 발현된다 (도 4). TRGC1 및 TRDC 잔기들은 본원에서 제공된 서열 및 국제 ImMunoGeneTics 정보 시스템 (IMGT)에 따라 계산된다.

[0534] *TCR 소단위들의 공급원*

[0535] TCR 복합체는 CD3-입실론 폴리펩티드, CD3-감마 폴리 펩티드, CD3-델타 폴리펩티드, 및 상기 TCR 알파 쇄 폴리펩티드 그리고 TCR 베타 쇄 폴리펩티드 또는 상기 TCR 델타 쇄 폴리펩티드 및 상기 TCR 감마 쇄 폴리펩티드를 함유한다. TCR 알파, TCR 베타, TCR 감마, 및 TCR 델타는 CD3 제타 폴리펩티드를 모집한다. 상기 인간 CD3-입실론 폴리펩티드 기본형 서열은 Uniprot 수탁 번호. P07766이다. 상기 인간 CD3-감마 폴리펩티드 기본형 서열은 Uniprot 수탁 번호. P09693이다. 상기 인간 CD3-델타 폴리펩티드 기본형 서열은 Uniprot 수탁 번호. P043234이다. 상기 인간 CD3-제타 폴리펩티드 기본형 서열은 Uniprot 수탁 번호. P20963이다. 상기 인간 TCR 알파 쇄 기본형 서열은 Uniprot 수탁 번호. Q6ISU1이다. 상기 뮤린 TCR 알파 쇄 기본형 서열은 Uniprot 수탁 번호. A0A075B662이다. 상기 인간 TCR 베타 쇄 불변 영역 기본형 서열은 Uniprot 수탁 번호. P01850이다. 상기 뮤린 TCR 베타 쇄 불변 영역 기본형 서열은 Uniprot 수탁 번호. P01852이다.

[0536] 상기 인간 CD3-입실론 폴리펩티드 기본형 서열은 다음과 같다:
MQSGTHWRVLGLCLLSVGVWGQDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRG
SKPEDANFYLYLRARVCENCMEMDVMSVATIVIVDICITGGLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDYEPIRKGQRDLYSGLNQ

RRI (서열 식별 번호: 124).

[0537] 인간 CD3-입실론 성숙 폴리펩티드 서열은 다음과 같다:

[0538] DGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGSKPEDANFYLYLRARVCENCME MDVMSVATIVIVDICITGGLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDYEPIRKGQRDLYSGLNQRRI (서열 식별 번호: 258).

[0539] 인간 CD3ε의 신호 펩티드는 다음과 같다:

[0540] MQSGTHWRVLGLCLLSVGVWGQ (서열 식별 번호: 125).

[0541] 인간 CD3ε의 세포외 도메인은 다음과 같다:

[0542] DGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGSKPEDANFYLYLRARVCENCME MD (서열 식별 번호: 126).

[0543] 인간 CD3ε의 막경유 도메인은 다음과 같다:

[0544] VMSVATIVIVDICITGGLLLLVYYWS (서열 식별 번호: 127).

[0545] 인간 CD3ε의 세포내 도메인은 다음과 같다:

[0546] KNRKAKAKPVTRGAGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDYEPIRKGQRDLYSGLNQRRI (서열 식별 번호: 128).

[0547] 상기 인간 CD3-감마 폴리펩티드 기본형 서열은 다음과 같다:

[0548] MEQGKGLAVLILAIILLQGTLAQSIKGNHLVKVYDYQEDGSVLLTCDAEAKNITWFKDGKMIGFLTEDKKKWNLGSNAKDPRGMYQCKGSQNKSKPLQVYYR MCQNCIELNAATISGFLFAEIVSIFVLAVGVYFIAGQDGVRQSRASDKQTLLPNDQLYQPLKDREDDQYSHLQGNQLRRN (서열 식별 번호: 129).

[0549] 인간 CD3-감마 성숙 폴리펩티드 서열은 다음과 같다:

[0550] QSIKGNHLVKVYDYQEDGSVLLTCDAEAKNITWFKDGKMIGFLTEDKKKWNLGSNAKDPRGMYQCKGSQNKSKPLQVYYRMCQNCIELNAATISGFLFAEIV SIFVLAVGVYFIAGQDGVRQSRASDKQTLLPNDQLYQPLKDREDDQYSHLQGNQLRRN (서열 식별 번호: 130).

[0551] 인간 CD3γ의 신호 펩티드는 다음과 같다:

[0552] MEQGKGLAVLILAIILLQGTLA (서열 식별 번호: 131).

[0553] 인간 CD3γ의 세포외 도메인은 다음과 같다:

[0554] QSIKGNHLVKVYDYQEDGSVLLTCDAEAKNITWFKDGKMIGFLTEDKKKWNLGSNAKDPRGMYQCKGSQNKSKPLQVYYRMCQNCIELNAATIS (서열 식별 번호: 132).

[0555] 인간 CD3 γ의 막경유 도메인 도메인은 다음과 같다:

[0556] GFLFAEIVSIFVLAVGVYFIA (서열 식별 번호: 133).

[0557] 인간 CD3γ의 세포내 도메인은 다음과 같다:

[0558] GQDGVRQSRASDKQTLLPNDQLYQPLKDREDDQYSHLQGNQLRRN (서열 식별 번호: 134).

[0559] 인간 CD3-델타 폴리펩티드 기본형 서열은 다음과 같다:

[0560] MEHSTFLSGLVLATLLSQVSPFKIPIEELEDRVFVNCNTSITWVEGTVGTLLSDITRLDLGKRILDPRGIYRCNGTDIYKDKESTVQVHYRMCQSCVELDPA TVAGIIVTDVIATLLLALGVFCFAGHETGRLSGAADTQALLRNDQVYQPLRDRDDAQYSHLGGNWARNKS (서열 식별 번호: 135).

[0561] 인간 CD3-델타 성숙 폴리펩티드 서열은 다음과 같다: FKIPIEELEDRVFVNCNTSITWVEGTVGTLLSDITRLDLGKRILDPRGIYRCNGTDIYKDKESTVQVHYRMCQSCVELDPATVAGIIVTDVIATLLLALGVF CFAGHETGRLSGAADTQALLRNDQVYQPLRDRDDAQYSHLGGNWARNKS (서열 식별 번호: 136).

[0562] 인간 CD3δ의 신호 펩티드는 다음과 같다:

[0563] MEHSTFLSGLVLATLLSQVSP (서열 식별 번호: 137).

[0564] 인간 CD3δ의 세포외 도메인은 다음과 같다:

[0565] FKIPIEELEDRVFVNCNTSITWVEGTVGTLLSDITRLDLGKRILDPRGIYRCNGTDIYKDKESTVQVHYRMCQSCVELDPATVA (서열 식별 번호: 138).

[0566] 인간 CD3δ의 막경유 도메인은 다음과 같다:

[0567] GIIVTDVIATLLLALGVFCFA (서열 식별 번호: 139).

[0568] 인간 CD3δ의 세포내 도메인은 다음과 같다:

[0569] GHETGRLSGAADTQALLRNDQVYQPLRDRDDAQYSHLGGNWARNK (서열 식별 번호: 140).

[0570] 인간 CD3-제타 폴리펩티드 기본형 서열은 다음과 같다: MKWKALFTAAILQAQLPITEAQSFGLLDPKLCYLLDGILFIYGVILTALFLRVKFSRSADAPAYQQGQNQLYNELNLGRREEYDVLDKRRGRDPEMGGKPQRRKNPQEGLYNELQKDKMAEAYSEIGMKGERRRGKGHDGLYQGLSTATKDTYDALHMQALPPR (서열 식별 번호: 141).

[0571] 인간 TCR 알파 쇄 불변 영역 기본형 서열은 다음과 같다: IQNPDPAVYQLRDSKSSDKSVCLFTDFDSQTNVSQSKDSDVYITDKTVLDMRSMDFKSNSAVAWSNKSDFACANAFNNSIIPEDTFFPSPESSCDVKLVEKSFETDTNLNFQNLSVIGFRILLLKVAGFNLLMTLRLWSS (서열 식별 번호: 142).

[0572] 인간 TCR 알파 쇄 인간 IgC 서열은 다음과 같다:

[0573] IQNPDPAVYQLRDSKSSDKSVCLFTDFDSQTNVSQSKDSDVYITDKTVLDMRSMDFKSNSAVAWSNKSDFACANAFNNSIIPEDTFFPSPESSCDVKLVEKSFETDTNLNFQNLS (서열 식별 번호: 143)

[0574] 인간 TCR 알파 쇄의 막경유 도메인은 다음과 같다:

[0575] VIGFRILLLKVAGFNLLMTLRLW (서열 식별 번호: 144).

[0576] 인간 TCR 알파 쇄의 세포내 도메인은 다음과 같다: SS (서열 식별 번호: 145)

[0577] 뮤린 TCR 알파 쇄 불변 (mTRAC) 영역 기본형 서열은 다음과 같다:

[0578] XIQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFTDFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLDMKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQDIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLLMTLRLWSS (서열 식별 번호: 146).

[0579] 뮤린 TCR 알파 쇄의 막경유 도메인은 다음과 같다:

[0580] MGLRILLLKVAGFNLLMTLRLW (서열 식별 번호: 147).

[0581] 뮤린 TCR 알파 쇄의 세포내 도메인은 다음과 같다: SS

[0582] 인간 TCR 베타 쇄 불변 영역 (mTRBC) 기본형 서열은 다음과 같다: EDLNKVFPPEVAVFEPSEAEISHTQKATLVCLATGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTDPQPLKEQPALNDSRYCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQVQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQIVSAEAWGRADCGFTSVSYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSALVLMAMVKRKDF (서열 식별 번호: 148).

[0583] 인간 TCR 베타 쇄 인간 IgC 서열은 다음과 같다:

[0584] EDLNKVFPPEVAVFEPSEAEISHTQKATLVCLATGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTDPQPLKEQPALNDSRYCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQVQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQIVSAEAWGRADCGFTSVSYQQGVLSATILYE (서열 식별 번호: 149)

[0585] 인간 TCR 베타 쇄의 막경유 도메인은 다음과 같다:

[0586] ILLGKATLYAVLVSALVLMAM (서열 식별 번호: 150).

[0587] 인간 TCR 베타 쇄의 세포내 도메인은 다음과 같다:

[0588] VKRKDF (서열 식별 번호: 151)

[0589] 뮤린 TCR 베타 쇄 불변 영역 기본형 서열은 다음과 같다:

[0590] EDLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQKATLVCLARGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYCLSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQFHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISAEAWGRADCGITSASYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS (서열 식별 번호: 152).

[0591] 뮤린 TCR 베타 쇄의 막경유 도메인은 다음과 같다:

[0592] ILYEILLGKATLYAVLVS TLVVMAMVK (서열 식별 번호: 153).

[0593] 뮤린 TCR 베타 쇄의 세포내 도메인은 다음과 같다:

[0594] KRKNS (서열 식별 번호: 154)

[0595] 인간 TCR 감마 쇄 불변 영역 기본형 서열은 다음과 같다:

[0596] DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQE IIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCNGEKS (서열 식별 번호: 21).

[0597] 인간 TCR 감마 인간 IgC 서열은 다음과 같다:

[0598] DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQE IIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNTSA (서열 식별 번호: 155)

[0599] 인간 TCR 감마 쇄의 막경유 도메인은 다음과 같다:

[0600] YYMYLLLLLKSVVYFAIITCCLL (서열 식별 번호: 156).

[0601] 인간 TCR 감마 쇄의 세포내 도메인은 다음과 같다:

[0602] RRTAFCCNGEKS (서열 식별 번호: 157)

[0603] 인간 TCR 델타 쇄 C 영역 기본형 서열은 다음과 같다:

[0604] SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETEN TKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFFL (서열 식별 번호: 243).

[0605] 인간 TCR 델타 인간 IgC 서열은 다음과 같다:

[0606] SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETEN TKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTV (서열 식별 번호: 265)

[0607] 인간 TCR 델타 쇄의 막경유 도메인은 다음과 같다:

[0608] LGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFF (서열 식별 번호: 158).

[0609] 인간 TCR 델타 쇄의 세포내 도메인은 다음과 같다: L

[0610] **Nt-FMC63-TRDC(1-153)-T2A-TRGC1(1-173)-Ct, 신호 펩티드(Nt-FMC63-TRDC(-6, 189)-2A-TRGC1(1.8, 189)-Ct 내포, IMGT 번호매김에 따름):**

[0611] MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQ EDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETT YYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQPHTKPSVFVMKNGTNVA CLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEK VNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKA GTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTL LLQLTNTSAYYMYLLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCNGEKS (서열 식별 번호:1)

[0612] **Nt-FMC63-TRDC(1-153)-T2A-FMC63-TRGC1(1-173)-Ct (Nt-FMC63-TRDC(-6,1 89)-2A-FMC63-TRGC1(1.8, 189)-Ct IMGT 번호매김에 따름):**

[0613] MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQ EDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETT YYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQPHTKPSVFVMKNGTNVA CLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEK VNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKL QESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYA MDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMKTNDT YMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCNG EKS (서열 식별 번호:2)

[0614] **Nt-TRDC(1-153)-T2A-TRGC1(1-173)-T2A-FMC63-CD3ε(1-185)-Ct (Nt-TRDC(-6, 189)-2A-TRGC1(1.8, 189)-2A-FMC63-CD3ε(1, 186)-Ct IMGT 번호매김에 따름):**

[0615] MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPSQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTV
HSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEENPGPMLLLVTSL
LLCELPHPAFLLIPDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRC
IVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCNGEKSGSGEGRGSLLTCGDVEE
NPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS
NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWG
SETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEDGNEEMGGITQTPYK
VSISGTTVILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGSKPEDANFYLYLRARVCENCMEMDVMSVATIVIVDIC
ITGGLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDYEPIRKGQRDLYSGLNQRRI (서열 식별 번호:3)

[0616] **Nt-TRDC(1-153)-T2A-FMC63-TRGC1(1-173)-Ct-(Nt-TRDC(-6,189)-2A-FMC63-TRGC1(1.8, 189)-Ct IMGT 번호매김에 따름) (신호 펩티드와 함께):**

[0617] MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPSQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTV
HSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEENPGPMLLLVTSL
LLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFC
QQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKS
RLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKA
GTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTL
LLQLTNTSAYYMYLLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCNGEKS (서열 식별 번호:4)

[0618] **Nt-FMC63-TRDC(1-129)-TRAC(116-140)-T2A-FMC63-TRGC1(1-106)-TRBC1(145-177)-Ct (Nt-FMC63-TRDC(-6, 165)-TRAC(150, 174)-2A-FMC63-TRGC1(1.8, 189)-TRBC1(142, 173)-Ct IMGT 번호매김에 따름) :**

[0619] MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQ
EDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETT
YYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQPHTKPSVFVMKNGTNVA
CLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEK
VNMMSLTVVIGFRILLLKVAGFNLLMTLRLWSSGSGEGRGSLLTCGDVEENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRAS
QDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVK
LQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSY
AMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMKTND
TYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQEIIFPTILYEILLGKATLYAVLVSALVLMAMVKRKDF (서열 식별 번호:5)

[0620] **Nt-FMC63-TRDC(1-153)-T2A-TRGC1(1-173)-Ct, 신호 펩티드 없음(아미노산 서열) (Nt-FMC63-TRDC(-6, 189)-2A-TRGC1(1.8, 189)-Ct IMGT 번호매김에 따름):**

[0621] DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGT
KLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVF
LKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSSKKIT
EFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVN
FLLTAKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK
KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLLLLLKSVV
YFAIITCCLLRRTAFCCNGEKS (서열 식별 번호:6)

[0622] **Nt-FMC63-TRDC(1-153)-T2A-TRGC1(1-173)-Ct, 신호 펩티드 없음(핵산 서열) (Nt-FMC63-TRDC(-6, 189)-2A-TRGC1(1.8, 189)-Ct IMGT 번호매김에 따름):**

[0623] GACATCCAGATGACACAGACTACATCCTCCCTGTCTGCCTCTCTGGGAGACAGAGTCACCATCAGTTGCAGGGCAAGTCAGGACATTAGTAAATATTTAAAT
TGGTATCAGCAGAAACCAGATGGAACTGTTAAACTCCTGATCTACCATACATCAAGATTACACTCAGGAGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGA
ACAGATTATTCTCTCACCATTAGCAACCTGGAGCAAGAAGATATTGCCACTTACTTTTGCCAACAGGGTAATACGCTTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACT
AAGTTGGAAATAACAGGCTCCACCTCTGGATCCGGCAAGCCCGGATCTGGCGAGGGATCCACCAAGGGCGAGGTGAAACTGCAGGAGTCAGGACCTGGCCTG
GTGGCGCCCTCACAGAGCCTGTCCGTCACATGCACTGTCTCAGGGGTCTCATTACCCGACTATGGTGTAAGCTGGATTCGCCAGCCTCCACGAAAGGGTCTG

GAGTGGCTGGGAGTAATATGGGGTAGTGAAACCACATACTATAATTCAGCTCTCAAATCCAGACTGACCATCATCAAGGACAACTCCAAGAGCCAAGTTTTC
TTAAAAATGAACAGTCTGCAAACTGATGACACAGCCATTTACTACTGTGCCAAACATTATTACTACGGTGGTAGCTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGA
ACCTCAGTCACCGTCTCCTCAGCGGCCGCAGGTGGAGGAGGTTCTGGAGGTGGTGGATCAGGTGGTGGAGGATCTTTAGAAAGTCAGCCTCATACCAAACCA
TCCGTTTTTGTCATGAAAAATGGAACAAATGTCGCTTGTCTGGTGAAGGAATTCTACCCCAAGGATATAAGAATAAATCTCGTGTCATCCAAGAAGATAACA
GAGTTTGATCCTGCTATTGTCATCTCTCCCAGTGGGAAGTACAATGCTGTCAAGCTTGGTAAATATGAAGATTCAAATTCAGTGACATGTTCAGTTCAACAC
GACAATAAAACTGTGCACTCCACTGACTTTGAAGTGAAGACAGATTCTACAGATCACGTAAAACCAAAGGAAACTGAAAACACAAAGCAACCTTCAAAGAGC
TGCCATAAACCCAAAGCCATAGTTCATACCGAGAAGGTGAACATGATGTCCCTCACAGTGCTTGGGCTACGAATGCTGTTTGCAAAGACTGTTGCCGTCAAT
TTTCTCTTGACTGCCAAGTTATTTTTCTTGGGGTCAGGCGAGGGCAGAGGAAGTCTGCTAACATGCGGTGACGTCGAGGAGAATCCTGGACCTATGCTACTA
CTTGTGACCTCACTATTGTTATGCGAACTCCCTCATCCCGCATTCTTGCTGATTCCAGATAAACAACTTGATGCAGATGTTTCCCCCAAGCCCACTATTTTT
CTTCCTTCAATTGCTGAAACAAAGCTCCAGAAGGCTGGAACATACCTTTGTCTTCTTGAGAAATTTTTCCCTGATGTTATTAAGATACATTGGCAAGAAAAG
AAGAGCAACACGATTCTGGGATCCCAGGAGGGGAACACCATGAAGACTAACGACACATACATGAAATTTAGCTGGTTAACGGTGCCAGAAAAGTCACTGGAC
AAAGAACACAGATGTATCGTCAGACATGAGAATAATAAAAACGGAGTTGATCAAGAAATTATCTTTCCTCCAATAAAGACAGATGTCATCACAATGGATCCC
AAAGACAATTGTTCAAAAGATGCAAATGATACACTACTGCTGCAGCTCACAAACACCTCTGCATATTACATGTACCTCCTCCTGCTCCTCAAGAGTGTGGTC
TATTTTGCCATCATCACCTGCTGTCTGCTTAGAAGAACGGCTTTCTGCTGCAATGGAGAGAAATCA (서열 식별 번호: 7)

[0624] **Nt-TRDC(1-153)-T2A-FMC63-TRGC1(1-173)-Ct (신호 펩티드 없음; 아미노산 서열) (Nt-TRDC(-6,189)-2A-FMC63-TRGC1(1.8, 189)-Ct IMGT 번호매김에 따름) :**

[0625] SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKETEN
TKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTT
SSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGST
SGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQT
DDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK
KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLLLLLKSVV
YFAIITCCLLRRTAFCCNGEKS (서열 식별 번호: 8)

[0626] **Nt-TRDC(1-153)-T2A-FMC63-TRGC1(1-173)-Ct (신호 펩티드와 함께; 핵산 서열) (Nt-TRDC(-6,189)-2A-FMC63-TRGC1(1.8, 189)-Ct IMGT 번호매김에 따름):**

[0627] AGTCAGCCTCATACCAAACCATCCGTTTTTGTCATGAAAAATGGAACAAATGTCGCTTGTCTGGTGAAGGAATTCTACCCCAAGGATATAAGAATAAATCTC
GTGTCATCCAAGAAGATAACAGAGTTTGATCCTGCTATTGTCATCTCTCCCAGTGGGAAGTACAATGCTGTCAAGCTTGGTAAATATGAAGATTCAAATTCA
GTGACATGTTCAGTTCAACACGACAATAAAACTGTGCACTCCACTGACTTTGAAGTGAAGACAGATTCTACAGATCACGTAAAACCAAAGGAAACTGAAAAC
ACAAAGCAACCTTCAAAGAGCTGCCATAAACCCAAAGCCATAGTTCATACCGAGAAGGTGAACATGATGTCCCTCACAGTGCTTGGGCTACGAATGCTGTTT
GCAAAGACTGTTGCCGTCAATTTTCTCTTGACTGCCAAGTTATTTTTCTTGGGGTCAGGCGAGGGCAGAGGAAGTCTGCTAACATGCGGTGACGTCGAGGAG
AATCCTGGACCTATGCTACTACTTGTGACCTCACTATTGTTATGCGAACTCCCTCATCCCGCATTCTTGCTGATTCCAGACATTCAGATGACTCAAACAACT
TCCAGCCTCTCCGCCTCACTCGGCGACCGCGTAACAATAAGCTGTCGGGCCTCGCAAGATATTAGTAAGTACCTGAATTGGTATCAGCAAAAACCCGATGGT
ACAGTCAAGCTTCTGATCTACCATACCAGTCGTCTGCACAGCGGTGTCCCCAGCAGGTTCAGCGGCTCAGGATCTGGTACCGATTATTCACTGACGATTTCC
AACCTTGAGCAGGAGGACATCGCCACCTACTTCTGCCAGCAGGGTAATACTCTGCCGTACACATTCGGGGGCGGTACCAAGCTCGAGATCACGGGTTCAACA
AGCGGTTCTGGCAAGCCAGGCAGCGGCGAGGGGAGTACAAAGGGGGAGGTGAAGTTGCAGGAAAGTGGCCCTGGATTGGTGGCCCCGAGCCAGAGTCTGTCT
GTCACCTGCACAGTTTCCGGAGTAAGTCTGCCTGATTACGGAGTGTCCTGGATCAGACAGCCACCTCGAAAGGGCTTGGAGTGGCTTGGGGTCATTTGGGGC
AGTGAAACCACATACTACAACAGCGCTCTTAAGTCCAGGCTCACTATCATCAAGGACAATTCAAAGAGCCAAGTATTCTTGAAAATGAATTCCCTGCAGACT
GATGACACCGCTATTTATTATTGCGCTAAACATTATTACTATGGAGGTTCTTATGCCATGGACTACTGGGGGCAGGGTACCTCTGTGACAGTGAGTTCAGCT
GCAGCTGGAGGTGGAGGTAGCGGAGGCGGTGGTAGTGGAGGGGGTGGTTCTCTGGAAGATAAACAACTTGATGCAGATGTTTCCCCCAAGCCCACTATTTTT
CTTCCTTCAATTGCTGAAACAAAGCTCCAGAAGGCTGGAACATACCTTTGTCTTCTTGAGAAATTTTTCCCTGATGTTATTAAGATACATTGGCAAGAAAAG
AAGAGCAACACGATTCTGGGATCCCAGGAGGGGAACACCATGAAGACTAACGACACATACATGAAATTTAGCTGGTTAACGGTGCCAGAAAAGTCACTGGAC
AAAGAACACAGATGTATCGTCAGACATGAGAATAATAAAAACGGAGTTGATCAAGAAATTATCTTTCCTCCAATAAAGACAGATGTCATCACAATGGATCCC
AAAGACAATTGTTCAAAAGATGCAAATGATACACTACTGCTGCAGCTCACAAACACCTCTGCATATTACATGTACCTCCTCCTGCTCCTCAAGAGTGTGGTC
TATTTTGCCATCATCACCTGCTGTCTGCTTAGAAGAACGGCTTTCTGCTGCAATGGAGAGAAATCA (서열 식별 번호: 9)

[0628] *뮤린 TCRβ/α TFP의 발현*

[0629] TCRα 음성 세포들은 여전히 TCRβ를 발현시키고, 그리고 상호적으로 TCRα는 TCRβ 음성 세포들에서 발현되지만; 그러나, TCRα 및/또는 TCRβ의 불변 도메인과 항원 결합자 (가령, scFv 또는 sdAb)의 어셈블링에 의해 생성된 TCRα 또는 TCRβ TFPs는 TCRα 또는 TCRβ의 불변 도메인과 쌍을 이룰 수 있지만, 그러나, 인간 TCRα 및

TCRβ의 불변 도메인은 이들 세포 표면으로 이동할 수 없다. 뮤린 또는 인간 뮤린 키메라 TCRα 및 TCRβ 불변 도메인이 이용될 수 있다. 도 12A는 어느 TFPs가 이들 세포 표면에서 재구성될 수 있는지, 그리고 없는 지를 보여주는 도해 다이아그램이다. 뮤린 TCRα 불변, 세포내, 및 막경유 도메인, 그리고 이들 TCRβ 불변, 세포내, 및 막경유 도메인을 포함하는 단백질을 비롯한 뮤린 항-CD19 TCRα TFP는 $TRA^{-/-}$ 세포에서 또는 $TRB^{-/-}$ 세포에서 함께 발현되었다. 한 구체예에서, TCRαTFPs는 TCRα의 불변 도메인과 항원 결합자 (가령, scFv 또는 sdAb)의 어셈블링에 의해 생성되었다.

[0630] *$TRA^{-/-}$ 또는 $TRB^{-/-}$ 세포들에서 발현된 TCRɣ/δ FMC63 TFP*

[0631] **Nt-pLRPO FMC63-mTRAC(82-137) T2A mTRBC(123-173)-Ct (Nt-pLRPO FMC63-mTRAC(197-252) T2A mTRBC(233-283)-Ct IMGT 번호매김에 따름)** (아미노산 서열):

[0632] DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGT
KLEITGGGGSGGGGSGGGGSEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKM
NSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSGATYPSSDVPCDATLTEKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLLMTLRLWSSGSGEGRG
SLLTCGDVEENPGPGRADCGITSASYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS (서열 식별 번호:10)

[0633] **Nt-pLRPO FMC63-mTRAC(82-137) T2A mTRBC(123-173)-Ct (Nt-pLRPO FMC63-mTRAC(197-252) T2A mTRBC(233-283)-Ct IMGT 번호매김에 따름)** (핵산 서열):

[0634] GACATCCAGATGACACAGACTACATCCTCCCTGTCTGCCTCTCTGGGAGACAGAGTCACCATCAGTTGCAGGGCAAGTCAGGACATTAGTAAATATTTAAAT
TGGTATCAGCAGAAACCAGATGGAACTGTTAAACTCCTGATCTACCATACATCAAGATTACACTCAGGAGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGA
ACAGATTATTCTCTCACCATTAGCAACCTGGAGCAAGAAGATATTGCCACTTACTTTTGCCAACAGGGTAATACGCTTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACT
AAGTTGGAAATAACAGGAGGTGGAGGTTCTGGTGGAGGAGGTTCAGGAGGTGGTGGAAGTGAGGTGAAACTGCAGGAGTCAGGACCTGGCCTGGTGGCGCCC
TCACAGAGCCTGTCCGTCACATGCACTGTCTCAGGGGTCTCATTACCCGACTATGGTGTAAGCTGGATTCGCCAGCCTCCACGAAAGGGTCTGGAGTGGCTG
GGAGTAATATGGGGTAGTGAAACCACATACTATAATTCAGCTCTCAAATCCAGACTGACCATCATCAAGGACAACTCCAAGAGCCAAGTTTTCTTAAAAATG
AACAGTCTGCAAACTGATGACACAGCCATTTACTACTGTGCCAAACATTATTACTACGGTGGTAGCTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTC
ACCGTCTCCTCAGGAGCCACCTACCCCAGTTCAGACGTTCCCTGTGATGCCACGTTGACTGAGAAAAGCTTTGAAACAGATATGAACCTAAACTTTCAAAAC
CTGTCAGTTATGGGACTCCGAATCCTCCTGCTGAAAGTAGCCGGATTTAACCTGCTCATGACGCTGAGGCTGTGGTCCAGTGGCAGCGGCGAGGGCAGAGGA
AGTCTGCTAACATGCGGTGACGTCGAGGAGAATCCTGGACCTGGTCGAGCAGACTGTGGTATTACCTCAGCATCCTATCAACAAGGAGTCTTGTCTGCCACC
ATCCTCTATGAGATCCTGCTAGGGAAAGCCACCCTGTATGCTGTGCTTGTCAGTACACTGGTGGTGATGGCTATGGTCAAAAGAAAGAATTCA (서열 식별 번호:11)

[0635] **pLRPO FMC63-TCR베타1 (아미노산 서열)**

[0636] DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGT
KLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVF
LKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLELGAGPVDSGVTQTPKHLITATGQRVTLRCSPRSGDLSVSWY
QQSLDQGLQFLIQYYNGEERAKGNILERFSAQQFPDLHSELNLSSLELGDSALYFCASSPRTGLNTEAFFGQGTRLTVVEDLNKVFPPEVAVFEPSEAEISH
TQKATLVCLATGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTDPQPLKEQPALNDSRYCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQVQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQIVSAEA
WGRADCGFTSVSYQQGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSALVLMAMVKRKDF (서열 식별 번호:12)

[0637] **pLRPO FMC63-TCR베타1 (핵산 서열)**

[0638] GACATCCAGATGACACAGACTACATCCTCCCTGTCTGCCTCTCTGGGAGACAGAGTCACCATCAGTTGCAGGGCAAGTCAGGACATTAGTAAATATTTAAAT
TGGTATCAGCAGAAACCAGATGGAACTGTTAAACTCCTGATCTACCATACATCAAGATTACACTCAGGAGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGA
ACAGATTATTCTCTCACCATTAGCAACCTGGAGCAAGAAGATATTGCCACTTACTTTTGCCAACAGGGTAATACGCTTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACT
AAGTTGGAAATAACAGGCTCCACCTCTGGATCCGGCAAGCCCGGATCTGGCGAGGGATCCACCAAGGGCGAGGTGAAACTGCAGGAGTCAGGACCTGGCCTG
GTGGCGCCCTCACAGAGCCTGTCCGTCACATGCACTGTCTCAGGGGTCTCATTACCCGACTATGGTGTAAGCTGGATTCGCCAGCCTCCACGAAAGGGTCTG
GAGTGGCTGGGAGTAATATGGGGTAGTGAAACCACATACTATAATTCAGCTCTCAAATCCAGACTGACCATCATCAAGGACAACTCCAAGAGCCAAGTTTTC
TTAAAAATGAACAGTCTGCAAACTGATGACACAGCCATTTACTACTGTGCCAAACATTATTACTACGGTGGTAGCTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGA
ACCTCAGTCACCGTCTCCTCAGCGGCCGCAGGTGGAGGAGGTTCTGGAGGTGGAGGTTCAGGTGGAGGTGGTTCACTCGAGCTGGGAGCAGGCCCAGTGGAT
TCTGGAGTCACACAAACCCCAAAGCACCTGATCACAGCAACTGGACAGCGAGTGACGCTGAGATGCTCCCCTAGGTCTGGAGACCTCTCTGTGTCATGGTAC
CAACAGAGCCTGGACCAGGGCCTCCAGTTCCTCATTCAGTATTATAATGGAGAAGAGAGAGCAAAAGGAAACATTCTTGAACGATTCTCCGCACAACAGTTC
CCTGACTTGCACTCTGAACTAAACCTGAGCTCTCTGGAGCTGGGGGACTCAGCTTTGTATTTCTGTGCCAGCAGCCCCCGGACAGGCCTGAACACTGAAGCT

TTCTTTGGACAAGGCACCAGACTCACAGTTGTAGAGGACCTGAACAAGGTGTTCCCACCCGAGGTCGCTGTGTTTGAGCCATCAGAAGCAGAGATCTCCCAC
ACCCAAAAGGCCACACTGGTGTGCCTGGCCACAGGCTTCTTCCCCGACCACGTGGAGCTGAGCTGGTGGGTGAATGGGAAGGAGGTGCACAGTGGGGTCAGC
ACGGACCCGCAGCCCCTCAAGGAGCAGCCCGCCCTCAATGACTCCAGATACTGCCTGAGCAGCCGCCTGAGGGTCTCGGCCACCTTCTGGCAGAACCCCCGC
AACCACTTCCGCTGTCAAGTCCAGTTCTACGGGCTCTCGGAGAATGACGAGTGGACCCAGGATAGGGCCAAACCCGTCACCCAGATCGTCAGCGCCGAGGCC
TGGGGTAGAGCAGACTGTGGCTTTACCTCGGTGTCCTACCAGCAAGGGGTCCTGTCTGCCACCATCCTCTATGAGATCCTGCTAGGGAAGGCCACCCTGTAT
GCTGTGCTGGTCAGCGCCCTTGTGTTGATGGCCATGGTCAAGAGAAAGGATTTC (서열 식별 번호:13)

[0639] **pLRPO FMC63 endoL TRBC1 (126-177) (pLRPO FMC63 endoL TRBC1 (132-309) IMGT 번호매김에 따름) (아미노산 서열)**

[0640] DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGT
KLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVF
LKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSGVEDLNKVFPPEVAVFEPSEAEISHTQKATLVCLATGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVSTD
PQPLKEQPALNDSRYCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQVQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQIVSAEAWGRADCGFTSVSYQQGVLSATILYEILLGKATLYAV
LVSALVLMAMVKRKDF (서열 식별 번호:14)

[0641] **pLRPO FMC63 endoL TRBC1 (126-177) (pLRPO FMC63 endoL TRBC1 (132-309) IMGT 번호매김에 따름) (핵산 서열)**

[0642] GACATCCAGATGACACAGACTACATCCTCCCTGTCTGCCTCTCTGGGAGACAGAGTCACCATCAGTTGCAGGGCAAGTCAGGACATTAGTAAATATTTAAAT
TGGTATCAGCAGAAACCAGATGGAACTGTTAAACTCCTGATCTACCATACATCAAGATTACACTCAGGAGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGA
ACAGATTATTCTCTCACCATTAGCAACCTGGAGCAAGAAGATATTGCCACTTACTTTTGCCAACAGGGTAATACGCTTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACT
AAGTTGGAAATAACAGGCTCCACCTCTGGATCCGGCAAGCCCGGATCTGGCGAGGGATCCACCAAGGGCGAGGTGAAACTGCAGGAGTCAGGACCTGGCCTG
GTGGCGCCCTCACAGAGCCTGTCCGTCACATGCACTGTCTCAGGGGTCTCATTACCCGACTATGGTGTAAGCTGGATTCGCCAGCCTCCACGAAAGGGTCTG
GAGTGGCTGGGAGTAATATGGGGTAGTGAAACCACATACTATAATTCAGCTCTCAAATCCAGACTGACCATCATCAAGGACAACTCCAAGAGCCAAGTTTTC
TTAAAAATGAACAGTCTGCAAACTGATGACACAGCCATTTACTACTGTGCCAAACATTATTACTACGGTGGTAGCTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGA
ACCTCAGTCACCGTCTCCTCAGGAGTAGAGGACCTGAACAAGGTGTTCCCACCCGAGGTCGCTGTGTTTGAGCCATCAGAAGCAGAGATCTCCCACACCCAA
AAGGCCACTCTAGTATGTCTAGCTACAGGCTTCTTCCCTGACCACGTGGAGCTGAGCTGGTGGGTGAATGGGAAGGAGGTGCACAGTGGGGTCAGCACGGAC
CCGCAGCCACTTAAAGAACAGCCAGCTCTCAATGACTCCAGATACTGTCTAAGCAGTCGACTTAGAGTCTCGGCTACATTTTGGCAAAATCCTCGAAACCAC
TTCCGCTGTCAAGTCCAGTTCTACGGGCTCTCGGAGAATGACGAGTGGACCCAGGATAGGGCCAAACCCGTCACCCAGATCGTCAGCGCCGAGGCCTGGGGT
AGAGCAGACTGTGGCTTTACCTCGGTGTCCTACCAGCAAGGGGTCCTGTCTGCCACCATCCTCTATGAGATCCTGCTAGGGAAGGCCACCCTGTATGCTGTG
CTGGTCAGCGCCCTTGTGTTGATGGCCATGGTCAAGAGAAAGGATTTC (서열 식별 번호:15)

[0643] *일차 인간 T 세포의 편집*

[0644] 그 다음, TRA 유전자 또는 TRB 유전자는 인간 공여자의 일차 T 세포들에서 비활성화된다. 전기천공 4일-전 시점에서, 3% 인간 혈청을 함유하는 TexMac 배지에서 IL7/IL15가 보충된 TransAct®(Milltenyi)로 T 세포를 활성화시켰다. TRA 유전자 또는 TRB 유전자를 표적으로 하는 SpCas9 리보뉴클레오단백질(RNPs)은 TRAC (TRAC2-4598) 또는 TRBC (TRBC-44345)을 표적으로 하는 crRNA를 tracrRNA에 1:1의 분자 비율로 어닐링함으로써 준비되었다. 어닐링된 듀플렉스는 1.5:1의 분자 비율로 SpCas9 단백질과 혼합되었다. 0.61 μM의 RNPs는 $2.5x10^6$ T 세포들과 혼합된 후, Neon Transfection System의 제조업자 프로토콜에 따라 전기천공되었고, 이때 전기천공은 1600V, 10ms, 3 펄스로 설정되었다. 세포들은 보충된 따뜻한 배지로 즉시 이동되었고, 편집된 T 세포들의 확장을 허용하기 위하여 37℃에서 항온처리되었으며, 적절한 배가(doubling time)은 3 내지 5 일이다. 편집 효능은 유동세포분석에 의해 TCRαβ 및 CD3ε의 표면 발현 상실을 측정함으로써 평가되었다. 편집된 T 세포들은 제조업자에 따라 자기-활성화된 세포 분류법 (MACS®, Miltenyi Biotec) 세포 분리 시스템을 이용하여 정제되었으며, 항-TCRαβ (클론: IP27) 항체 (eBioscience #14-9986-82) 및 항-CD3ε (클론: SK7) 항체들(eBioscience #16-0036-81)에 대하여 음성적으로 선별되었다. TCRαβ 또는 CD3ε를 세포 표면에서 발현시키는 세포들은 MACS MS (Cat. #130-041-301) 또는 LS (Cat#130-041-306) 컬럼에 고정시키고, 한편 TCRαβ 및 CD3ε 모두에 대하여 음성적인 편집된 T 세포들은 컬럼을 통하여 흘려보냄으로써 수거되었고, 상기 명시된 배지에서 10^6 세포들/mL 수준으로 배양물에서 유지되었다.

[0645] *동종이계-TFP T 세포들의 표현형 특징*

[0646] 동종이계-TFP T 세포들은 이들에 의한 다음 발현에 대하여 검사되었다: TCRαβ (항-인간 TCR에 의해, Miltenyi Bio, 클론 BW242/412), 인간 CD3ε (항-인간 CD3ε에 의해, BioLegend, 클론 UCHT1), 인간 CD4 (항-인간 CD4에 의해, BioLegend, 클론 RPA-T4), 인간 CD8 (항-인간 CD8에 의해, BioLegend, 클론 SK-1), 인간 CD45RA 및 인간

CCR7과 TFPs (바이오티닐화된 CD19 (Cat.# CD9-H8259, AcroBio)에 의한 CD19 결합자 FMC63의 탐지에 의해 비교용으로, 동일한 패널에서 야생형 T 세포, 그리고 동일한 공여자의 대조군 TCRβ 전장 (FL) 구조체들(편집안된)이 형질도입된 TFPs가 검사되었다.

[0647] 도 5-9에서 결과는 보여준다. TFP 형질도입-후, 그리고 TRAC 편집-후, T 세포는 인간 TCRαβ 및 CD3ε(상부 우측-편 패널)의 표면 발현에 대해 이중 양성을 유지한다. 대조적으로, TRAC 유전자가 삭제되도록 편집된 T 세포는 두 개의 세포 집단을 보여준다(하단 오른쪽 패널). 세포의 대부분은 TCRαβ 및 CD3ε의 표면 발현을 상실했다. 대조적으로, TCRγδ TFP 형질도입된 T 세포(서열 식별 번호: 1, 2, 또는 4를 발현시키는 벡터로 형질도입된 세포)는 별개의 세 집단을 나타낸다(좌측-편 패널). 대부분의 세포가 TCRαβ 표면 발현을 상실한 반면, 현재 TCRαβ의 발현 없이 CD3ε을 발현하는 세포의 새로운 하위집합이 있으며, 이것은 전체 TCR 복합체가 다시-어셈블링에 성공했음을 시사한다. 이 집단은 TCRαβ가 제거되도록 편집되고, TCRγδ를 발현하도록 형질도입된 세포에 해당한다. 도 6은 TCRαβ를 발현시키는 잔류 세포를 제거하기 위한 MACS 정제 후의 세포를 나타낸다. TCRγδ TFP로 형질도입된 T 세포들은 이제 2개의 세포 집단을 갖는다. 둘 다 TCRαβ에 대해 음성이고, 한 집단은 높은 수준의 CD3ε을 나타낸다. 도 7은 TCR 베타 전장(FL) 대조군 TFPs 및 형질도입되지 않은 대조군 T 세포와 비교하였을 때, TCRγδ 형질도입된 TFP의 TFP 발현을 나타낸다. 인간 CD4 및 CD8의 발현은 TCR 베타 FL TFP 대조군과 TCRγδ TFP T 세포 간에 크게 다르지 않고; 또한 CD45RA 및 CCR7 발현에 의해 특정된 메모리 상태에는 차이가 없다 (차례로 도 8 및 도 9).

[0648] 도 14는 α-CD19 scFv TFP 구조체를 함유하는 렌티바이러스로 활성화시킨 후 24시간 시점에 형질도입된 일차 T 세포를 보여준다: αCD19-CD3ε, αCD19-TCRγ(불변)-2A-TCRδ (불변) (FMC63-TRDC(1-153)-T2A-TRGC1(1-173) 또는 FMC63-TRDC(-6, 189)-2A-TRGC1(1.8, 189) IMGT 번호매김에 따라), TCRγ(불변)-2A-αCD19-TCRδ (불변) (TRDC(1-153)-T2A-FMC63-TRGC1(1-173) 또는 TRDC(-6,189)-2A-FMC63-TRGC1(1.8, 189) IMGT 번호매김에 따라), 또는 αCD19-TCRα(뮤린 불변)-2A-뮤린TCRβ (불변)(pLRPC FMC63mTRAC_T2A_mTRBC). αCD19-CD3ε-발현 세포를 제외한 모든 TFP 발현 세포에서, 내생성 TCR은 TCRα 불변 영역 유전자좌를 표적화함으로써, 활성화-후 72시간 시점에 CRISPR/Cas9로 비활성화되었다. 음성 선택에 의해 내생성 TCR을 여전히 발현시키는 T 세포를 제거하기 위해 T 세포를 정제하였다. 형질도입, 편집 효율 그리고 T-세포 표현형을 평가하기 위해, 나타낸 유동세포분석 패널은 9일차 및 10일차에 수행되었다. 이들 결과에서 동종이계 TFP-발현 세포가 내생성 T 세포 수용체 α 및 β 서브유닛을 뮤린 TCRα 및 TCRβ의 불변 영역 또는 인간 TCRγ 및 TCRδ의 불변 영역을 함유하는 TCR 이식유전자로 대체시킴으로써, 성공적으로 공작되었음이 입증된다.

[0649] *TFPs를 발현시키는 인간 TCR-음성 T 세포들의 MLR*

[0650] 혼합형 림프구 반응 (MLR) 검정을 이용하여 TFPs를 발현시키는 인간 TCR-음성 T 세포들의 동종이계성을 평가하였다. 미스매치된 PBMC 공여자 세포들은 CD-19 음성 세포들의 자기-활성화된 세포 분류에 의해 우선 B 세포를 고갈시켰다. 조사된(irradiated) PBMC(Astarte Biologics)는 세포 라벨링 염료 CellTrace™(Thermo Fisher Scientific)로 라벨링된다. 동시에, 상이한 색의 CellTrace 염료를 표적 T 세포들에 통합시켰다. TFPs를 발현시키는 인간 TCR-음성 T 세포들과 동일한 공여자의 야생형 T 세포들은 1:1 비율 (PBMCs 대 T 세포)에서 후속적으로 공동-배양하거나, 또는 T 세포들만 단독으로 배양한다. 공여자 T 세포의 증식은 6일~12-일 시점에 걸쳐 라벨링 염료를 추적하여 모니터링한다. 염료는 세포 분열시 절반으로 희석되며, 따라서, 상기 T세포에서 발생되었던 증식의 양이 평가되고, 야생형 대조군과 비교된다.

[0651] **실시예 4: TFPs를 발현시키는 동종이계 TCR T 세포의 세포독성 및 사이토카인 생산**

[0652] 루시퍼라제-기반의 세포독성 검정 ("Luc-Cyto" 검정) 은 공동-배양 후, 잔류 생존 표적 세포에서 루시퍼라제 효소 활성을 간접적으로 측정함으로써, TFP T 세포의 세포독성을 평가한다.

[0653] *반딧불이 루시퍼라제 (Luc)를 발현하는 종양 세포의 생성*

[0654] Luc-Cyto 검정에 이용된 표적 세포들은 반딧불이 루시퍼라제를 발현시키기 위하여 Nalm6-Luc (CD19 양성) 및 K562-Luc (CD19 음성은 Nalm6 (DSMZ Cat. # ACC 128) 및 K562 ((ATCC® Cat. #CCL-243™)을 안정적으로 형질도입시켜 만들어짐) 세포들을 이용하였다. 반딧불이 루시퍼라제를 인코딩하는 DNA는 GeneArt® (ThermoFisher)에서 합성되었으며, 단일-프로모터 렌티바이러스성 벡터 pCDH527A-1 (System Biosciences)의 다중 클로닝 부위로 삽입되었다. 이 렌티바이러스는 제작자의 지침에 따라 패키지되었다. 그 다음, 종양 세포들은 렌티바이러스로 24 시간동안 형질도입되었으며, 퓨로마이신 (5μg/mL)을 이용하여 선별되었다. Nalm6-Luc 세포 및 K562-Luc 세포의 성공적인 생산은 Bright-Glo™ 루시퍼라제 검정 시스템 (Promega)에서 상기 세포들의 루시퍼라제 효소 활

성을 측정함으로써 확인되었다.

[0655] *동종이계 T 세포의 세포독성 및 사이토킨 생산을 평가하는 Luc-Cyto 검정*

[0656] 상기 Luc-Cyto 검정은 표적 (종양 세포)에 대한 작동체 (T 세포) (E-대비-T)의 상이한 비율에서 종양 세포와 T 세포를 혼합하여 설정되었다. 상기 표적 세포들 (Nalm6-Luc 또는 K562-Luc)은 10% 열-불활성화된 (HI) FBS가 보충된 RPMI-1640 배지가 있는 96-웰 플레이트에서 웰당 10,000개 세포로 도말되었다. 동종이계 TFP T 세포들은 E-대-T의 비율이 3-대-1, 1-대-1, 또는 1-대-3 또는 1-대-9에 도달되도록, 웰당 30000개, 10000개, 또는 3333개 또는 1111개의 세포로 수준으로 종양 세포에 추가되었다. 세포 혼합물은 24 시간 동안 37℃, 5 % CO_2에서 항온처리되었다. 루시퍼라제 효소 활성은 Bright-Glo™ 루시퍼라제 검정 시스템 (Promega)을 이용하여 측정되었고, 이것은 상기 T 세포와 종양 세포의 공동-배양물에 남아있는 생존 표적 세포로부터의 활성을 측정한다.

[0657] 결과는 도 10에 나타낸다. 동종이계 TCRγδ TFP T 세포들은 CD19 양성 종양 세포 Nalm6-Luc에 대항하여 강력하고 특이적인 용해를 보이지만, 그러나 CD19 음성 종양 세포 K562-Luc에 대항해서는 그렇지 않았다.

[0658] 다음의 사이토킨의 동종이계 T 세포 생산을 평가하기 위해, 24시간-후 동일한 공동-배양 분석에서 상청액을 취했다: GM-CSF, IFNγ, IL2, 및 TNFα. 사이토킨 생산은 U-PLEX 바이오마커 그룹 I (hu) 분석(Catalog 번호: K15067L-4)과 함께, Meso Scale Discovery Technology(MesoScale Diagnostics, LLC)를 사용하여 분석되었다. 모든 구조체에서 강력한 사이토킨 분비가 투여분량-의존적 방식으로 관찰되었다 (도 11).

[0659] 추가 실험의 결과는 도 14와 동일한 구조체를 이용하여 도 15 및 도 16에 나타낸다. 동종이계 TCRγδ TFP T 세포 및 뮤린 TCRαβ T 세포는 CD19 양성 종양 세포 Nalm6-Luc에 대항하여 강력하고 특이적인 용해를 보이지만, 그러나 CD19 음성 종양 세포 K562-Luc에 대항해서는 그렇지 않았다(도 15). 모든 구조체에서 강력한 사이토킨 분비가 투여분량-의존적 방식으로 관찰되었다 (도 16). TFP+ 집단의 백분율은 구조체들간의 TFP 형질도입 효율의 차이를 설명하기 위해 그래프에 표시된다. αCD19 scFv가 있는 동종이계 TFP 세포들은 시험관 내에서 CD19+ 종양 세포를 효율적으로 용해시키고, 편집되지 않은 αCD19 TFP 세포들과 유사한 수준에서 사이토킨을 만들었다.

[0660] 추가 실험 결과는 도 20-23에 나타낸다. 동종이계 뮤린 TCRα (FMC63mTRAC_P2A_mTRBC U5; FMC63SLmTRAC_P2A_mTRBC U5; FMC63mTRAC_T2A_mTRBC; FMC63mTRAC_T2A_mTRBC U5) 및 TCRαβ (FMC63SLmTRAC_P2A_FMC63SLmTRBC U5) TFP T 세포들은 CD19 양성 종양 세포 Nalm6-Luc에 대항하여 특이적이고, 강력한 용해를 보였지만, 그러나 CD19 음성 종양 세포 K562-Luc에 대항해서는 그렇지 않았다 (도 20). TFP+ 집단의 백분율은 구조체들간의 TFP 형질도입 효율의 차이를 설명하기 위해 그래프에 표시된다. 모든 구조체에서 강력한 사이토킨 분비가 투여분량-의존적 방식으로 관찰되었다 (도 21). 동종이계 TCRδ (FMC63TRDC T2A TRGC1), TCRγδ (FMC63TRDC_T2A_FM63opTRGC1), 및 TCRε FMC63TCRγ9G115T2Aδ2c15P2AFMC63ε) TFP T 세포는 CD19 양성 종양 세포 Nalm6-Luc에 대항하여 특이적이고, 강력한 용해를 보였지만, 그러나 CD19 음성 종양 세포 K562-Luc에 대항해서는 그렇지 않았다 (도 22). TFP+ 집단의 백분율은 구조체들간의 TFP 형질도입 효율의 차이를 설명하기 위해 그래프에 표시된다. 모든 구조체에서 강력한 사이토킨 분비가 투여분량-의존적 방식으로 관찰되었다 (도 23). 도 22 및 도 23에서, TFP T 세포는 표적 세포에 3:1, 1:1, 및 0.1:1의 비율로 추가되었다. 도 21 및 도 23에서, 항-CD19-CD3ε TFP.TFP를 갖는 편집안된 T-세포에서 사이토킨 생산에 대해 표준화된 사이토킨 생산을 보여준다. *사이토킨 발현을 위해 TFPs를 발현시키는 인간 TCR-음성 T 세포의 MLR*

[0661] 혼합형 림프구 반응 (MLR) 검정을 이용하여, TFPs를 발현시키는 인간 TCR-음성 또는 TCR-양성 T 세포들의 동종이계성을 평가하였다. HLA-미스매치된, 시험관내-유래된 수지상 세포를 TCR-음성 또는 TCR-양성 TFP 발현 세포와 1:3(T:DC) 비율로, 72시간 동안 공동-배양했다. 분비된 사이토킨인은 위에서 설명한 대로, MSD 분석에 의해 상층액에서 측정되었다. TCR-음성 TFP-발현시키는 T 세포들은 편집되지 않은 TFP-발현시키는 T 세포에 비교하였을 때, 훨씬 적은 사이토킨을 분비했으며, HLA-미스매치된 수지상 세포와의 혼합형 백혈구 반응에서 동종반응을 나타내지 않았다. (도 17).

[0662] **실시예 5: TFPs를 발현시키는 동종이계 TCR T 세포의 생체내 효과**

[0663] Nalm6-luc 종양 마우스 모델을 이용하여 TFPs를 발현시키는 동종이계 TCR T 세포의 생체내 효과를 평가하였다. 종양 세포를 -10일 시점에서 NSG 마우스에게 주사하였다. 종양이 확립된 후, 0일 시점에 $2.2x10^6$의 편집안된, 또는 동종이계 TFP 세포를 마우스에게 1회 주사했다. TFP 세포 주입-후, 매 3일 마다 마우스의 영상촬영에

의해, 종양 부하를 평가했다. 생체내, 편집되지 않은 TFP-발현시키는 세포는 완전한 항-종양 활성을 나타내는 반면, 동종이계 TFP-발현시키는 세포들에서는 종양 퇴행이 나타났다 (도 18).

[0664] TFP-발현시키는 T 세포를 주사-후 50일 시점에, 종양을 품고 있지 않은 마우스로부터 간을 수거하였고, 인간 세포의 조직 침윤을 통해 이식편-대 숙주 질환(GvHD)에 대해 평가하였다. 마우스 간에서 인간 CD7+ 세포의 유동세포분석에서 αCD19-CD3ε를 발현시키는 편집되지 않은 T 세포로 처리된 동물에서 인간 세포의 침윤을 나타냈다 (좌측 패널). TFP-발현시키는 동종이계 세포에서는 침윤이 관찰되지 않았고, 동종이계 세포로 처리된 마우스에서는 GvHD의 징후를 나타내지 않았다. 침윤 분석은 CD7+ 세포 염색에 대한 IHC 분석으로 확인되었다(n=2; 우측 패널).

[0665] **표 5**. 항원 결합 도메인서열.

서열 식별 번호.	이름	서열
24	항-MSLN 경쇄아미노산 (MHC1445LC.1)	DVVMTQTPLSLPVSLGDQASISCRSSQSLVHSNGNTYLHWY LQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLKITRVE AEDLGVFFCSQSTHVPFTFGSGTKLEIK
25	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1445LC.1)	gatgttgtgatgacccaaactccactctccctgcctgtcagtcttggagatcaagcctccatctctt gcagatctagtcagagccttgtacacagtaatggaaacacctatttacattggtacctgcagaag ccaggccagtctccaaagctcctgatctacaaagtttccaaccgattttctggggtcccagacag gttcagtggcagtggatcagggactgatttcacactcaagatcaccagagtggaggctgaggat ctgggagtttttttctgctctcaaagtacacatgttccattcacgttcggctcggggacaaagttgg aaataaaa
26	항-MSLN 중쇄아미노산 (MHC1445HC.1)	QVQLQQSGAELVRPGASVTLSCKASGYTFFDYEMHWVKQT PVHGLEWIGAIDPEIDGTAYNQKFKGKAILTADKSSSTAYME LRSLTSEDSAVYYCTDYYGSSYWYFDVWGTGTTVTVSS
27	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1445HC.1)	caggttcaactgcagcagtctggggctgagctggtgaggcctggggcttcagtgacgctgtcct gcaaggcttcgggctacacatttttttgactatgaaatgcactgggtgaagcagacacctgtgcat ggcctggaatggattggagctattgatcctgaaattgatggtactgcctacaatcagaagttcaa gggcaaggccatactgactgcagacaaatcctccagcacagcctacatggagctccgcagcc tgacatctgaggactctgccgtctattactgtacagattactacggtagtagctactggtacttcga tgtctggggcacagggaccacggtcaccgtctcctc
28	항-MSLN 경쇄아미노산 (MHC1446LC.1)	DVMMTQTPLSLPVSLGDQASISCRSSQSLVHSNGNTYLHWF LQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVE AEDLGVYFCSQTTHVPLTFGAGTKLELK

[0666]

29	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1446LC.1)	gatgttatgatgacccaaactccactctccctgcctgtcagtcttggagatcaagcctccatctcttgcagatctagtcagagccttgtacacagtaatggaaacacctatttacattggttcctgcagaagccaggccagtctccaaagctcctgatctacaaagtttccaaccgattttctggggtcccagacaggttcagtggcagtggatcagggacagatttcacactcaagatcagcagagtggaggctgaggatctgggagtttatttctgctctcaaactacacatgttccgctcacgttcggtgctgggaccaagctggagctgaaa
30	항-MSLN 중쇄아미노산 (MHC1446HC.3)	QVQLQQSGAELVRPGASVTLSCKASGYTFTDYEMHWVKQTPVHGLEWIGAIDPEIAGTAYNQKFKGKAILTADKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCSRYGGNYLYYFDYWGQGTTLTVSS
31	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1446HC.3)	caggttcaactgcagcagtctggggctgagctggtgaggcctggggcttcagtgacgctgtcctgcaaggcttcgggctacacttttactgactatgaaatgcactgggtgaagcagacacctgtccatggcctggaatggattggagctattgatcctgaaattgctggtactgcctacaatcagaagttcaagggcaaggccatactgactgcagacaaatcctccagcacagcctacatggagctccgcagcctgacatctgaggactctgccgtctattactgttcaagatacggtggtaactacctttactactttgactactggggccaaggcaccactctcacagtctcctca
32	항-MSLN 경쇄아미노산 (MHC1447LC.5)	DVLMTQIPLSLPVSLGDQASISCRSSQNIVYSNGNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCFQGSHVPFTFGSGTKLEIK
33	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1447LC.5)	gatgttttgatgacccaaattccactctccctgcctgtcagtcttggagatcaagcctccatctcttgcagatctagtcagaacattgtgtatagtaatggaaacacctatttagagtggtacctgcagaaaccaggccagtctccaaagctcctgatctacaaagtttccaaccgattttctggggtcccagacaggttcagtggcagtggatcagggacagatttcacactcaagatcagcagagtggaggctgaggatctgggagtttattactgctttcaaggttcacatgttccattcacgttcggctggggacaaagttggaaataaaa
34	항-MSLN 중쇄아미노산 (MHC1447HC	QVQLQQSGAELVRPGASVTLSCKASGYTFTDYEMHWVKQTPVHGLEWIGAIDPEIGGSAYNQKFKGRAILTADKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCTGYDGYFWFAYWGQGTLVTVSS

[0667]

	.5)	
35	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1447HC .5)	caggttcaactgcagcagtccggggctgagctggtgaggcctggggcttcagtgacgctgtcc tgcaaggcttcgggctacacatttactgactatgaaatgcactgggtgaagcagacacctgtgc atggcctggaatggattggagctattgatcctgaaattggtggttctgcctacaatcagaagttca agggcagggccatattgactgcagacaaatcctccagcacagcctacatggagctccgcagc ctgacatctgaggactctgccgtctattattgtacgggctatgatggttacttttggtttgcttactgg ggccaagggactctggtcactgtctcttca
36	항-MSLN 경쇄아미노산 (MHC1448LC .4)	ENVLTQSPAIMSASPGEKVTMTCSASSSVSYMHWYQQKSST SPKLWIYDTSKLASGVPGRFSGSGSGNSYSLTISSMEAEDVA TYYCFQGSGYPLTFGSGTKLEIK
37	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1448LC .4)	gaaaatgttctcacccagtctccagcaatcatgtccgcatctccaggggaaaaggtcaccatga cctgcagtgctagctcaagtgtaagttacatgcactggtaccagcagaagtcaagcacctcccc caaactctggatttatgacacatccaaactggcttctggagtcccaggtcgcttcagtggcagtg ggtctggaaactcttactctctcacgatcagcagcatggaggctgaagatgttgccacttattact gttttcaggggagtgggtacccactcacgttcggctcggggacaaagttggaaataaaa
38	항-MSLN 중쇄아미노산 (MHC1448HC .3)	QVQLQQSGAELVRPGASVTLSCKASGYTFTDYEMHWVKQT PVHGLEWIGGIDPETGGTAYNQKFKGKAILTADKSSSTAYM ELRSLTSEDSAVYYCTSYYGSRVFWGTGTTVTVSS
39	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1448HC .3)	caggttcaactgcagcagtctggggctgagctggtgaggcctggggcttcagtgacgctgtcct gcaaggcttcgggctacacatttactgactatgaaatgcactgggtgaaacagacacctgtgcat ggcctggaatggattggaggtattgatcctgaaactggtggtactgcctacaatcagaagttcaa gggtaaggccatactgactgcagacaaatcctccagcacagcctacatggagctccgcagcct gacatctgaggactctgccgtctattactgtacaagttactatggtagtagagtcttctggggcac agggaccacggtcaccgtctcctca
40	항-MSLN 경쇄아미노산 (MHC1449LC	QIVLSQSPAILSAFPGEKVTMTCRASSSVSYMHWYQQKPGS SPKPWIYATSNLASGVPARFSGSGSGTSYSLTISSVEAEDAAT YYCQQWSSNPPTLTFGAGTKLELK

[0668]

	.3)	
41	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1449LC .3)	caaattgttctctcccagtctccagcaatcctgtctgcatttccaggggagaaggtcactatgactt gcagggccagctcaagtgtaagttacatgcactggtaccagcagaagccaggatcctccccca aaccctggatttatgccacatccaacctggcttctggagtccctgctcgcttcagtggcagtgggt ctgggacctcttactctctcacaatcagcagtgtggaggctgaagatgctgccacttattactgcc agcagtggagtagtaacccacccacgctcacgttcggtgctgggaccaagctggagctgaaa
42	항-MSLN 중쇄아미노산 (MHC1449HC .3)	QVQLQQSGAELARPGASVKLSCKASGYTFTSYGISWVKQRT GQGLEWIGEIYPRSGNTYYNESFKGKVTLTADKSSGTAYME LRSLTSEDSAVYFCARWGSYGSPPFYYGMDYWGQGTSVTV SS
43	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1449HC .3)	caggttcagctgcagcagtctggagctgagctggcgaggcctggggcttcagtgaagctgtcc tgcaaggcttctggctacaccttcacaagctatggtataagctgggtgaagcagaggactggac agggccttgagtggattggagagatttatcctagaagtggtaatacttactacaatgagagcttca agggcaaggtcacactgaccgcagacaaatcttccggcacagcgtacatggagctccgcagc ctgacatctgaggactctgcggtctatttctgtgcaagatggggctcctacggtagtccccccttttt actatggtatggactactggggtcaaggaacctcagtcaccgtctcctca
44	항-MSLN 경쇄아미노산 (MHC1450LC .3)	DVLMTQTPLSLPVSLGNQASISCRSSQSIVHSSGSTYLEWYL QKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVE AEDLGVYYCFQGSHVPYTFGGGTKLEIK
45	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1450LC .3)	gatgttttgatgacccaaactccactctccctgcctgtcagtcttggaaatcaagcctccatctctt gcagatctagtcagagcattgtacatagtagtggaagcacctatttagaatggtacctgcagaaa ccaggccagtctccaaagctcctgatctacaaagtttccaaccgattttctggggtcccagacag gttcagtggcagtggatcagggacagatttcacactcaagatcagcagagtggaggctgagga tctgggagtttattactgctttcaaggctcacatgttccatacacgttcggaggggggaccaagct ggaaataaaa
46	항-MSLN 중쇄아미노산 (MHC1450HC	QVQLQQSGAELARPGTSVKVSCKASGYTFTSYGISWVKQRI GQGLEWIGEIHPRSGNSYYNEKIRGKATLTADKSSSTAYME LRSLISEDSAVYFCARLITTVVANYYAMDYWGQGTSVTVSS

[0669]

	.5)	
47	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1450HC .5)	caggttcagctgcagcagtctggagctgagctggcgaggcctgggacttcagtgaaggtgtcc tgcaaggcttctggctataccttcacaagttatggtataagctgggtgaagcagagaattggaca gggccttgagtggattggagagattcatcctagaagtggtaatagttactataatgagaagatca ggggcaaggccacactgactgcagacaaatcctccagcacagcgtacatggagctccgcag cctgatatctgaggactctgcggtctatttctgtgcaaggctgattactacggtagttgctaattact atgctatggactactggggtcaaggaacctcagtcaccgtctcctca
48	항-MSLN 경쇄아미노산 (MHC1451LC .1)	DIVMSQSPSSLAVSAGEKVTMSCKSSQSLLNSRTRKNYLAW YQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISS VQAEDLAVYYCKQSYNLVTFGAGTKLELK
49	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1451LC .1)	Gacattgtgatgtcacagtctccatcctccctggctgtgtcagcaggagagaaggtcactatga gctgcaaatccagtcagagtctgctcaacagtagaacccgaaagaactacttggcttggtacca gcagaaaccagggcagtctcctaaactgctgatctactgggcatccactagggaatctggggtc cctgatcgcttcacaggcagtggatctgggacagatttcactctcaccatcagcagtgtgcagg ctgaagacctggcagtttattactgcaaacaatcttataatctggtcacgttcggtgctgggacca agctggagctgaaa
50	항-MSLN 중쇄아미노산 (MHC1451HC .2)	QVQLQQSGAELVRPGASVTLSCKASGYTFFDYEMHWVKQT PVHGLEWIGAIDPEIDGTAYNQKFKGKAILTADKSSSTAYME LRSLTSEDSAVYYCTDYYGSSYWYFDVWGTGTTVTVSS
51	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1451HC .2)	caggttcaactgcagcagtctggggctgagctggtgaggcctggggcttcagtgacgctgtcct gcaaggcttcgggctacacatttttttgactatgaaatgcactgggtgaagcagacacctgtgcat ggcctggaatggattggagctattgatcctgaaattgatggtactgcctacaatcagaagttcaa gggcaaggccatactgactgcagacaaatcctccagcacagcctacatggagctccgcagcc tgacatctgaggactctgccgtctattactgtacagattactacggtagtagctactggtacttcga tgtctggggcacagggaccacggtcaccgtctcctc
52	항-MSLN	QIVLTQSPAIMSASPGEKVTISCSASSSVSYMYWYQQKPGSS PKPWIYRTSNLASGVPARFSGSGSGTSYSLTISSMEAEDAAT

[0670]

	경쇄아미노산 (MHC1452LC.1)	YYCQQYHSYPLTFGAGTKLELK
53	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1452LC.1)	caaattgttctcacccagtctccagcaatcatgtctgcatctccaggggagaaggtcaccatatc ctgcagtgccagctcaagtgtaagttacatgtactggtaccagcagaagccaggatcctccccc aaaccctggatttatcgcacatccaacctggcttctggagtccctgctcgcttcagtggcagtgg gtctgggacctcttactctctcacaatcagcagcatggaggctgaagatgctgccacttattactg ccagcagtatcatagttacccactcacgttcggtgctgggaccaagctggagctgaaa
54	항-MSLN 경쇄아미노산 (MHC1452LC.6)	QIVLTQSPAIMSASPGERVTMTCSASSSVSSSYLYWYQQKSG SSPKLWIYSISNLASGVPARFSGSGSGTSYSLTINSMEAEDAA TYYCQQWSSNPQLTFGAGTKLELK
55	항-MSLN 경쇄 DNA (MHC1452LC.6)	caaattgttctcacccagtctccagcaatcatgtctgcatctcctggggaacgggtcaccatgac ctgcagtgccagctcaagtgtaagttccagctacttgtactggtaccagcagaagtcaggatcct ccccaaaactctggatttatagcatatccaacctggcttctggagtcccagctcgcttcagtggca gtgggtctgggacctcttactctctcacaatcaacagcatggaggctgaagatgctgccacttatt actgccagcagtggagtagtaacccacagctcacgttcggtgctgggaccaagctggagctga aa
56	항-MSLN 중쇄아미노산 (MHC1452HC.2)	QVQLKQSGAELVKPGASVKISCKASGYTFTDYYINWVKQRP GQGLEWIGKIGPGSGSTYYNEKFKGKATLTADKSSSTAYMQ LSSLTSEDSAVYFCARTGYYVGYYAMDYWGQGTSVTVSS
57	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1452HC.2)	caggtccagctgaagcagtctggagctgagctggtgaagcctggggcttcagtgaagatatcc tgcaaggcttctggctacaccttcactgactactatataaactgggtgaagcagaggcctggaca gggccttgagtggattggaaagattggtcctggaagtggtagtacttactacaatgagaagttca agggcaaggccacactgactgcagacaaatcctccagcacagcctacatgcagctcagcagc ctgacatctgaggactctgcagtctatttctgtgcaagaactggttactacgttggttactatgctat ggactactggggtcaaggaacctcagtcaccgtctcctca
58	항-MSLN	QVQLQQSGAELARPGASVKLSCKASGYTFTIYGISWVKQRT GQGLEWIGEIYPRSDNTYYNEKFKGKATLTADKSSSTAYME

[0671]

	중쇄아미노산 (MHC1452HC.4)	LRSLTSEDSAVYFCARWYSFYAMDYWGQGTSVTVSS
59	항-MSLN 중쇄 DNA (MHC1452HC.4)	caggttcagctgcagcagtctggagctgagctggcgaggcctggggcttcagtgaagctgtcc tgcaaggcttctggctacaccttcacaatctatggtataagctgggtgaaacagagaactggaca gggccttgagtggattggagagatttatcctagaagtgataatacttactacaatgagaagttcaa gggcaaggccacactgactgcagacaaatcctccagcacagcgtacatggagctccgcagcc tgacatctgaggactctgcggtctatttctgtgcaagatggtactcgttctatgctatggactactg gggtcaaggaacctcagtcaccgtctcctca
60	항-MSLN (SD1) CDR1	GGDWSANFMY
61	항-MSLN (SD1) CDR2	RISGRGVVDYVESVKGRFT
62	항-MSLN (SD1) CDR3	ASY
63	항-MSNL (SD4) CDR1	GSTSSINTMY
64	항-MSNL (SD4) CDR2	FISSGGSTNVRDSVKGRFT
65	항-MSNL (SD4) CDR3	YIPYGGTLHDF
66	항-MSNL (SD6) CDR1	GSTFSIRAMR
67	항-MSNL (SD6) CDR2	VIYGSSTYYADAVKGRFT

[0672]

68	항-MSNL (SD6) CDR3	DTIGTARDY
69	단일 도메인 항-MSLN 결합자1 (SD1)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGGDWSANFMYWYRQ APGKQRELVARISGRGVVDYVESVKGRFTISRDNSKNTLYL QMNSLRAEDTAVYYCAVASYWGQGTLVTVSS
70	단일 도메인 항-MSLN 결합자4 (SD4)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGSTSSINTMYWYRQAP GKERELVAFISSGGSTNVRDSVKGRFTISRDNSKNTLYLQM NSLRAEDTAVYYCNTYIPYGGTLHDFWGQGTLVTVSS
71	단일 도메인 항-MSLN 결합자 6 (SD6)	QVQLVESGGGVVQAGGSLRLSCAASGSTFSIRAMRWYRQA PGTERDLVAVIYGSSTYYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQM NSLRAEDTAVYYCNADTIGTARDYWGQGTLVTVSS
72	항-CD19 경쇄 CDR1 코딩 서열	AGGGCAAGTCAGGACATTAGTAAA
73	항-CD19 경쇄 CDR1	RASQDISK
74	항-CD19 경쇄 CDR2 코딩 서열	ATCTACCATACATCAAGATTA
75	항-CD19 경쇄	IYHTSRL

[0673]

	CDR2	
76	항-CD19 경쇄 CDR3 코딩 서열	CAACAGGGTAATACGCTTCCGTACACG
77	항-CD19 경쇄 CDR3	QQGNTLPYT
78	항-CD19 중쇄 CDR1 코딩 서열	GGGGTCTCATTACCCGACTATGGTGTAAGC
79	항-CD19 중쇄 CDR1	GVSLPDYGVS
80	항-CD19 중쇄 CDR2 코딩 서열	GTAATATGGGGTAGTGAAACCACATACTATAATTCAGCTCTC
81	항-CD19 중쇄 CDR2	VIWGSETTYYNSAL
82	항-CD19 중쇄 CDR3 코딩 서열	CATTATTACTACGGTGGTAGCTATGCTATGGACTAC
83	항-CD19 중쇄 CDR3	HYYYGGSYAMDY
84	항-CD19 경쇄 가변 영역 코딩 서열	GACATCCAGATGACACAGACTACATCCTCCCTGTCTGCCTCTCT GGGAGACAGAGTCACCATCAGTTGCAGGGCAAGTCAGGACAT TAGTAAATATTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGATGGAACT GTTAAACTCCTGATCTACCATACATCAAGATTACACTCAGGAG TCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGAACAGATTATTC TCTCACCATTAGCAACCTGGAGCAAGAAGATATTGCCACTTAC

[0674]

		TTTTGCCAACAGGGTAATACGCTTCCGTACACGTTCGGAGGGG GGACTAAGTTGGAAATAACA
85	항-CD19 경쇄 가변 영역	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVK LLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGN TLPYTFGGGTKLEIT
86	항-CD19 중쇄 가변 영역 코딩 서열	GAGGTGAAACTGCAGGAGTCAGGACCTGGCCTGGTGGCGCCCT CACAGAGCCTGTCCGTCACATGCACTGTCTCAGGGGTCTCATT ACCCGACTATGGTGTAAGCTGGATTCGCCAGCCTCCACGAAAG GGTCTGGAGTGGCTGGGAGTAATATGGGGTAGTGAAACCACAT ACTATAATTCAGCTCTCAAATCCAGACTGACCATCATCAAGGA CAACTCCAAGAGCCAAGTTTTCTTAAAAATGAACAGTCTGCAA ACTGATGACACAGCCATTTACTACTGTGCCAAACATTATTACTA CGGTGGTAGCTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCA GTCACCGTCTCCTCA
87	항-CD19 중쇄 가변 영역	EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGL EWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDT AIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSS
88	CD70 CDR1	SIFDIVRGS
89	CD70 CDR2	AIITSGGATNYA
90	CD70 CDR3	CNMESVRYRNYW
91	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQTGGSLRLSCTASGSIFDIVRGSWYRQAP GNQRELVAIITSGGATNYADSVAGRFTISRDSAWKALYLQM NSLKPEDTAVYFCNMESVRYRNYWGQGTQVTVSS
92	CD70 CDR1	FTLEHYSIG
93	CD70 CDR2	SCITSSGGIPKYA
94	CD70 CDR3	CGAATPDDDCSVPGHYGLNYW
95	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTLEHYSIGWFRQAP GKDLEGVSCITSSGGIPKYADSVKGRFIISRDNAKNTGYLQM NSLKPEDTAVYYCGAATPDDDCSVPGHYGLNYWGKGTQV TVSS
96	CD70 CDR1	FTFDAYAIG
97	CD70 CDR2	ICLSPSDGSTYYA
98	CD70 CDR3	CATPSWCSLKADFGSW
99	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQAGGSLRLSCAAPGFTFDAYAIGWFRQA

[0675]

		PGKEREGVICLSPSDGSTYYADSVKGRFTISSDNAKNTVYLQ MNSLKPEDTAVYYCATPSWCSLKADFGSWGQGTQVTVSS
100	CD70 CDR1	SIFSATRME
101	CD70 CDR2	AIVTSGGRTNYA
102	CD70 CDR3	CKFERYDYVNYW
103	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQPGGSLRLSCTASGSIFSATRMEWYRQAP GKQRELVAIVTSGGRTNYADSVNGRFTISRDNAKNTLYLQM NNLKPEDTAVYYCKFERYDYVNYWGRGTQVTVSS
104	CD70 CDR1	SIFSIARMN
105	CD70 CDR2	AILNRAGRTDYA
106	CD70 CDR3	CNLQTISYHDFW
107	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQPGGSLRLSCVASGSIFSIARMNWYRQAP GKQRELVAILNRAGRTDYADSVKGRFTISSDNAKTTVYLQM NSLKPEDTALYYCNLQTISYHDFWGQGTQVTVSS
108	CD70 CDR1	SIFDIARGN
109	CD70 CDR2	AIITSGGATNYA
110	CD70 CDR3	CNMESLSYRHYW
111	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQTGGSLRLSCTASGSIFDIARGNWYRQAP GKQRELVAIITSGGATNYADSVAGRFTISRDDAKNTVYLQM NGLKPEDTAVYFCNMESLSYRHYWGQGTQVTVSS
112	CD70 CDR1	SIIRDNVMA
113	CD70 CDR2	AIINTGGSANVD
114	CD70 CDR3	CNVYYRDLW
115	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQAGGSLRLSCAASKSIIRDNVMAWHRQA PGKQRELVAIINTGGSANVDDSVKGRFTISRDNAKNMVYLQ MNNLKPEDTAVYYCNVYYRDLWGQGTQVTVSS
116	CD70 CDR1	FTLDRYAVG
117	CD70 CDR2	SCISSSGDIIKYA
118	CD70 CDR3	CTAADPKDDCSVPGYYGLNYW
119	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQPGGSLRLSCVASGFTLDRYAVGWFRQA PGKELEGVSCISSSGDIIKYADSAKGRFTIARDNAKNTAYLQ MNSLKPEDTAVYYCTAADPKDDCSVPGYYGLNYWGKGTQ

[0676]

		VTVSS
120	CD70 CDR1	FTLDKYAIG
121	CD70 CDR2	SCITSSSGVVKYA
122	CD70 CDR3	CAAAGPPDDCSVPGYYGLNYW
123	CD70 가변 도메인	QVQLQESGGGLVQPGGSLRLSCVASGFTLDKYAIGWFRQAP GKELEGVSCITSSSGVVKYADSVKGRFIISRDNTNNRAFLQM SSLKPEDTAVYYCAAAGPPDDCSVPGYYGLNYWGKGTQVT VSS

[0677]

[0678] 표 6. 구조체 서열.

구조체	서열 식별 번호:	성분	서열
pLRPO V5-mTRAC$_{(82-137)}$ T2A mTRBC$_{(123-173)}$	200	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPGKPI PNPLLGLDSTGATYPSSDVPCDAT LTEKSFETDMNLNFQNLSVMGLRI LLLKVAGFNLLMTLRLWSSGSGEG RGSLLTCGDVEENPGPGRADCGIT SASYQQGVLSATILYEILLGKATLY AVLVSTLVVMAMVKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	202	V5 Tag	GKPIPNPLLGLDST
	17	[mm]TRAC(82-137)	ATYPSSDVPCDATLTEKSFETDMN LNFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLL MTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	18	[mm]TRBC1(123-173)	GRADCGITSASYQQGVLSATILYEI LLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKR KNS
pLRPO FMC63-mTRAC$_{(82-137)}$ T2A mTRBC$_{(123-173)}$	204	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSEV KLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSG VSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLG

[0679]

			VIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNS KSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SGATYPSSDVPCDATLTEKSFETD MNLNFQNLSVMGLRILLLKVAGF NLLMTLRLWSSGSGEGRGSLLTCG DVEENPGPGRADCGITSASYQQGV LSATILYEILLGKATLYAVLVSTLV VMAMVKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	205	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL G4S vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSE VKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVS GVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS S
	17	[mm]TRAC(82-137)	ATYPSSDVPCDATLTEKSFETDMN LNFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLL MTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	18	[mm]TRBC1(123-173)	GRADCGITSASYQQGVLSATILYEI LLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKR KNS
pLRPO FMC63mTRAC	**206**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ

[0680]

_P2A_mTRBC			DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSEV KLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSG VSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLG VIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNS KSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SGIQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLC LFTDFDSQINVPKTMESGTFITDKT VLDMKAMDSKSNGAIAWSNQTSF TCQDIFKETNATYPSSDVPCDATLT EKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILL LKVAGFNLLMTLRLWSSGSGATN FSLLKQAGDVEENPGPDLRNVTPP KVSLFEPSKAEIANKQKATLVCLA RGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGV STDPQAYKESNYSYCLSSRLRVSA TFWHNPRNHFRCQVQFHGLSEED KWPEGSPKPVTQNISAEAWGRAD CGITSASYQQGVLSATILYEILLGK ATLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	205	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL G4S vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSE VKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVS

[0681]

			GVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS S
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
pLRPO Jet_FMC63mT RAC_T2A_mT RBC	210	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSEV KLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSG VSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLG VIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNS KSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SGIQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLC

[0682]

			LFTDFDSQINVPKTMESGTFITDKT VLDMKAMDSKSNGAIAWSNQTSF TCQDIFKETNATYPSSDVPCDATLT EKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILL LKVAGFNLLMTLRLWSSGSGEGR GSLLTCGDVEENPGPDLRNVTPPK VSLFEPSKAEIANKQKATLVCLAR GFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVS TDPQAYKESNYSYCLSSRLRVSAT FWHNPRNHFRCQVQFHGLSEEDK WPEGSPKPVTQNISAEAWGRADC GITSASYQQGVLSATILYEILLGKA TLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	205	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL G4S vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSE VKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVS GVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS S
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV

[0683]

			AGFNLLMTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
pLRPC FMC63SLmTR $AC_{(82-137)}$ T2A optiFMC63SL $mTRBC_{(123-173)}$	**211**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEGA TYPSSDVPCDATLTEKSFETDMNL NFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLLM TLRLWSSGSGEGRGSLLTCGDVEE NPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLI PDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCR ASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLI YHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYS LTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYT FGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGS TKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVT

[0684]

			CTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGL EWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTII KDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIY YCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTS VTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGS LEGRADCGITSASYQQGVLSATIL YEILLGKATLYAVLVSTLVVMAM VKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	213	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLEG
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP

[0685]

		펩티드	
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV)	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL (짧은 링커)	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	18	[mm]TRBC1(123-173)	GRADCGITSASYQQGVLSATILYEI LLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKR KNS
pLRPC FMC63mTRAC _T2A_mTRBC	**215**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSEV KLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSG VSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLG VIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNS KSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SGIQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLC LFTDFDSQINVPKTMESGTFITDKT VLDMKAMDSKSNGAIAWSNQTSF TCQDIFKETNATYPSSDVPCDATLT

[0686]

			EKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILL LKVAGFNLLMTLRLWSSGSGEGR GSLLTCGDVEENPGPDLRNVTPPK VSLFEPSKAEIANKQKATLVCLAR GFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVS TDPQAYKESNYSYCLSSRLRVSAT FWHNPRNHFRCQVQFHGLSEEDK WPEGSPKPVTQNISAEAWGRADC GITSASYQQGVLSATILYEILLGKA TLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	205	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL G4S vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSE VKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVS GVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS S
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ

[0687]

			KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
pLRPC FMC63mTRAC _T2A_mTRBC U5	**216**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSEV KLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSG VSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLG VIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNS KSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SGIQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLC LFTDFDSQINVPKTMESGTFITDKT VLDMKAMDSKSNGAIAWSNQTSF TCQDIFKETNATYPSSDVPCDATLT EKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILL LKVAGFNLLMTLRLWSSGSGEGR GSLLTCGDVEENPGPDLRNVTPPK VSLFEPSKAEIANKQKATLVCLAR GFFPDHVELSWWVNGKEVHSGVS TDPQAYKESNYSYCLSSRLRVSAT FWHNPRNHFRCQVQFHGLSEEDK WPEGSPKPVTQNISAEAWGRADC GITSASYQQGVLSATILYEILLGKA TLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS

[0688]

	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	205	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL G4S vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSE VKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVS GVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS S
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
pLCUS FMC63mTRAC	217	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLS ASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTV KLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLE

[0689]

_P2A_mTRBC			QEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSG SGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLS VTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVI WGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNS LQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTS VTVSSIQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFTDFD SQINVPKTMESGTFITDKTVLDMKAMDSKSN GAIAWSNQTSFTCQDIFKETNATYPSSDVPCD ATLTEKSFETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKVA GFNLLMTLRLWSSGSGATNFSLLKQAGDVEE NPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDLRNVTPP KVSLFEPSKAEIANKQKATLVCLARGFFPDHVE LSWWVNGKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYCLS SRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQFHGLSEEDK WPEGSPKPVTQNISAEAWGRADCGITSASYQ QGVLSATILYEILLGKATLYAVLVSTLVVMAMV KRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD

[0690]

			MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
pLCUS FMC63SLmTR AC_P2A_mTR BC	218	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEIQ NPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFTD FDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS

[0691]

			FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSSGSGATNFSLL KQAGDVEENPGPMLLLVTSLLLCE LPHPAFLLIPDLRNVTPPKVSLFEPS KAEIANKQKATLVCLARGFFPDHV ELSWWVNGKEVHSGVSTDPQAYK ESNYSYCLSSRLRVSATFWHNPRN HFRCQVQFHGLSEEDKWPEGSPKP VTQNISAEAWGRADCGITSASYQQ GVLSATILYEILLGKATLYAVLVST LVVMAMVKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL (짧은 링커)	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS

[0692]

	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
pLCUS FMC63SLmTRAC_P2A_FMC63SLmTRBC	219	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEIQ NPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFTD FDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSSGSGATNFSLL KQAGDVEENPGPMLLLVTSLLLCE LPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLG

[0693]

			DRVTISCRASQDISKYLNWYQQKP DGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQ GNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGK PGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAP SQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIR QPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNS ALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSL QTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMD YWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGG GSGGGGSLEDLRNVTPPKVSLFEP SKAEIANKQKATLVCLARGFFPDH VELSWWVNGKEVHSGVSTDPQAY KESNYSYCLSSRLRVSATFWHNPR NHFRCQVQFHGLSEEDKWPEGSP KPVTQNISAEAWGRADCGITSASY QQGVLSATILYEILLGKATLYAVL VSTLVVMAMVKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS

[0694]

	214	SL (짧은 링커)	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV)	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL (짧은 링커)	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS

[0695]

pLKaUS FMC63mTRAC _P2A_FMC63 mTRBC	220	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SIQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLF TDFDSQINVPKTMESGTFITDKTVL DMKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTC QDIFKETNATYPSSDVPCDATLTE KSFETDMNLNFQNLSVMGLRILLL KVAGFNLLMTLRLWSSGSGATNF SLLKQAGDVEENPGPMLLLVTSLL LCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSA SLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQ QKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSR FSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATY FCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTS GSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPG LVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGV SWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTY YNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKM NSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSY AMDYWGQGTSVTVSSDLRNVTPP KVSLFEPSKAEIANKQKATLVCLA RGFFPDHVELSWWVNGKEVHSGV STDPQAYKESNYSYCLSSRLRVSA TFWHNPRNHFRCQVQFHGLSEED

[0696]

			KWPEGSPKPVTQNISAEAWGRAD CGITSASYQQGVLSATILYEILLGK ATLYAVLVSTLVVMAMVKRKNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV)	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK

[0697]

			GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
pLRPO FMC63 endoL TRBC1(126-177)	**221**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SGWGRADCGFTSVSYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSALVLMA MVKRKDF
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA

[0698]

		SCFV) vL wt vH	SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	222	[hs]TRBC1(126-177)	WGRADCGFTSVSYQQGVLSATILY EILLGKATLYAVLVSALVLMAMV KRKDF
pLRPO FMC63 SL TRBC1(131-177)	**223**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLECG FTSVSYQQGVLSATILYEILLGKAT LYAVLVSALVLMAMVKRKDF
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY

[0699]

			HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	224	[hs]TRBC1(131-177)	CGFTSVSYQQGVLSATILYEILLGK ATLYAVLVSALVLMAMVKRKDF
pLRPO FMC63 endoL TRBC1	**225**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SGVEDLNKVFPPEVAVFEPSEAEIS HTQKATLVCLATGFFPDHVELSW WVNGKEVHSGVSTDPQPLKEQPA LNDSRYCLSSRLRVSATFWQNPRN HFRCQVQFYGLSENDEWTQDRAK PVTQIVSAEAWGRADCGFTSVSYQ QGVLSATILYEILLGKATLYAVLVS ALVLMAMVKRKDF
	201	GM-CSFRa 신호	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP

[0700]

		펩티드	
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	226		VE
	227	[hs]TRBC1(2-177)	DLNKVFPPEVAVFEPSEAEISHTQK ATLVCLATGFFPDHVELSWWVNG KEVHSGVSTDPQPLKEQPALNDSR YCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQ VQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQI VSAEAWGRADCGFTSVSYQQGVL SATILYEILLGKATLYAVLVSALVL MAMVKRKDF
pLRPO V5-TRAC(94-140) T2A PuroR	228	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPGKPI PNPLLGLDSTGCDVKLVEKSFETD TNLNFQNLSVIGFRILLLKVAGFNL LMTLRLWSSGSGEGRGSLLTCGD VEENPGPMTEYKPTVRLATRDDVP RAVRTLAAAFADYPATRHTVDPD RHIERVTELQELFLTRVGLDIGKV WVADDGAAVAVWTTPESVEAGA VFAEIGPRMAELSGSRLAAQQQME GLLAPHRPKEPAWFLATVGVSPDH QGKGLGSAVVLPGVEAAERAGVP

[0701]

			AFLETSAPRNLPFYERLGFTVTAD VEVPEGPRTWCMTRKPGA
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	202	V5 Tag	GKPIPNPLLGLDST
	269	[hs]TRAC(94-140)	CDVKLVEKSFETDTNLNFQNLSVI GFRILLLKVAGFNLLMTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	229	PuroR	MTLRLWSSGSGEGRGSLLTCGDV EENPGPMTEYKPTVRLATRDDVPR AVRTLAAAFADYPATRHTVDPDR HIERVTELQELFLTRVGLDIGKVW VADDGAAVAVWTTPESVEAGAVF AEIGPRMAELSGSRLAAQQQMEG LLAPHRPKEPAWFLATVGVSPDHQ GKGLGSAVVLPGVEAAERAGVPA FLETSAPRNLPFYERLGFTVTADVE VPEGPRTWCMTRKPGA
pLRPO V5- TRAC(7-140) T2A PuroR	**230**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPGKPI PNPLLGLDSTGAVYQLRDSKSSDK SVCLFTDFDSQTNVSQSKDSDVYI TDKTVLDMRSMDFKSNSAVAWSN KSDFACANAFNNSIIPEDTFFPSPES SCDVKLVEKSFETDTNLNFQNLSV IGFRILLLKVAGFNLLMTLRLWSS GSGEGRGSLLTCGDVEENPGPMTE YKPTVRLATRDDVPRAVRTLAAA FADYPATRHTVDPDRHIERVTELQ ELFLTRVGLDIGKVWVADDGAAV AVWTTPESVEAGAVFAEIGPRMAE LSGSRLAAQQQMEGLLAPHRPKEP

[0702]

			AWFLATVGVSPDHQGKGLGSAVV LPGVEAAERAGVPAFLETSAPRNL PFYERLGFTVTADVEVPEGPRTWC MTRKPGA
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	202	V5 Tag	GKPIPNPLLGLDST
	270	[hs]TRAC(7-140)	AVYQLRDSKSSDKSVCLFTDFDSQ TNVSQSKDSDVYITDKTVLDMRS MDFKSNSAVAWSNKSDFACANAF NNSIIPEDTFFPSPESSCDVKLVEKS FETDTNLNFQNLSVIGFRILLLKVA GFNLLMTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	229	PuroR	MTLRLWSSGSGEGRGSLLTCGDV EENPGPMTEYKPTVRLATRDDVPR AVRTLAAAFADYPATRHTVDPDR HIERVTELQELFLTRVGLDIGKVW VADDGAAVAVWTTPESVEAGAVF AEIGPRMAELSGSRLAAQQQMEG LLAPHRPKEPAWFLATVGVSPDHQ GKGLGSAVVLPGVEAAERAGVPA FLETSAPRNLPFYERLGFTVTADVE VPEGPRTWCMTRKPGA
pLRPO FMC63 endoL TRBC1(126-177) T2AW trEGFR	**231**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV

[0703]

			SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SGWGRADCGFTSVSYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSALVLMA MVKRKDFGSGEGRGSLLTCGDVE ENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLL IPRKVCNGIGIGEFKDSLSINATNIK HFKNCTSISGDLHILPVAFRGDSFT HTPPLDPQELDILKTVKEITGFLLIQ AWPENRTDLHAFENLEIIRGRTKQ HGQFSLAVVSLNITSLGLRSLKEIS DGDVIISGNKNLCYANTINWKKLF GTSGQKTKIISNRGENSCKATGQV CHALCSPEGCWGPEPRDCVSCRN VSRGRECVDKCNLLEGEPREFVEN SECIQCHPECLPQAMNITCTGRGPD NCIQCAHYIDGPHCVKTCPAGVM GENNTLVWKYADAGHVCHLCHP NCTYGCTGPGLEGCPTNGPKIPSIA TGMVGALLLLLVVALGIGLFM
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW

[0704]

			LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	222	[hs]TRBC1(126-177)	WGRADCGFTSVSYQQGVLSATILY EILLGKATLYAVLVSALVLMAMV KRKDF
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	232	trEGFR	RKVCNGIGIGEFKDSLSINATNIKH FKNCTSISGDLHILPVAFRGDSFTH TPPLDPQELDILKTVKEITGFLLIQA WPENRTDLHAFENLEIIRGRTKQH GQFSLAVVSLNITSLGLRSLKEISD GDVIISGNKNLCYANTINWKKLFG TSGQKTKIISNRGENSCKATGQVC HALCSPEGCWGPEPRDCVSCRNVS RGRECVDKCNLLEGEPREFVENSE CIQCHPECLPQAMNITCTGRGPDN CIQCAHYIDGPHCVKTCPAGVMGE NNTLVWKYADAGHVCHLCHPNC TYGCTGPGLEGCPTNGPKIPSIATG MVGALLLLLVVALGIGLFM
pLRPO FMC63- TCR 베타 1 (37GRK)	**233**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV

[0705]

			SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLELG AGPVDSGVTQTPKHLITATGQRVT LRCSPRSGDLSVSWYQQSLDQGLQ FLIQYYNGEERAKGNILERFSAQQF PDLHSELNLSSLELGDSALYFCASS PRTGLNTEAFFGQGTRLTVVEDLN KVFPPEVAVFEPSEAEISHTQKATL VCLATGFFPDHVELSWWVNGKEV HSGVSTDPQPLKEQPALNDSRYCL SSRLRVSATFWQNPRNHFRCQVQF YGLSENDEWTQDRAKPVTQIVSAE AWGRADCGFTSVSYQQGVLSATIL YEILLGKATLYAVLVSALVLMAM VKRKDF
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS

[0706]

	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	234	[hs]TRB1(37GRK)	LGAGPVDSGVTQTPKHLITATGQR VTLRCSPRSGDLSVSWYQQSLDQG LQFLIQYYNGEERAKGNILERFSA QQFPDLHSELNLSSLELGDSALYFC ASSPRTGLNTEAFFGQGTRLTVVE DLNKVFPPEVAVFEPSEAEISHTQK ATLVCLATGFFPDHVELSWWVNG KEVHSGVSTDPQPLKEQPALNDSR YCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQ VQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQI VSAEAWGRADCGFTSVSYQQGVL SATILYEILLGKATLYAVLVSALVL MAMVKRKDF
pLRPO FMC63- HAP17(1-258)	**235**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEVN GENVEQHPSTLSVQEGDSAVIKCT YSDSASNYFPWYKQELGKRPQLII DIRSNVGEKKDQRIAVTLNKTAKH FSLHITETQPEDSAVYFCAASRKDS GGYQKVTFGTGTKLQVIPNIQNPD PAVYQLRDSKSSDKSVCLFTDFDS

[0707]

			QTNVSQSKDSDVYITDKTVLDMRS MDFKSNSAVAWSNKSDFACANAF NNSIIPEDTFFPSPESSCDVKLVEKS FETDTNLNFQNLSVIGFRILLLKVA GFNLLMTLRLWSS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	236	[hs]TRA HAP17(1-258)	VNGENVEQHPSTLSVQEGDSAVIK CTYSDSASNYFPWYKQELGKRPQ LIIDIRSNVGEKKDQRIAVTLNKTA KHFSLHITETQPEDSAVYFCAASR KDSGGYQKVTFGTGTKLQVIPNIQ NPDPAVYQLRDSKSSDKSVCLFTD FDSQTNVSQSKDSDVYITDKTVLD MRSMDFKSNSAVAWSNKSDFACA NAFNNSIIPEDTFFPSPESSCDVKLV EKSFETDTNLNFQNLSVIGFRILLL KVAGFNLLMTLRLWSS
pLRPO	**237**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ

[0708]

FMC63-HAP17(35-258)			MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEEKKDQRIAVTLNKTAKHFSLHITETQPEDSAVYFCAASRKDSGGYQKVTFGTGTKLQVIPNIQNPDPAVYQLRDSKSSDKSVCLFTDFDSQTNVSQSKDSDVYITDKTVLDMRSMDFKSNSAVAWSNKSDFACANAFNNSIIPEDTFFPSPESSCDVKLVEKSFETDTNLNFQNLSVIGFRILLLKVAGFNLLMTLRLWSS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA

[0709]

			KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	238	[hs]TRA HAP17(35-258)	EKKDQRIAVTLNKTAKHFSLHITE TQPEDSAVYFCAASRKDSGGYQK VTFGTGTKLQVIPNIQNPDPAVYQ LRDSKSSDKSVCLFTDFDSQTNVS QSKDSDVYITDKTVLDMRSMDFK SNSAVAWSNKSDFACANAFNNSII PEDTFFPSPESSCDVKLVEKSFETD TNLNFQNLSVIGFRILLLKVAGFNL LMTLRLWSS
pLRPO FMC63- HAP17(79-258)	**239**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEYQ KVTFGTGTKLQVIPNIQNPDPAVY QLRDSKSSDKSVCLFTDFDSQTNV SQSKDSDVYITDKTVLDMRSMDF KSNSAVAWSNKSDFACANAFNNSI IPEDTFFPSPESSCDVKLVEKSFETD TNLNFQNLSVIGFRILLLKVAGFNL LMTLRLWSS
	201	GM-CSFRa 신호	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP

[0710]

		펩티드	
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	240	[hs]TRA HAP17(102-258)	YQKVTFGTGTKLQVIPNIQNPDPA VYQLRDSKSSDKSVCLFTDFDSQT NVSQSKDSDVYITDKTVLDMRSM DFKSNSAVAWSNKSDFACANAFN NSIIPEDTFFPSPESSCDVKLVEKSF ETDTNLNFQNLSVIGFRILLLKVAG FNLLMTLRLWSS
pLRPC FMC63-TCR 베타 1 (CRISPR 저항성)	**241**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLELG

[0711]

			AGPVDSGVTQTPKHLITATGQRVT LRCSPRSGDLSVSWYQQSLDQGLQ FLIQYYNGEERAKGNILERFSAQQF PDLHSELNLSSLELGDSALYFCASS PRTGLNTEAFFGQGTRLTVVEDLN KVFPPEVAVFEPSEAEISHTQKATL VCLATGFFPDHVELSWWVNGKEV HSGVSTDPQPLKEQPALNDSRYCL SSRLRVSATFWQNPRNHFRCQVQF YGLSENDEWTQDRAKPVTQIVSAE AWGRADCGFTSVSYQQGVLSATIL YEILLGKATLYAVLVSALVLMAM VKRKDF
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	234	[hs]TRB1(37GRK)	LGAGPVDSGVTQTPKHLITATGQR VTLRCSPRSGDLSVSWYQQSLDQG LQFLIQYYNGEERAKGNILERFSA QQFPDLHSELNLSSLELGDSALYFC

[0712]

			ASSPRTGLNTEAFFGQGTRLTVVE DLNKVFPPEVAVFEPSEAEISHTQK ATLVCLATGFFPDHVELSWWVNG KEVHSGVSTDPQPLKEQPALNDSR YCLSSRLRVSATFWQNPRNHFRCQ VQFYGLSENDEWTQDRAKPVTQI VSAEAWGRADCGFTSVSYQQGVL SATILYEILLGKATLYAVLVSALVL MAMVKRKDF
pLRPO FMC63 TRDC T2AW FMC63op TRGC1	242	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQ PHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEF YPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPS GKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQH DNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPK ETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKV NMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFL LTAKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVE ENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLL IPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCR ASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLI YHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYS LTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYT

[0713]

			FGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGS TKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVT CTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGL EWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTII KDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIY YCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTS VTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGS LEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETK LQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQ EKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYM KFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHEN NKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKD NCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMY LLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFC CNGEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS

[0714]

			PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLKaUS FMC63 TRDC P2AW	**244**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT

[0715]

[0716]

FMC63op TRGC1			SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQ PHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEF YPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPS GKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQH DNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPK ETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKV NMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFL LTAKLFFLGSGATNFSLLKQAGDV EENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFL LIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISC RASQDISKYLNWYQQKPDGTVKL LIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDY SLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPY TFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEG STKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSV TCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKG LEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLT IIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIY YCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTS VTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGS LEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETK LQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQ EKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYM KFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHEN NKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKD

			NCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMY LLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFC CNGEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV)	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT

[0717]

			ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLRPC TRDC T2AW FMC63op TRGC1	**245**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPSQP HTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFY PKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSG KYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHD NKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKET ENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNM MSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLT AKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEEN PGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT

[0718]

			VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLED KQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQK AGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKK SNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK

[0719]

			GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLRPC FMC63 TRDC T2AW TRGC1	**246**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQ PHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEF YPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPS GKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQH DNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPK ETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKV

[0720]

			NMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFL LTAKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVE ENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLL IPDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKL QKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQE KKSNTILGSQEGNTMKTNDTYMK FSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHENN KNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDN CSKDANDTLLLQLTNTSAYYMYL LLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCC NGEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV

[0721]

			NFLLTAKLFFL
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLRPCU TRDC T2AW FMC63op TRGC1	247	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPSQP HTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFY PKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSG KYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHD NKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKET ENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNM MSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLT AKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEEN PGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV

[0722]

			SSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLED KQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQK AGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEKK SNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA

[0723]

			KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLRPC_TRDC P2AW FMC63op TRGC1	**248**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPSQP HTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFY PKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSG KYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHD NKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKET ENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNM MSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLT AKLFFLGSGATNFSLLKQAGDVEE NPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLI PDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCR ASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLI YHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYS LTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYT FGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGS TKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVT CTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGL EWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTII KDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIY YCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTS VTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGS LEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETK

[0724]

			LQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQ EKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYM KFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHEN NKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKD NCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMY LLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFC CNGEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS

[0725]

	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLRPCU TRDC P2AW FMC63op TRGC1	**249**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPSQP HTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFY PKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSG KYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHD NKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKET ENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNM MSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLT AKLFFLGSGATNFSLLKQAGDVEE NPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLI PDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCR ASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLI YHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYS LTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYT FGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGS TKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSVT CTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGL EWLGVIWGSETTYYNSALKSRLTII KDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIY YCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTS VTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGS LEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETK LQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQ EKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYM

[0726]

			KFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHEN NKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKD NCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMY LLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFC CNGEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ

[0727]

			KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLCUS FMC63 TRDC P2AW TRGC1	250	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQ PHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEF YPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPS GKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQH DNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPK ETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKV NMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFL LTAKLFFLGSGATNFSLLKQAGDV EENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFL LIPDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETK LQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQ EKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYM KFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHEN NKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKD NCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMY

[0728]

			LLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFC CNGEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK

[0729]

			NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLCUS FMC63 TRDC P2AW FMC63op TRGC1	**251**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQ PHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEF YPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPS GKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQH DNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPK ETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKV NMMSLTVLGLRMLFAKTVAVNFL LTAKLFFLGSGATNFSLLKQAGDV EENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFL LIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISC RASQDISKYLNWYQQKPDGTVKL LIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDY SLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPY TFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEG STKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSV TCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKG LEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLT IIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIY

[0730]

			YCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTS VTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGS LEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETK LQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQ EKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYM KFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHEN NKNGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKD NCSKDANDTLLLQLTNTSAYYMY LLLLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFC CNGEKS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL

[0731]

	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLRPC m971 TRDC T2AW m971op TRGC1	**252**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPQVQ LQQSGPGLVKPSQTLSLTCAISGDS VSSNSAAWNWIRQSPSRGLEWLG RTYYRSKWYNDYAVSVKSRITINP DTSKNQFSLQLNSVTPEDTAVYYC AREVTGDLEDAFDIWGQGTMVTV SSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGD RVTITCRASQTIWSYLNWYQQRPG

[0732]

			KAPNLLIYAASSLQSGVPSRFSGRG SGTDFTLTISSLQAEDFATYYCQQS YSIPQTFGQGTKLEIKAAAGGGGS GGGGSGGGGSLESQPHTKPSVFV MKNGTNVACLVKEFYPKDIRINLV SSKKITEFDPAIVISPSGKYNAVKL GKYEDSNSVTCSVQHDNKTVHST DFEVKTDSTDHVKPKETENTKQPS KSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTVL GLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFFLG SGEGRGSLLTCGDVEENPGPMLLL VTSLLLCELPHPAFLLIPQVQLQQS GPGLVKPSQTLSLTCAISGDSVSSN SAAWNWIRQSPSRGLEWLGRTYY RSKWYNDYAVSVKSRITINPDTSK NQFSLQLNSVTPEDTAVYYCAREV TGDLEDAFDIWGQGTMVTVSSGG GGSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTIT CRASQTIWSYLNWYQQRPGKAPN LLIYAASSLQSGVPSRFSGRGSGTD FTLTISSLQAEDFATYYCQQSYSIP QTFGQGTKLEIKAAAGGGGSGGG GSGGGGSLEDKQLDADVSPKPTIF LPSIAETKLQKAGTYLCLLEKFFPD VIKIHWQEKKSNTILGSQEGNTMK TNDTYMKFSWLTVPEKSLDKEHR CIVRHENNKNGVDQEIIFPPIKTDVI TMDPKDNCSKDANDTLLLQLTNT SAYYMYLLLLLKSVVYFAIITCCLL RRTAFCCNGEKS
	201	GM-CSFRa 신호	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP

[0733]

		펩티드	
	253	m971 vH G4S vL	QVQLQQSGPGLVKPSQTLSLTCAIS GDSVSSNSAAWNWIRQSPSRGLE WLGRTYYRSKWYNDYAVSVKSRI TINPDTSKNQFSLQLNSVTPEDTAV YYCAREVTGDLEDAFDIWGQGTM VTVSSGGGGSDIQMTQSPSSLSAS VGDRVTITCRASQTIWSYLNWYQ QRPGKAPNLLIYAASSLQSGVPSRF SGRGSGTDFTLTISSLQAEDFATYY CQQSYSIPQTFGQGTKLEIK
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	253	m971 vH G4S vL	QVQLQQSGPGLVKPSQTLSLTCAIS GDSVSSNSAAWNWIRQSPSRGLE WLGRTYYRSKWYNDYAVSVKSRI TINPDTSKNQFSLQLNSVTPEDTAV YYCAREVTGDLEDAFDIWGQGTM VTVSSGGGGSDIQMTQSPSSLSAS VGDRVTITCRASQTIWSYLNWYQ QRPGKAPNLLIYAASSLQSGVPSRF SGRGSGTDFTLTISSLQAEDFATYY

[0734]

			CQQSYSIPQTFGQGTKLEIK
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
pLRPS TCR γ9G115 T2A δ2c15	**254**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPAGH LEQPQISSTKTLSKTARLECVVSGI TISATSVYWYRERPGEVIQFLVSIS YDGTVRKESGIPSGKFEVDRIPETS TSTLTIHNVEKQDIATYYCALWEA QQELGKKIKVFGPGTKLIITDKQLD ADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTY LCLLEKFFPDVIKIHWEEKKSNTIL GSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVP EKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQ EIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDAN DTLLLQLTNTSAYYMYLLLLLKSV VYFAIITCCLLRRTAFCCNGEKSGS GEGRGSLLTCGDVEENPGPMQRIS SLIHLSLFWAGVMSAIELVPEHQT VPVSIGVPATLRCSMKGEAIGNYYI NWYRKTQGNTMTFIYREKDIYGP GFKDNFQGDIDIAKNLAVLKILAPS ERDEGSYYCACDALKRTDTDKLIF GKGTRVTVEPRSQPHTKPSVFVMK NGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSS KKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGK

[0735]

			YEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFE VKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSC HKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLR MLFAKTVAVNFLLTAKLFFL
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	255	TCRγ9G115	AGHLEQPQISSTKTLSKTARLECV VSGITISATSVYWYRERPGEVIQFL VSISYDGTVRKESGIPSGKFEVDRI PETSTSTLTIHNVEKQDIATYYCAL WEAQQELGKKIKVFGPGTKLIITD KQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQK AGTYLCLLEKFFPDVIKIHWEEKK SNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	256	TCRδ2c15	MQRISSLIHLSLFWAGVMSAIELVP EHQTVPVSIGVPATLRCSMKGEAI GNYYINWYRKTQGNTMTFIYREK DIYGPGFKDNFQGDIDIAKNLAVL KILAPSERDEGSYYCACDALKRTD TDKLIFGKGTRVTVEPRSQPHTKPS VFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRI NLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNA VKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTV HSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTK QPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLT

[0736]

			VLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFF L
pLRPS TCR γ9G115 T2A δ2c15 P2A FMC63ε	257	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPAGH LEQPQISSTKTLSKTARLECVVSGI TISATSVYWYRERPGEVIQFLVSIS YDGTVRKESGIPSGKFEVDRIPETS TSTLTIHNVEKQDIATYYCALWEA QQELGKKIKVFGPGTKLIITDKQLD ADVSPKPTIFLPSIAETKLQKAGTY LCLLEKFFPDVIKIHWEEKKSNTIL GSQEGNTMKTNDTYMKFSWLTVP EKSLDKEHRCIVRHENNKNGVDQ EIIFPPIKTDVITMDPKDNCSKDAN DTLLLQLTNTSAYYMYLLLLLKSV VYFAIITCCLLRRTAFCCNGEKSGS GEGRGSLLTCGDVEENPGPMQRIS SLIHLSLFWAGVMSAIELVPEHQT VPVSIGVPATLRCSMKGEAIGNYYI NWYRKTQGNTMTFIYREKDIYGP GFKDNFQGDIDIAKNLAVLKILAPS ERDEGSYYCACDALKRTDTDKLIF GKGTRVTVEPRSQPHTKPSVFVMK NGTNVACLVKEFYPKDIRINLVSS KKITEFDPAIVISPSGKYNAVKLGK YEDSNSVTCSVQHDNKTVHSTDFE VKTDSTDHVKPKETENTKQPSKSC HKPKAIVHTEKVNMMSLTVLGLR MLFAKTVAVNFLLTAKLFFLGSGA TNFSLLKQAGDVEENPGPMLLLVT SLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSS LSASLGDRVTISCRASQDISKYLN WYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSG VPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDI

[0737]

			ATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEIT GSTSGSGKPGSGEGSTKGEVKLQE SGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPD YGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGS ETTYYNSALKSRLTIIKDNSKSQVF LKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYG GSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAG GGGSGGGGSGGGGSLEDGNEEMG GITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGS EILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSDE DHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGS KPEDANFYLYLRARVCENCMEMD VMSVATIVIVDICITGGLLLLVYY WSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQ RGQNKERPPPVPNPDYEPIRKGQR DLYSGLNQRRI
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	255	TCRγ9G115	AGHLEQPQISSTKTLSKTARLECV VSGITISATSVYWYRERPGEVIQFL VSISYDGTVRKESGIPSGKFEVDRI PETSTSTLTIHNVEKQDIATYYCAL WEAQQELGKKIKVFGPGTKLIITD KQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQK AGTYLCLLEKFFPDVIKIHWEEKK SNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS

[0738]

	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	256	TCRδ2c15	MQRISSLIHLSLFWAGVMSAIELVP EHQTVPVSIGVPATLRCSMKGEAI GNYYINWYRKTQGNTMTFIYREK DIYGPGFKDNFQGDIDIAKNLAVL KILAPSERDEGSYYCACDALKRTD TDKLIFGKGTRVTVEPRSQPHTKPS VFVMKNGTNVACLVKEFYPKDIRI NLVSSKKITEFDPAIVISPSGKYNA VKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKTV HSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTK QPSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLT VLGLRMLFAKTVAVNFLLTAKLFF L
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) vL wt vH	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	258	성숙 CD3ε	DGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVIL TCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDED

[0739]

			DKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGY YVCYPRGSKPEDANFYLYLRARV CENCMEMDVMSVATIVIVDICITG GLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRG AGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDY EPIRKGQRDLYSGLNQRRI
pLKaUS mTRAC(82- 137) T2A mTRBC(123- 173) P2A MH1CD3ε	**259**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPATY PSSDVPCDATLTEKSFETDMNLNF QNLSVMGLRILLLKVAGFNLLMTL RLWSSGSGEGRGSLLTCGDVEENP GPGRADCGITSASYQQGVLSATIL YEILLGKATLYAVLVSTLVVMAM VKRKNSGSGATNFSLLKQAGDVE ENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLL IPEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSC AASGGDWSANFMYWYRQAPGKQ RELVARISGRGVVDYVESVKGRFT ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAV YYCAVASYWGQGTLVTVSSAAAG GGGSGGGGSGGGGSLEDGNEEMG GITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGS EILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSDE DHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGS KPEDANFYLYLRARVCENCMEMD VMSVATIVIVDICITGGLLLLVYY WSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQ RGQNKERPPPVPNPDYEPIRKGQR DLYSGLNQRRI
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	17	[mm]TRAC(82-137)	ATYPSSDVPCDATLTEKSFETDMN

[0740]

			LNFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLL MTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	18	[mm]TRBC1(123-173)	GRADCGITSASYQQGVLSATILYEI LLGKATLYAVLVSTLVVMAMVKR KNS
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	260	MH1 (항-메소텔린) vL wt vH	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAA SGGDWSANFMYWYRQAPGKQRE LVARISGRGVVDYVESVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVY YCAVASYWGQGTLVTV
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	258	성숙 CD3ε	DGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVIL TCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDED DKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGY YVCYPRGSKPEDANFYLYLRARV CENCMEMDVMSVATIVIVDICITG GLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRG AGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDY EPIRKGQRDLYSGLNQRRI
pLKaUS MH1mTRAC(2 -137) P2A MH1mTRBC(2 -173)	**261**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPEVQ LVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGG DWSANFMYWYRQAPGKQRELVA RISGRGVVDYVESVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCA VASYWGQGTLVTVSSIQNPEPAVY QLKDPRSQDSTLCLFTDFDSQINVP KTMESGTFITDKTVLDMKAMDSK

[0741]

			SNGAIAWSNQTSFTCQDIFKETNA TYPSSDVPCDATLTEKSFETDMNL NFQNLSVMGLRILLLKVAGFNLLM TLRLWSSGSGATNFSLLKQAGDVE ENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLL IPEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSC AASGGDWSANFMYWYRQAPGKQ RELVARISGRGVVDYVESVKGRFT ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAV YYCAVASYWGQGTLVTVSSDLRN VTPPKVSLFEPSKAEIANKQKATL VCLARGFFPDHVELSWWVNGKEV HSGVSTDPQAYKESNYSYCLSSRL RVSATFWHNPRNHFRCQVQFHGL SEEDKWPEGSPKPVTQNISAEAWG RADCGITSASYQQGVLSATILYEIL LGKATLYAVLVSTLVVMAMVKR KNS
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	260	MH1 vL wt vH	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAA SGGDWSANFMYWYRQAPGKQRE LVARISGRGVVDYVESVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVY YCAVASYWGQGTLVTV
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS

[0742]

	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	260	MH1	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAA SGGDWSANFMYWYRQAPGKQRE LVARISGRGVVDYVESVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVY YCAVASYWGQGTLVTV
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
pLKaUS mTRAC(2-137) T2A mTRBC(2-173) P2A MH1CD3ε	**262**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPIQNP EPAVYQLKDPRSQDSTLCLFTDFD SQINVPKTMESGTFITDKTVLDMK AMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQDIF KETNATYPSSDVPCDATLTEKSFE TDMNLNFQNLSVMGLRILLLKVA GFNLLMTLRLWSSGSGEGRGSLLT CGDVEENPGPMLLLVTSLLLCELP HPAFLLIPDLRNVTPPKVSLFEPSK AEIANKQKATLVCLARGFFPDHVE LSWWVNGKEVHSGVSTDPQAYKE SNYSYCLSSRLRVSATFWHNPRNH FRCQVQFHGLSEEDKWPEGSPKPV TQNISAEAWGRADCGITSASYQQG VLSATILYEILLGKATLYAVLVSTL

[0743]

			VVMAMVKRKNSGSGATNFSLLKQ AGDVEENPGPMLLLVTSLLLCELP HPAFLLIPEVQLVESGGGLVQPGG SLRLSCAASGGDWSANFMYWYR QAPGKQRELVARISGRGVVDYVES VKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR AEDTAVYYCAVASYWGQGTLVT VSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLE DGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVIL TCPQYPGSDILWQHNDKNIGGDED DKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGY YVCYPRGSKPEDANFYLYLRARV CENCMEMDVMSVATIVIVDICITG GLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRG AGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDY EPIRKGQRDLYSGLNQRRI
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	207	[mm]TRAC(2-137)	IQNPEPAVYQLKDPRSQDSTLCLFT DFDSQINVPKTMESGTFITDKTVLD MKAMDSKSNGAIAWSNQTSFTCQ DIFKETNATYPSSDVPCDATLTEKS FETDMNLNFQNLSVMGLRILLLKV AGFNLLMTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	209	[mm]TRBC1(2-173)	DLRNVTPPKVSLFEPSKAEIANKQ KATLVCLARGFFPDHVELSWWVN GKEVHSGVSTDPQAYKESNYSYC

[0744]

			LSSRLRVSATFWHNPRNHFRCQVQ FHGLSEEDKWPEGSPKPVTQNISA EAWGRADCGITSASYQQGVLSATI LYEILLGKATLYAVLVSTLVVMA MVKRKNS
	208	P2A	GSGATNFSLLKQAGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	260	MH1 vL wt vH	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAA SGGDWSANFMYWYRQAPGKQRE LVARISGRGVVDYVESVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVY YCAVASYWGQGTLVTV
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	258	성숙 CD3ε	DGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVIL TCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDED DKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGY YVCYPRGSKPEDANFYLYLRARV CENCMEMDVMSVATIVIVDICITG GLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRG AGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDY EPIRKGQRDLYSGLNQRRI
TRDC(1-153)-T2A-TRGC1(1-173)-T2A-FMC63-CD3e(1-185)	**263**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPSQP HTKPSVFVMKNGTNVACLVKEFY PKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSG KYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHD NKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPKET ENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKVNM MSLTVLGLRMLFAKTVAVNFLLT AKLFFLGSGEGRGSLLTCGDVEEN PGPMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP

[0745]

			DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKSGSGEGRGSLLTCGDVEENPG PMLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEDG NEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTC PQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDK NIGSDEDHLSLKEFSELEQSGYYV CYPRGSKPEDANFYLYLRARVCEN CMEMDVMSVATIVIVDICITGGLL LLVYYWSKNRKAKAKPVTRGAG AGGRQRGQNKERPPPVPNPDYEPI RKGQRDLYSGLNQRRI
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	243	[hs]TRDC(1-153)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVK

[0746]

			EFYPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVIS PSGKYNAVKLGKYEDSNSVTCSV QHDNKTVHSTDFEVKTDSTDHVK PKETENTKQPSKSCHKPKAIVHTE KVNMMSLTVLGLRMLFAKTVAV NFLLTAKLFFL
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	21	[hs]TRGC(1-173)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFPPIKTDVITMDPKDNC SKDANDTLLLQLTNTSAYYMYLL LLLKSVVYFAIITCCLLRRTAFCCN GEKS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) VHwtVL	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV

[0747]

			SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	258	성숙 CD3ε	DGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVIL TCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDED DKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGY YVCYPRGSKPEDANFYLYLRARV CENCMEMDVMSVATIVIVDICITG GLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRG AGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDY EPIRKGQRDLYSGLNQRRI
FMC63-TRDC(1-129)-TRAC(116-140)-T2A-FMC63-TRGC1(1-106)-TRBC1(145-177)	**264**	전장 서열	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQ MTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQ DISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHT SRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTIS NLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFGG GTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTKG EVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTV SGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWL GVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKDN SKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAK HYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVS SAAAGGGGSGGGGSGGGGSLESQ PHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEF YPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPS GKYNAVKLGKYEDSNSVTCSVQH DNKTVHSTDFEVKTDSTDHVKPK ETENTKQPSKSCHKPKAIVHTEKV NMMSLTVVIGFRILLLKVAGFNLL MTLRLWSSGSGEGRGSLLTCGDV EENPGPMLLLVTSLLLCELPHPAFL LIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISC RASQDISKYLNWYQQKPDGTVKL

[0748]

			LIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDY SLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPY TFGGGTKLEITGSTSGSGKPGSGEG STKGEVKLQESGPGLVAPSQSLSV TCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKG LEWLGVIWGSETTYYNSALKSRLT IIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIY YCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTS VTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGS LEDKQLDADVSPKPTIFLPSIAETK LQKAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQ EKKSNTILGSQEGNTMKTNDTYM KFSWLTVPEKSLDKEHRCIVRHEN NKNGVDQEIIFPTILYEILLGKATL YAVLVSALVLMAMVKRKDF
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) VHwtVL	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	265	[hs]TRDC(1-129)	SQPHTKPSVFVMKNGTNVACLVKEF YPKDIRINLVSSKKITEFDPAIVISPSGK

[0749]

			YNAVKLGKYEDSNSVTCSVQHDNKT VHSTDFEVKTDSTDHVKPKETENTKQ PSKSCHKPKAIVHTEKVNMMSLTV
	266	hTRAC(116-140)	VIGFRILLLKVAGFNLLMTLRLWSS
	203	T2A	GSGEGRGSLLTCGDVEENPGP
	201	GM-CSFRa 신호 펩티드	MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIP
	212	FMC63 (ANTI-CD19 SCFV) VHwtVL	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRA SQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIY HTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT ISNLEQEDIATYFCQQGNTLPYTFG GGTKLEITGSTSGSGKPGSGEGSTK GEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCT VSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEW LGVIWGSETTYYNSALKSRLTIIKD NSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCA KHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTV SS
	214	SL	AAAGGGGSGGGGSGGGGSLE
	267	[hs]TRGC(1-106)	DKQLDADVSPKPTIFLPSIAETKLQ KAGTYLCLLEKFFPDVIKIHWQEK KSNTILGSQEGNTMKTNDTYMKFS WLTVPEKSLDKEHRCIVRHENNK NGVDQEIIFP
	268	hTRBC(145-177)	TILYEILLGKATLYAVLVSALVLMAMV KRKDF

[0750]

[0751] **벡터 서열:**

[0752] pLRPO V5-mTRAC$_{(82-137)}$ T2A mTRBC$_{(123-173)}$ (서열 식별 번호:159)

[0753] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[0754] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[0755] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[0756] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[0757] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[0758] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[0759] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[0760] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[0761] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[0762] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[0763] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[0764] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[0765] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[0766] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[0767] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[0768] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[0769] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[0770] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[0771] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[0772] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[0773] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[0774] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[0775] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[0776] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[0777] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[0778] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[0779] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[0780] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[0781] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[0782] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[0783] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[0784] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[0785] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[0786] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[0787] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[0788] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[0789] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[0790] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[0791] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[0792] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[0793] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[0794] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[0795] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[0796] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[0797] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[0798] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[0799] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[0800] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[0801] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[0802] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[0803] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[0804] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[0805] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[0806] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[0807] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[0808] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[0809] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[0810] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[0811] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[0812] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[0813] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[0814] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[0815] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[0816] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[0817] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[0818] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[0819] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[0820] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[0821] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[0822] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[0823] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[0824] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[0825] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[0826] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[0827] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[0828] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[0829] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[0830] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[0831] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[0832] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[0833] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[0834] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[0835] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[0836] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[0837] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[0838] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[0839] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[0840] 5221 TCCTCCTGAT CCCAggtaag cctatcccta accctctcct cggtctcgat tctacgGGAG

[0841] 5281 CCACCTACCC CAGTTCAGAC GTTCCCTGTG ATGCCACGTT GACTGAGAAA AGCTTTGAAA

[0842] 5341 CAGATATGAA CCTAAACTTT CAAAACCTGT CAGTTATGGG ACTCCGAATC CTCCTGCTGA

[0843] 5401 AAGTAGCCGG ATTTAACCTG CTCATGACGC TGAGGCTGTG GTCCAGTGGC AGCGGCGAGG

[0844] 5461 GCAGAGGAAG TCTGCTAACA TGCGGTGACG TCGAGGAGAA TCCTGGACCT GGTCGAGCAG

[0845] 5521 ACTGTGGTAT TACCTCAGCA TCCTATCAAC AAGGAGTCTT GTCTGCCACC ATCCTCTATG

[0846] 5581 AGATCCTGCT AGGGAAAGCC ACCCTGTATG CTGTGCTTGT CAGTACACTG GTGGTGATGG

[0847] 5641 CTATGGTCAA AAGAAAGAAT TCATGAGATA TCGAGCATCT TACCGCCATT TATACCCATA

[0848] 5701 TTTGTTCTGT TTTTCTTGAT TTGGGTATAC ATTTAAATGT TAATAAAACA AAATGGTGGG

[0849] 5761 GCAATCATTT ACATTTTTAG GGATATGTAA TTACTAGTTC AGGTGTATTG CCACAAGACA

[0850] 5821 AACATGTTAA GAAACTTTCC CGTTATTTAC GCTCTGTTCC TGTTAATCAA CCTCTGGATT

[0851] 5881 ACAAAATTTG TGAAAGATTG ACTGATATTC TTAACTATGT TGCTCCTTTT ACGCTGTGTG

[0852] 5941 GATATGCTGC TTTATAGCCT CTGTATCTAG CTATTGCTTC CCGTACGGCT TTCGTTTTCT

[0853] 6001 CCTCCTTGTA TAAATCCTGG TTGCTGTCTC TTTTAGAGGA GTTGTGGCCC GTTGTCCGTC

[0854] 6061 AACGTGGCGT GGTGTGCTCT GTGTTTGCTG ACGCAACCCC CACTGGCTGG GGCATTGCCA

[0855] 6121 CCACCTGTCA ACTCCTTTCT GGGACTTTCG CTTTCCCCCT CCCGATCGCC ACGGCAGAAC

[0856] 6181 TCATCGCCGC CTGCCTTGCC CGCTGCTGGA CAGGGGCTAG GTTGCTGGGC ACTGATAATT

[0857] 6241 CCGTGGTGTT GTCAGTACTG GTACCTTTAA GACCAATGAC TTACAAGGCA GCTGTAGATC

[0858] 6301 TTAGCCACTT TTTAAAAGAA AAGGGGGGAC TGGAAGGGCT AATTCACTCC CAAAGAAGAC

[0859] 6361 AAGATCTGCT TTTTGCCTGT ACTGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC

[0860] 6421 TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTTC

[0861] 6481 AATGATCATA ATCAAGCCAT ATCACATCTG TAGAGGTTTA CTTGCTTTAA AAAACCTCCA

[0862] 6541 CACCTCCCCC TGAACCTGAA ACATAAAATG AATGCAATTG TTGTTGTTAA CTTGTTTATT

[0863] 6601 GCAGCTTATA ATGGTTACAA ATAAAGCAAT AGCATCACAA ATTTCACAAA TAAAGCATTT

[0864] 6661 TTTTCACTGC ATTCTAGTTG TGGTTTGTCC AAACTCATCA ATGTATCTTA TCATGTCTGG

[0865] 6721 ATCTGCGTCG ACACGAAGAG ACGACTGACT GACTGACTGG AAAGAGGAAG GGCTGGAAGA

[0866] 6781 GGAAGGAGCT TGATCCAGAT CCCGATCTCG ATCCAGATCC GGATCGCAGC TTGGCGTAAT

[0867] 6841 CATGGTCATA GCTGTTTCCT GTGTGAAATT GTTATCCGCT CACAATTCCA CACAACATAC

[0868] 6901 GAGCCGGAAG CATAAAGTGT AAAGCCTGGG GTGCCTAATG AGTGAGCTAA CTCACATTAA

[0869] 6961 TTGCGTTGCG CTCACTGCCC GCTTTCCAGT CGGGAAACCT GTCGTGCCAG CTGCATTAAT

[0870] 7021 GAATCGGCCA ACGCGCGGGG AGAGGCGGTT TGCGTATTGG GCGCTCTTCC GCTTCCTCGC

[0871] 7081 TCACTGACTC GCTGCGCTCG GTCGTTCGGC TGCGGCGAGC GGTATCAGCT CACTCAAAGG

[0872] 7141 CGGTAATACG GTTATCCACA GAATCAGGGG ATAACGCAGG AAAGAACATG TGAGCAAAAG

[0873] 7201 GCCAGCAAAA GGCCAGGAAC CGTAAAAAGG CCGCGTTGCT GGCGTTTTTC CATAGGCTCC

[0874] 7261 GCCCCCCTGA CGAGCATCAC AAAAATCGAC GCTCAAGTCA GAGGTGGCGA AACCCGACAG

[0875] 7321 GACTATAAAG ATACCAGGCG TTTCCCCCTG GAAGCTCCCT CGTGCGCTCT CCTGTTCCGA

[0876] 7381 CCCTGCCGCT TACCGGATAC CTGTCCGCCT TTCTCCCTTC GGGAAGCGTG GCGCTTTCTC

[0877] 7441 ATAGCTCACG CTGTAGGTAT CTCAGTTCGG TGTAGGTCGT TCGCTCCAAG CTGGGCTGTG

[0878] 7501 TGCACGAACC CCCCGTTCAG CCCGACCGCT GCGCCTTATC CGGTAACTAT CGTCTTGAGT

[0879] 7561 CCAACCCGGT AAGACACGAC TTATCGCCAC TGGCAGCAGC CACTGGTAAC AGGATTAGCA

[0880] 7621 GAGCGAGGTA TGTAGGCGGT GCTACAGAGT TCTTGAAGTG GTGGCCTAAC TACGGCTACA

[0881] 7681 CTAGAAGAAC AGTATTTGGT ATCTGCGCTC TGCTGAAGCC AGTTACCTTC GGAAAAAGAG

[0882] 7741 TTGGTAGCTC TTGATCCGGC AAACAAACCA CCGCTGGTAG CGGTGGTTTT TTTGTTTGCA

[0883] 7801 AGCAGCAGAT TACGCGCAGA AAAAAAGGAT CTCAAGAAGA TCCTTTGATC TTTTCTACGG

[0884] 7861 GGTCTGACGC TCAGTGGAAC GAAAACTCAC GTTAAGGGAT TTTGGTCATG AGATTATCAA

[0885] 7921 AAAGGATCTT CACCTAGATC CTTTTAAATT AAAAATGAAG TTTTAAATCA ATCTAAAGTA

[0886] 7981 TATATGAGTA AACTTGGTCT GACAGTTACC AATGCTTAAT CAGTGAGGCA CCTATCTCAG

[0887] 8041 CGATCTGTCT ATTTCGTTCA TCCATAGTTG CCTGACTCCC CGTCGTGTAG ATAACTACGA

[0888] 8101 TACGGGAGGG CTTACCATCT GGCCCCAGTG CTGCAATGAT ACCGCAGCTT GGGAAACCAT

[0889] 8161 AAGAGCTGAA GCCAGTTACC TTCGGAAAAA GAGTTGGTAG CTCTTGATCC GGCAAACAAA

[0890] 8221 CCACCGCTGG TAGCGGTGGT TTTTTTGTTT GCAAGCAGCA GATTACGCGC AGAAAAAAAG

[0891] 8281 GATCTCAAGA AGATCCTTTG ATCTTTTCTA CGGGGTCTGA CGCTCAGTGG AACGAAAACT

[0892] 8341 CACGTTAAGG GATTTTGGTC ATGAGCTTGC GCCGTCCCGT CAAGTCAGCG TAATGCTCTG

[0893] 8401 CCAGTGTTAC AA

[0894] pLRPO FMC63-mTRAC$_{(82-137)}$ T2A mTRBC$_{(123-173)}$ (서열 식별 번호:160)

[0895] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[0896] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[0897] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[0898] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[0899] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[0900] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[0901] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[0902] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[0903] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[0904] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[0905] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[0906] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[0907] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[0908] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[0909] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[0910] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[0911] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[0912] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[0913] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[0914] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[0915] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[0916] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[0917] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[0918] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[0919] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[0920] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[0921] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[0922] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[0923] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[0924] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[0925] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[0926] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[0927] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[0928] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[0929] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[0930] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[0931] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[0932] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[0933] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[0934] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[0935] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[0936] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[0937] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[0938] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[0939] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[0940] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[0941] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[0942] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[0943] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[0944] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[0945] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[0946] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[0947] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[0948] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[0949] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[0950] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[0951] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[0952] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[0953] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[0954] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[0955] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[0956] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[0957] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[0958] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[0959] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[0960] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[0961] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[0962] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[0963] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[0964] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[0965] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[0966] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[0967] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[0968] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[0969] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[0970] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[0971] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[0972] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[0973] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[0974] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[0975] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[0976] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[0977] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[0978] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[0979] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[0980] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[0981] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[0982] 5221 TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT GCCTCTCTGG

[0983] 5281 GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT TTAAATTGGT

[0984] 5341 ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA AGATTACACT

[0985] 5401 CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT CTCACCATTA

[0986] 5461 GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT ACGCTTCCGT

[0987] 5521 ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGAGG TGGAGGTTCT GGTGGAGGAG

[0988] 5581 GTTCAGGAGG TGGTGGAAGT GAGGTGAAAC TGCAGGAGTC AGGACCTGGC CTGGTGGCGC

[0989] 5641 CCTCACAGAG CCTGTCCGTC ACATGCACTG TCTCAGGGGT CTCATTACCC GACTATGGTG

[0990] 5701 TAAGCTGGAT TCGCCAGCCT CCACGAAAGG GTCTGGAGTG GCTGGGAGTA ATATGGGGTA

[0991] 5761 GTGAAACCAC ATACTATAAT TCAGCTCTCA AATCCAGACT GACCATCATC AAGGACAACT

[0992] 5821 CCAAGAGCCA AGTTTTCTTA AAAATGAACA GTCTGCAAAC TGATGACACA GCCATTTACT

[0993] 5881 ACTGTGCCAA ACATTATTAC TACGGTGGTA GCTATGCTAT GGACTACTGG GGTCAAGGAA

[0994] 5941 CCTCAGTCAC CGTCTCCTCA GGAGCCACCT ACCCCAGTTC AGACGTTCCC TGTGATGCCA

[0995] 6001 CGTTGACTGA GAAAAGCTTT GAAACAGATA TGAACCTAAA CTTTCAAAAC CTGTCAGTTA

[0996] 6061 TGGGACTCCG AATCCTCCTG CTGAAAGTAG CCGGATTTAA CCTGCTCATG ACGCTGAGGC

[0997] 6121 TGTGGTCCAG TGGCAGCGGC GAGGGCAGAG GAAGTCTGCT AACATGCGGT GACGTCGAGG

[0998] 6181 AGAATCCTGG ACCTGGTCGA GCAGACTGTG GTATTACCTC AGCATCCTAT CAACAAGGAG

[0999] 6241 TCTTGTCTGC CACCATCCTC TATGAGATCC TGCTAGGGAA AGCCACCCTG TATGCTGTGC

[1000] 6301 TTGTCAGTAC ACTGGTGGTG ATGGCTATGG TCAAAAGAAA GAATTCATGA GATATCGAGC

[1001] 6361 ATCTTACCGC CATTTATACC CATATTTGTT CTGTTTTTCT TGATTTGGGT ATACATTTAA

[1002] 6421 ATGTTAATAA AACAAAATGG TGGGGCAATC ATTTACATTT TTAGGGATAT GTAATTACTA

[1003] 6481 GTTCAGGTGT ATTGCCACAA GACAAACATG TTAAGAAACT TTCCCGTTAT TTACGCTCTG

[1004] 6541 TTCCTGTTAA TCAACCTCTG GATTACAAAA TTTGTGAAAG ATTGACTGAT ATTCTTAACT

[1005] 6601 ATGTTGCTCC TTTTACGCTG TGTGGATATG CTGCTTTATA GCCTCTGTAT CTAGCTATTG

[1006] 6661 CTTCCCGTAC GGCTTTCGTT TTCTCCTCCT TGTATAAATC CTGGTTGCTG TCTCTTTTAG

[1007] 6721 AGGAGTTGTG GCCCGTTGTC CGTCAACGTG GCGTGGTGTG CTCTGTGTTT GCTGACGCAA

[1008] 6781 CCCCCACTGG CTGGGGCATT GCCACCACCT GTCAACTCCT TTCTGGGACT TTCGCTTTCC

[1009] 6841 CCCTCCCGAT CGCCACGGCA GAACTCATCG CCGCCTGCCT TGCCCGCTGC TGGACAGGGG

[1010] 6901 CTAGGTTGCT GGGCACTGAT AATTCCGTGG TGTTGTCAGT ACTGGTACCT TTAAGACCAA

[1011] 6961 TGACTTACAA GGCAGCTGTA GATCTTAGCC ACTTTTTAAA AGAAAAGGGG GGACTGGAAG

[1012] 7021 GGCTAATTCA CTCCCAAAGA AGACAAGATC TGCTTTTTGC CTGTACTGGG TCTCTCTGGT

[1013] 7081 TAGACCAGAT CTGAGCCTGG GAGCTCTCTG GCTAACTAGG GAACCCACTG CTTAAGCCTC

[1014] 7141 AATAAAGCTT GCCTTGAGTG CTTCAATGAT CATAATCAAG CCATATCACA TCTGTAGAGG

[1015] 7201 TTTACTTGCT TTAAAAAACC TCCACACCTC CCCCTGAACC TGAAACATAA AATGAATGCA

[1016] 7261 ATTGTTGTTG TTAACTTGTT TATTGCAGCT TATAATGGTT ACAAATAAAG CAATAGCATC

[1017] 7321 ACAAATTTCA CAAATAAAGC ATTTTTTTCA CTGCATTCTA GTTGTGGTTT GTCCAAACTC

[1018] 7381 ATCAATGTAT CTTATCATGT CTGGATCTGC GTCGACACGA AGAGACGACT GACTGACTGA

[1019] 7441 CTGGAAAGAG GAAGGGCTGG AAGAGGAAGG AGCTTGATCC AGATCCCGAT CTCGATCCAG

[1020] 7501 ATCCGGATCG CAGCTTGGCG TAATCATGGT CATAGCTGTT TCCTGTGTGA AATTGTTATC

[1021] 7561 CGCTCACAAT TCCACACAAC ATACGAGCCG GAAGCATAAA GTGTAAAGCC TGGGGTGCCT

[1022] 7621 AATGAGTGAG CTAACTCACA TTAATTGCGT TGCGCTCACT GCCCGCTTTC CAGTCGGGAA

[1023] 7681 ACCTGTCGTG CCAGCTGCAT TAATGAATCG GCCAACGCGC GGGGAGAGGC GGTTTGCGTA

[1024] 7741 TTGGGCGCTC TTCCGCTTCC TCGCTCACTG ACTCGCTGCG CTCGGTCGTT CGGCTGCGGC

[1025] 7801 GAGCGGTATC AGCTCACTCA AAGGCGGTAA TACGGTTATC CACAGAATCA GGGGATAACG

[1026] 7861 CAGGAAAGAA CATGTGAGCA AAAGGCCAGC AAAAGGCCAG GAACCGTAAA AAGGCCGCGT

[1027] 7921 TGCTGGCGTT TTTCCATAGG CTCCGCCCCC CTGACGAGCA TCACAAAAAT CGACGCTCAA

[1028] 7981 GTCAGAGGTG GCGAAACCCG ACAGGACTAT AAAGATACCA GGCGTTTCCC CCTGGAAGCT

[1029] 8041 CCCTCGTGCG CTCTCCTGTT CCGACCCTGC CGCTTACCGG ATACCTGTCC GCCTTTCTCC

[1030] 8101 CTTCGGGAAG CGTGGCGCTT TCTCATAGCT CACGCTGTAG GTATCTCAGT TCGGTGTAGG

[1031] 8161 TCGTTCGCTC CAAGCTGGGC TGTGTGCACG AACCCCCCGT TCAGCCCGAC CGCTGCGCCT

[1032] 8221 TATCCGGTAA CTATCGTCTT GAGTCCAACC CGGTAAGACA CGACTTATCG CCACTGGCAG

[1033] 8281 CAGCCACTGG TAACAGGATT AGCAGAGCGA GGTATGTAGG CGGTGCTACA GAGTTCTTGA

[1034] 8341 AGTGGTGGCC TAACTACGGC TACACTAGAA GAACAGTATT TGGTATCTGC GCTCTGCTGA

[1035] 8401 AGCCAGTTAC CTTCGGAAAA AGAGTTGGTA GCTCTTGATC CGGCAAACAA ACCACCGCTG

[1036] 8461 GTAGCGGTGG TTTTTTTGTT TGCAAGCAGC AGATTACGCG CAGAAAAAAA GGATCTCAAG

[1037] 8521 AAGATCCTTT GATCTTTTCT ACGGGGTCTG ACGCTCAGTG GAACGAAAAC TCACGTTAAG

[1038] 8581 GGATTTTGGT CATGAGATTA TCAAAAAGGA TCTTCACCTA GATCCTTTTA AATTAAAAAT

[1039] 8641 GAAGTTTTAA ATCAATCTAA AGTATATATG AGTAAACTTG GTCTGACAGT TACCAATGCT

[1040] 8701 TAATCAGTGA GGCACCTATC TCAGCGATCT GTCTATTTCG TTCATCCATA GTTGCCTGAC

[1041] 8761 TCCCCGTCGT GTAGATAACT ACGATACGGG AGGGCTTACC ATCTGGCCCC AGTGCTGCAA

[1042] 8821 TGATACCGCA GCTTGGGAAA CCATAAGAGC TGAAGCCAGT TACCTTCGGA AAAAGAGTTG

[1043] 8881 GTAGCTCTTG ATCCGGCAAA CAAACCACCG CTGGTAGCGG TGGTTTTTTT GTTTGCAAGC

[1044] 8941 AGCAGATTAC GCGCAGAAAA AAAGGATCTC AAGAAGATCC TTTGATCTTT TCTACGGGGT

[1045] 9001 CTGACGCTCA GTGGAACGAA AACTCACGTT AAGGGATTTT GGTCATGAGC TTGCGCCGTC

[1046] 9061 CCGTCAAGTC AGCGTAATGC TCTGCCAGTG TTACAA

[1047] pLRPO FMC63mTRAC_P2A_Mtrbc (서열 식별 번호:161)

[1048] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[1049] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[1050] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[1051] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[1052] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[1053] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGCGTAATCA

[1054] 361 TGGTCATAGC TGTTTCCTGT GTGAAATTGT TATCCGCTCA CAATTCCACA CAACATACGA

[1055] 421 GCCGGAAGCA TAAAGTGTAA AGCCTGGGGT GCCTAATGAG TGAGCTAACT CACATTAATT

[1056] 481 GCGTTGCGCT CACTGCCCGC TTTCCAGTCG GGAAACCTGT CGTGCCAGCT GCATTAATGA

[1057] 541 ATCGGCCAAC GCGCGGGGAG AGGCGGTTTG CGTATTGGGC GCTCTTCCGC TTCCTCGCTC

[1058] 601 ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA CTCAAAGGCG

[1059] 661 GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG AGCAAAAGGC

[1060] 721 CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA TAGGCTCCGC

[1061] 781 CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA CCCGACAGGA

[1062] 841 CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC TGTTCCGACC

[1063] 901 CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC GCTTTCTCAT

[1064] 961 AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT GGGCTGTGTG

[1065] 1021 CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG TCTTGAGTCC

[1066] 1081 AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG GATTAGCAGA

[1067] 1141 GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA CGGCTACACT

[1068] 1201 AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG AAAAAGAGTT

[1069] 1261 GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG

[1070] 1321 CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT TTCTACGGGG

[1071] 1381 TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG ATTATCAAAA

[1072] 1441 AGGATCTTCA CCTAGATCCT TTTAAATTAA AAATGAAGTT TTAAATCAAT CTAAAGTATA

[1073] 1501 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[1074] 1561 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTGTAGAT AACTACGATA

[1075] 1621 CGGGAGGGCT TACCATCTGG CCCCAGTGCT GCAATGATAC CGCAGCTTGG GAAACCATAA

[1076] 1681 GAGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC

[1077] 1741 ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT TTTTGTTTGC AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA

[1078] 1801 TCTCAAGAAG ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAACTCA

[1079] 1861 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGCTTGCGC CGTCCCGTCA AGTCAGCGTA ATGCTCTGCC

[1080] 1921 AGTGTTACAA CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT

[1081] 1981 GCAATTTATT CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG

[1082] 2041 AAGGAGAAAA CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA

[1083] 2101 TTCCGACTCG TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT

[1084] 2161 CAAGTGAGAA ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA

[1085] 2221 TTTCTTTCCA GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT

[1086] 2281 CAACCAAACC GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT

[1087] 2341 TAAAAGGACA ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT

[1088] 2401 CAACAATATT TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG

[1089] 2461 GGATCGCAGT GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG

[1090] 2521 GAAGAGGCAT AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG

[1091] 2581 CAACGCTACC TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC

[1092] 2641 GATAGATTGT CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT

[1093] 2701 CAGCATCCAT GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA

[1094] 2761 CACCCCTTGT ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT

[1095] 2821 TATCTTGTGC AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC

[1096] 2881 CATGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC

[1097] 2941 GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC

[1098] 3001 TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA

[1099] 3061 CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG

[1100] 3121 AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG

[1101] 3181 AAAGCGAAAG GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC

[1102] 3241 ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA

[1103] 3301 TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC

[1104] 3361 CATTCAGGCT GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC

[1105] 3421 AGCTGGCGAA AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC

[1106] 3481 AGTCACGACG TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA

[1107] 3541 TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG

[1108] 3601 TCTCAACCTC CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG

[1109] 3661 TCATTAGTTC ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG

[1110] 3721 CCTGGCTGAC CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA

[1111] 3781 GTAACGCCAA TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC

[1112] 3841 CACTTGGCAG TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC

[1113] 3901 GGTAAATGGC CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG

[1114] 3961 CAGTACATCT ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC

[1115] 4021 AATGGGCGTG GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC

[1116] 4081 AATGGGAGTT TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC

[1117] 4141 GCCCCATTGA CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT

[1118] 4201 CGTTTAGTGA ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA

[1119] 4261 ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG

[1120] 4321 TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG

[1121] 4381 GAAAATCTCT AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG

[1122] 4441 ATCTCTCGAC GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA

[1123] 4501 CTGGTGAGTA CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG

[1124] 4561 AGCGTCGGTA TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG

[1125] 4621 GGGAAAGAAA CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT

[1126] 4681 CGCAGTTAAT CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT

[1127] 4741 ACAACCATCC CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT

[1128] 4801 CCTCTATTGT GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT

[1129] 4861 AGAGGAAGAG CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCAGACCTGGAGG

[1130] 4921 AGGCAGGAGG CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA

[1131] 4981 AAATTGAACC ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA

[1132] 5041 AAAGAGCAGT GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA

[1133] 5101 TGGGCGCAGC GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC

[1134] 5161 AGCAGCAGAA CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG

[1135] 5221 TCTGGGGCAT CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC

[1136] 5281 AACAGCTCCT GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT

[1137] 5341 GGAATGCTAG TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG

[1138] 5401 AGTGGGACAG AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC

[1139] 5461 AAAACCAGCA AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT

[1140] 5521 GGAATTGGTT TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG

[1141] 5581 GAGGCTTGGT AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC

[1142] 5641 AGGGATATTC ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC

[1143] 5701 AAATGGCAGT ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG

[1144] 5761 GGGAAAGAAT AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA

[1145] 5821 TTACAAAAAT TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG

[1146] 5881 CTGAGCATCC GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA

[1147] 5941 GAAGTTGGGG GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA

[1148] 6001 CTGGGAAAGT GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA

[1149] 6061 TATAAGTGCA GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA

[1150] 6121 GGTAAGTGCC GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT

[1151] 6181 GCCTTGAATT ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG

[1152] 6241 TTGGAAGTGG GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT

[1153] 6301 GAGTTGAGGC CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG

[1154] 6361 CCTGTCTCGC TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA

[1155] 6421 CGCTTTTTTT CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT

[1156] 6481 CGGTTTTTGG GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA

[1157] 6541 GGCGGGGCCT GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC

[1158] 6601 CTGCTCTGGT GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG

[1159] 6661 CCCGGTCGGC ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA

[1160] 6721 GCTCAAAATG GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA

[1161] 6781 AAAGGGCCTT TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT

[1162] 6841 CCAGGCACCT CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG

[1163] 6901 GGTTTTATGC GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT

[1164] 6961 GGCACTTGAT GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC

[1165] 7021 TCAAGCCTCA GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC

[1166] 7081 CCCTCAGAGC CGCCACCATG CTTCTCCTGG TGACAAGCCT TCTGCTCTGT GAGTTACCAC

[1167] 7141 ACCCAGCATT CCTCCTGATC CCAGACATCC AGATGACACA GACTACATCC TCCCTGTCTG

[1168] 7201 CCTCTCTGGG AGACAGAGTC ACCATCAGTT GCAGGGCAAG TCAGGACATT AGTAAATATT

[1169] 7261 TAAATTGGTA TCAGCAGAAA CCAGATGGAA CTGTTAAACT CCTGATCTAC CATACATCAA

[1170] 7321 GATTACACTC AGGAGTCCCA TCAAGGTTCA GTGGCAGTGG GTCTGGAACA GATTATTCTC

[1171] 7381 TCACCATTAG CAACCTGGAG CAAGAAGATA TTGCCACTTA CTTTTGCCAA CAGGGTAATA

[1172] 7441 CGCTTCCGTA CACGTTCGGA GGGGGGACTA AGTTGGAAAT AACAGGAGGT GGAGGTTCTG

[1173] 7501 GTGGAGGAGG TTCAGGAGGT GGTGGAAGTG AGGTGAAACT GCAGGAGTCA GGACCTGGCC

[1174] 7561 TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA CATGCACTGT CTCAGGGGTC TCATTACCCG

[1175] 7621 ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC CACGAAAGGG TCTGGAGTGG CTGGGAGTAA

[1176] 7681 TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT CAGCTCTCAA ATCCAGACTG ACCATCATCA

[1177] 7741 AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA AAATGAACAG TCTGCAAACT GATGACACAG

[1178] 7801 CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT ACGGTGGTAG CTATGCTATG GACTACTGGG

[1179] 7861 GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG GAATTCAGAA CCCTGAGCCT GCCGTGTACC

[1180] 7921 AGCTGAAGGA CCCTAGAAGC CAGGACAGCA CCCTGTGCCT GTTCACCGAC TTCGACAGCC

[1181] 7981 AGATCAACGT GCCCAAGACC ATGGAAAGCG GCACCTTCAT CACCGATAAG ACTGTGCTGG

[1182] 8041 ACATGAAGGC CATGGACAGC AAGAGCAACG GCGCCATTGC NTGGTCCAAT CAGACCAGCT

[1183] 8101 TTACCTGCCA AGACATCTTC AAAGAGACAA ACGCCACCTA CCCCAGTTCA GACGTTCCCT

[1184] 8161 GTGATGCCAC GTTGACTGAG AAAAGCTTTG AAACAGATAT GAACCTAAAC TTTCAAAACC

[1185] 8221 TGTCAGTTAT GGGACTCCGA ATCCTCCTGC TGAAAGTAGC CGGATTTAAC CTGCTCATGA

[1186] 8281 CGCTGAGGCT GTGGTCCAGT GGCAGCGGCG CTACTAACTT CAGCCTGCTG AAGCAGGCTG

[1187] 8341 GAGACGTGGA GGAGAACCCT GGACCTGATC TGAGAAATGT GACTCCACCC AAGGTCTCCT

[1188] 8401 TGTTTGAGCC ATCAAAAGCA GAGATTGCAA ACAAACAAAA GGCTACCCTC GTGTGCTTGG

[1189] 8461 CCAGGGGCTT CTTCCCTGAC CACGTGGAGC TGAGCTGGTG GGTGAATGGC AAGGAGGTCC

[1190] 8521 ACAGTGGGGT CAGCACGGAC CCTCAGGCCT ACAAGGAGAG CAATTATAGC TACTGCCTGA

[1191] 8581 GCAGCCGCCT GAGGGTCTCT GCTACCTTCT GGCACAATCC TCGCAACCAC TTCCGCTGCC

[1192] 8641 AAGTGCAGTT CCATGGGCTT TCAGAGGAGG ACAAGTGGCC AGAGGGCTCA CCCAAACCTG

[1193] 8701 TCACACAGAA CATCAGTGCA GAGGCCTGGG GTCGAGCAGA CTGTGGTATT ACCTCAGCAT

[1194] 8761 CCTATCAACA AGGAGTCTTG TCTGCCACCA TCCTCTATGA GATCCTGCTA GGGAAAGCCA

[1195] 8821 CCCTGTATGC TGTGCTTGTC AGTACACTGG TGGTGATGGC TATGGTCAAA AGAAAGAATT

[1196] 8881 CATGAGATAT CGAGCATCTT ACCGCCATTT ATACCCATAT TTGTTCTGTT TTTCTTGATT

[1197] 8941 TGGGTATACA TTTAAATGTT AATAAAACAA AATGGTGGGG CAATCATTTA CATTTTTAGG

[1198] 9001 GATATGTAAT TACTAGTTCA GGTGTATTGC CACAAGACAA ACATGTTAAG AAACTTTCCC

[1199] 9061 GTTATTTACG CTCTGTTCCT GTTAATCAAC CTCTGGATTA CAAAATTTGT GAAAGATTGA

[1200] 9121 CTGATATTCT TAACTATGTT GCTCCTTTTA CGCTGTGTGG ATATGCTGCT TTATAGCCTC

[1201] 9181 TGTATCTAGC TATTGCTTCC CGTACGGCTT TCGTTTTCTC CTCCTTGTAT AAATCCTGGT

[1202] 9241 TGCTGTCTCT TTTAGAGGAG TTGTGGCCCG TTGTCCGTCA ACGTGGCGTG GTGTGCTCTG

[1203] 9301 TGTTTGCTGA CGCAACCCCC ACTGGCTGGG GCATTGCCAC CACCTGTCAA CTCCTTTCTG

[1204] 9361 GGACTTTCGC TTTCCCCCTC CCGATCGCCA CGGCAGAACT CATCGCCGCC TGCCTTGCCC

[1205] 9421 GCTGCTGGAC AGGGGCTAGG TTGCTGGGCA CTGATAATTC CGTGGTGTTG TCAGTACTGG

[1206] 9481 TACCTTTAAG ACCAATGACT TACAAGGCAG CTGTAGATCT TAGCCACTTT TTAAAAGAAA

[1207] 9541 AGGGGGGACT GGAAGGGCTA ATTCACTCCC AAAGAAGACA AGATCTGCTT TTTGCCTGTA

[1208] 9601 CTGGGTCTCT CTGGTTAGAC CAGATCTGAG CCTGGGAGCT CTCTGGCTAA CTAGGGAACC

[1209] 9661 CACTGCTTAA GCCTCAATAA AGCTTGCCTT GAGTGCTTCA A

[1210] pLRPO Jet_FMC63mTRAC_T2A_mTRBC (서열 식별 번호:162)

[1211] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[1212] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[1213] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[1214] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[1215] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[1216] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGCGTAATCA

[1217] 361 TGGTCATAGC TGTTTCCTGT GTGAAATTGT TATCCGCTCA CAATTCCACA CAACATACGA

[1218] 421 GCCGGAAGCA TAAAGTGTAA AGCCTGGGGT GCCTAATGAG TGAGCTAACT CACATTAATT

[1219] 481 GCGTTGCGCT CACTGCCCGC TTTCCAGTCG GGAAACCTGT CGTGCCAGCT GCATTAATGA

[1220] 541 ATCGGCCAAC GCGCGGGGAG AGGCGGTTTG CGTATTGGGC GCTCTTCCGC TTCCTCGCTC

[1221] 601 ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA CTCAAAGGCG

[1222] 661 GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG AGCAAAAGGC

[1223] 721 CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA TAGGCTCCGC

[1224] 781 CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA CCCGACAGGA

[1225] 841 CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC TGTTCCGACC

[1226] 901 CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC GCTTTCTCAT

[1227] 961 AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT GGGCTGTGTG

[1228] 1021 CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG TCTTGAGTCC

[1229] 1081 AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG GATTAGCAGA

[1230] 1141 GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA CGGCTACACT

[1231] 1201 AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG AAAAAGAGTT

[1232] 1261 GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG

[1233] 1321 CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT TTCTACGGGG

[1234] 1381 TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG ATTATCAAAA

[1235] 1441 AGGATCTTCA CCTAGATCCT TTTAAATTAA AAATGAAGTT TTAAATCAAT CTAAAGTATA

[1236] 1501 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[1237] 1561 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTGTAGAT AACTACGATA

[1238] 1621 CGGGAGGGCT TACCATCTGG CCCCAGTGCT GCAATGATAC CGCAGCTTGG GAAACCATAA

[1239] 1681 GAGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC

[1240] 1741 ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT TTTTGTTTGC AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA

[1241] 1801 TCTCAAGAAG ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAACTCA

[1242] 1861 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGCTTGCGC CGTCCCGTCA AGTCAGCGTA ATGCTCTGCC

[1243] 1921 AGTGTTACAA CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT

[1244] 1981 GCAATTTATT CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG

[1245] 2041 AAGGAGAAAA CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA

[1246] 2101 TTCCGACTCG TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT

[1247] 2161 CAAGTGAGAA ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA

[1248] 2221 TTTCTTTCCA GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT

[1249] 2281 CAACCAAACC GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT

[1250] 2341 TAAAAGGACA ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT

[1251] 2401 CAACAATATT TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG

[1252] 2461 GGATCGCAGT GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG

[1253] 2521 GAAGAGGCAT AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG

[1254] 2581 CAACGCTACC TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC

[1255] 2641 GATAGATTGT CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT

[1256] 2701 CAGCATCCAT GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA

[1257] 2761 CACCCCTTGT ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT

[1258] 2821 TATCTTGTGC AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC

[1259] 2881 CATGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC

[1260] 2941 GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC

[1261] 3001 TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA

[1262] 3061 CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG

[1263] 3121 AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG

[1264] 3181 AAAGCGAAAG GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC

[1265] 3241 ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA

[1266] 3301 TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC

[1267] 3361 CATTCAGGCT GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC

[1268] 3421 AGCTGGCGAA AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC

[1269] 3481 AGTCACGACG TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA

[1270] 3541 TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG

[1271] 3601 TCTCAACCTC CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG

[1272] 3661 TCATTAGTTC ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG

[1273] 3721 CCTGGCTGAC CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA

[1274] 3781 GTAACGCCAA TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC

[1275] 3841 CACTTGGCAG TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC

[1276] 3901 GGTAAATGGC CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG

[1277] 3961 CAGTACATCT ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC

[1278] 4021 AATGGGCGTG GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC

[1279] 4081 AATGGGAGTT TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC

[1280] 4141 GCCCCATTGA CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT

[1281] 4201 CGTTTAGTGA ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA

[1282] 4261 ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG

[1283] 4321 TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG

[1284] 4381 GAAAATCTCT AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG

[1285] 4441 ATCTCTCGAC GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA

[1286] 4501 CTGGTGAGTA CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG

[1287] 4561 AGCGTCGGTA TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG

[1288] 4621 GGGAAAGAAA CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT

[1289] 4681 CGCAGTTAAT CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT

[1290] 4741 ACAACCATCC CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT

[1291] 4801 CCTCTATTGT GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT

[1292] 4861 AGAGGAAGAG CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCAGACCTGGAGG

[1293] 4921 AGGCAGGAGG CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA

[1294] 4981 AAATTGAACC ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA

[1295] 5041 AAAGAGCAGT GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA

[1296] 5101 TGGGCGCAGC GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC

[1297] 5161 AGCAGCAGAA CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG

[1298] 5221 TCTGGGGCAT CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC

[1299] 5281 AACAGCTCCT GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT

[1300] 5341 GGAATGCTAG TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG

[1301] 5401 AGTGGGACAG AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC

[1302] 5461 AAAACCAGCA AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT

[1303] 5521 GGAATTGGTT TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG

[1304] 5581 GAGGCTTGGT AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC

[1305] 5641 AGGGATATTC ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC

[1306] 5701 AAATGGCAGT ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG

[1307] 5761 GGGAAAGAAT AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA

[1308] 5821 TTACAAAAAT TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG

[1309] 5881 CTGAGCTAGC GGGCGGAGTT AGGGCGGAGC CAATCAGCGT GCGCCGTTCC GAAAGTTGCC

[1310] 5941 TTTTATGGCT GGGCGGAGAA TGGGCGGTGA ACGCCGATGA TTATATAAGG ACGCGCCGGG

[1311] 6001 TGTGGCACAG CTAGTTCCGT CGCAGCCGGG ATTTGGGTCG CGGTTCTTGT TTGTTCAGAG

[1312] 6061 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[1313] 6121 TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT GCCTCTCTGG

[1314] 6181 GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT TTAAATTGGT

[1315] 6241 ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA AGATTACACT

[1316] 6301 CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT CTCACCATTA

[1317] 6361 GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT ACGCTTCCGT

[1318] 6421 ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGAGG TGGAGGTTCT GGTGGAGGAG

[1319] 6481 GTTCAGGAGG TGGTGGAAGT GAGGTGAAAC TGCAGGAGTC AGGACCTGGC CTGGTGGCGC

[1320] 6541 CCTCACAGAG CCTGTCCGTC ACATGCACTG TCTCAGGGGT CTCATTACCC GACTATGGTG

[1321] 6601 TAAGCTGGAT TCGCCAGCCT CCACGAAAGG GTCTGGAGTG GCTGGGAGTA ATATGGGGTA

[1322] 6661 GTGAAACCAC ATACTATAAT TCAGCTCTCA AATCCAGACT GACCATCATC AAGGACAACT

[1323] 6721 CCAAGAGCCA AGTTTTCTTA AAAATGAACA GTCTGCAAAC TGATGACACA GCCATTTACT

[1324] 6781 ACTGTGCCAA ACATTATTAC TACGGTGGTA GCTATGCTAT GGACTACTGG GGTCAAGGAA

[1325] 6841 CCTCAGTCAC CGTCTCCTCA GGAATTCAGA ACCCTGAGCC TGCCGTGTAC CAGCTGAAGG

[1326] 6901 ACCCTAGAAG CCAGGACAGC ACCCTGTGCC TGTTCACCGA CTTCGACAGC CAGATCAACG

[1327] 6961 TGCCCAAGAC CATGGAAAGC GGCACCTTCA TCACCGATAA GACTGTGCTG GACATGAAGG

[1328] 7021 CCATGGACAG CAAGAGCAAC GGCGCCATTG CNTGGTCCAA TCAGACCAGC TTTACCTGCC

[1329] 7081 AAGACATCTT CAAAGAGACA AACGCCACCT ACCCCAGTTC AGACGTTCCC TGTGATGCCA

[1330] 7141 CGTTGACTGA GAAAAGCTTT GAAACAGATA TGAACCTAAA CTTTCAAAAC CTGTCAGTTA

[1331] 7201 TGGGACTCCG AATCCTCCTG CTGAAAGTAG CCGGATTTAA CCTGCTCATG ACGCTGAGGC

[1332] 7261 TGTGGTCCAG TGGCAGCGGC GAGGGCAGAG GAAGTCTGCT AACATGCGGT GACGTCGAGG

[1333] 7321 AGAATCCTGG ACCTGATCTG AGAAATGTGA CTCCACCCAA GGTCTCCTTG TTTGAGCCAT

[1334] 7381 CAAAAGCAGA GATTGCAAAC AAACAAAAGG CTACCCTCGT GTGCTTGGCC AGGGGCTTCT

[1335] 7441 TCCCTGACCA CGTGGAGCTG AGCTGGTGGG TGAATGGCAA GGAGGTCCAC AGTGGGGTCA

[1336] 7501 GCACGGACCC TCAGGCCTAC AAGGAGAGCA ATTATAGCTA CTGCCTGAGC AGCCGCCTGA

[1337] 7561 GGGTCTCTGC TACCTTCTGG CACAATCCTC GCAACCACTT CCGCTGCCAA GTGCAGTTCC

[1338] 7621 ATGGGCTTTC AGAGGAGGAC AAGTGGCCAG AGGGCTCACC CAAACCTGTC ACACAGAACA

[1339] 7681 TCAGTGCAGA GGCCTGGGGT CGAGCAGACT GTGGTATTAC CTCAGCATCC TATCAACAAG

[1340] 7741 GAGTCTTGTC TGCCACCATC CTCTATGAGA TCCTGCTAGG GAAAGCCACC CTGTATGCTG

[1341] 7801 TGCTTGTCAG TACACTGGTG GTGATGGCTA TGGTCAAAAG AAAGAATTCA TGAGATATCG

[1342] 7861 AGCATCTTAC CGCCATTTAT ACCCATATTT GTTCTGTTTT TCTTGATTTG GGTATACATT

[1343] 7921 TAAATGTTAA TAAAACAAAA TGGTGGGGCA ATCATTTACA TTTTTAGGGA TATGTAATTA

[1344] 7981 CTAGTTCAGG TGTATTGCCA CAAGACAAAC ATGTTAAGAA ACTTTCCCGT TATTTACGCT

[1345] 8041 CTGTTCCTGT TAATCAACCT CTGGATTACA AAATTTGTGA AAGATTGACT GATATTCTTA

[1346] 8101 ACTATGTTGC TCCTTTTACG CTGTGTGGAT ATGCTGCTTT ATAGCCTCTG TATCTAGCTA

[1347] 8161 TTGCTTCCCG TACGGCTTTC GTTTTCTCCT CCTTGTATAA ATCCTGGTTG CTGTCTCTTT

[1348] 8221 TAGAGGAGTT GTGGCCCGTT GTCCGTCAAC GTGGCGTGGT GTGCTCTGTG TTTGCTGACG

[1349] 8281 CAACCCCCAC TGGCTGGGGC ATTGCCACCA CCTGTCAACT CCTTTCTGGG ACTTTCGCTT

[1350] 8341 TCCCCCTCCC GATCGCCACG GCAGAACTCA TCGCCGCCTG CCTTGCCCGC TGCTGGACAG

[1351] 8401 GGGCTAGGTT GCTGGGCACT GATAATTCCG TGGTGTTGTC AGTACTGGTA CCTTTAAGAC

[1352] 8461 CAATGACTTA CAAGGCAGCT GTAGATCTTA GCCACTTTTT AAAAGAAAAG GGGGGACTGG

[1353] 8521 AAGGGCTAAT TCACTCCCAA AGAAGACAAG ATCTGCTTTT TGCCTGTACT GGGTCTCTCT

[1354] 8581 GGTTAGACCA GATCTGAGCC TGGGAGCTCT CTGGCTAACT AGGGAACCCA CTGCTTAAGC

[1355] 8641 CTCAATAAAG CTTGCCTTGA GTGCTTCAA

[1356] pLRPC FMC63SLmTRAC$_{(82-137)}$ T2A optiFMC63SLmTRBC$_{(123-173)}$ (서열 식별 번호:163)

[1357] 1 AAAGCTGAGC ATCCGGCTCC GGTGCCCGTC AGTGGGCAGA GCGCACATCG CCCACAGTCC

[1358] 61 CCGAGAAGTT GGGGGGAGGG GTCGGCAATT GAACCGGTGC CTAGAGAAGG TGGCGCGGGG

[1359] 121 TAAACTGGGA AAGTGATGTC GTGTACTGGC TCCGCCTTTT TCCCGAGGGT GGGGGAGAAC

[1360] 181 CGTATATAAG TGCAGTAGTC GCCGTGAACG TTCTTTTTCG CAACGGGTTT GCCGCCAGAA

[1361] 241 CACAGGTAAG TGCCGTGTGT GGTTCCCGCG GGCCTGGCCT CTTTACGGGT TATGGCCCTT

[1362] 301 GCGTGCCTTG AATTACTTCC ACGCCCCTGG CTGCAGTACG TGATTCTTGA TCCCGAGCTT

[1363] 361 CGGGTTGGAA GTGGGTGGGA GAGTTCGAGG CCTTGCGCTT AAGGAGCCCC TTCGCCTCGT

[1364] 421 GCTTGAGTTG AGGCCTGGCC TGGGCGCTGG GGCCGCCGCG TGCGAATCTG GTGGCACCTT

[1365] 481 CGCGCCTGTC TCGCTGCTTT CGATAAGTCT CTAGCCATTT AAAATTTTTG ATGACCTGCT

[1366] 541 GCGACGCTTT TTTTCTGGCA AGATAGTCTT GTAAATGCGG GCCAAGATCT GCACACTGGT

[1367] 601 ATTTCGGTTT TTGGGGCCGC GGGCGGCGAC GGGGCCCGTG CGTCCCAGCG CACATGTTCG

[1368] 661 GCGAGGCGGG GCCTGCGAGC GCGGCCACCG AGAATCGGAC GGGGGTAGTC TCAAGCTGGC

[1369] 721 CGGCCTGCTC TGGTGCCTGG CCTCGCGCCG CCGTGTATCG CCCCGCCCTG GGCGGCAAGG

[1370] 781 CTGGCCCGGT CGGCACCAGT TGCGTGAGCG GAAAGATGGC CGCTTCCCGG CCCTGCTGCA

[1371] 841 GGGAGCTCAA AATGGAGGAC GCGGCGCTCG GGAGAGCGGG CGGGTGAGTC ACCCACACAA

[1372] 901 AGGAAAAGGG CCTTTCCGTC CTCAGCCGTC GCTTCATGTG ACTCCACGGA GTACCGGGCG

[1373] 961 CCGTCCAGGC ACCTCGATTA GTTCTCGAGC TTTTGGAGTA CGTCGTCTTT AGGTTGGGGG

[1374] 1021 GAGGGGTTTT ATGCGATGGA GTTTCCCCAC ACTGAGTGGG TGGAGACTGA AGTTAGGCCA

[1375] 1081 GCTTGGCACT TGATGTAATT CTCCTTGGAA TTTGCCCTTT TTGAGTTTGG ATCTTGGTTC

[1376] 1141 ATTCTCAAGC CTCAGACAGT GGTTCAAAGT TTTTTTCTTC CATTTCAGGT GTCGTGAAAA

[1377] 1201 CTACCCCTCT AGAGCCGCCA CCATGCTTCT CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT

[1378] 1261 ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAGA CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT

[1379] 1321 GTCTGCCTCT CTGGGAGACA GAGTCACCAT CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA

[1380] 1381 ATATTTAAAT TGGTATCAGC AGAAACCAGA TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC

[1381] 1441 ATCAAGATTA CACTCAGGAG TCCCATCAAG GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA

[1382] 1501 TTCTCTCACC ATTAGCAACC TGGAGCAAGA AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG

[1383] 1561 TAATACGCTT CCGTACACGT TCGGAGGGGG GACTAAGTTG GAAATAACAG GCTCCACCTC

[1384] 1621 TGGATCCGGC AAGCCCGGAT CTGGCGAGGG ATCCACCAAG GGCGAGGTGA AACTGCAGGA

[1385] 1681 GTCAGGACCT GGCCTGGTGG CGCCCTCACA GAGCCTGTCC GTCACATGCA CTGTCTCAGG

[1386] 1741 GGTCTCATTA CCCGACTATG GTGTAAGCTG GATTCGCCAG CCTCCACGAA AGGGTCTGGA

[1387] 1801 GTGGCTGGGA GTAATATGGG GTAGTGAAAC CACATACTAT AATTCAGCTC TCAAATCCAG

[1388] 1861 ACTGACCATC ATCAAGGACA ACTCCAAGAG CCAAGTTTTC TTAAAAATGA ACAGTCTGCA

[1389] 1921 AACTGATGAC ACAGCCATTT ACTACTGTGC CAAACATTAT TACTACGGTG GTAGCTATGC

[1390] 1981 TATGGACTAC TGGGGTCAAG GAACCTCAGT CACCGTCTCC TCAGCGGCCG CAGGTGGAGG

[1391] 2041 AGGTTCTGGA GGTGGTGGAT CAGGTGGTGG AGGATCTTTA GAAGGAGCCA CCTACCCCAG

[1392] 2101 TTCAGACGTT CCCTGTGATG CCACGTTGAC TGAGAAAAGC TTTGAAACAG ATATGAACCT

[1393] 2161 AAACTTTCAA AACCTGTCAG TTATGGGACT CCGAATCCTC CTGCTGAAAG TAGCCGGATT

[1394] 2221 TAACCTGCTC ATGACGCTGA GGCTGTGGTC CAGTGGGTCA GGCGAGGGCA GAGGAAGTCT

[1395] 2281 GCTAACATGC GGTGACGTCG AGGAGAATCC TGGACCTATG CTACTACTTG TGACCTCACT

[1396] 2341 ATTGTTATGC GAACTCCCTC ATCCCGCATT CTTGCTGATT CCAGACATTC AGATGACTCA

[1397] 2401 AACAACTTCC AGCCTCTCCG CCTCACTCGG CGACCGCGTA ACAATAAGCT GTCGGGCCTC

[1398] 2461 GCAAGATATT AGTAAGTACC TGAATTGGTA TCAGCAAAAA CCCGATGGTA CAGTCAAGCT

[1399] 2521 TCTGATCTAC CATACCAGTC GTCTGCACAG CGGTGTCCCC AGCAGGTTCA GCGGCTCAGG

[1400] 2581 ATCTGGTACC GATTATTCAC TGACGATTTC CAACCTTGAG CAGGAGGACA TCGCCACCTA

[1401] 2641 CTTCTGCCAG CAGGGTAATA CTCTGCCGTA CACATTCGGG GGCGGTACCA AGCTCGAGAT

[1402] 2701 CACGGGTTCA ACAAGCGGTT CTGGCAAGCC AGGCAGCGGC GAGGGGAGTA CAAAGGGGGA

[1403] 2761 GGTGAAGTTG CAGGAAAGTG GCCCTGGATT GGTGGCCCCG AGCCAGAGTC TGTCTGTCAC

[1404] 2821 CTGCACAGTT TCCGGAGTAA GTCTGCCTGA TTACGGAGTG TCCTGGATCA GACAGCCACC

[1405] 2881 TCGAAAGGGC TTGGAGTGGC TTGGGGTCAT TTGGGGCAGT GAAACCACAT ACTACAACAG

[1406] 2941 CGCTCTTAAG TCCAGGCTCA CTATCATCAA GGACAATTCA AAGAGCCAAG TATTCTTGAA

[1407] 3001 AATGAATTCC CTGCAGACTG ATGACACCGC TATTTATTAT TGCGCTAAAC ATTATTACTA

[1408] 3061 TGGAGGTTCT TATGCCATGG ACTACTGGGG GCAGGGTACC TCTGTGACAG TGAGTTCAGC

[1409] 3121 TGCAGCTGGA GGTGGAGGTA GCGGAGGCGG TGGTAGTGGA GGGGGTGGTT CTCTGGAAGG

[1410] 3181 TCGAGCAGAC TGTGGTATTA CCTCAGCATC CTATCAACAA GGAGTCTTGT CTGCCACCAT

[1411] 3241 CCTCTATGAG ATCCTGCTAG GGAAAGCCAC CCTGTATGCT GTGCTTGTCA GTACACTGGT

[1412] 3301 GGTGATGGCT ATGGTCAAAA GAAAGAATTC ATGAGATATC GAGCATCTTA CCGCCATTTA

[1413] 3361 TACCCATATT TGTTCTGTTT TTCTTGATTT GGGTATACAT TTAAATGTTA ATAAAACAAA

[1414] 3421 ATGGTGGGGC AATCATTTAC ATTTTTAGGG ATATGTAATT ACTAGTTCAG GTGTATTGCC

[1415] 3481 ACAAGACAAA CATGTTAAGA AACTTTCCCG TTATTTACGC TCTGTTCCTG TTAATCAACC

[1416] 3541 TCTGGATTAC AAAATTTGTG AAAGATTGAC TGATATTCTT AACTATGTTG CTCCTTTTAC

[1417] 3601 GCTGTGTGGA TATGCTGCTT TATAGCCTCT GTATCTAGCT ATTGCTTCCC GTACGGCTTT

[1418] 3661 CGTTTTCTCC TCCTTGTATA AATCCTGGTT GCTGTCTCTT TTAGAGGAGT TGTGGCCCGT

[1419] 3721 TGTCCGTCAA CGTGGCGTGG TGTGCTCTGT GTTTGCTGAC GCAACCCCCA CTGGCTGGGG

[1420] 3781 CATTGCCACC ACCTGTCAAC TCCTTTCTGG GACTTTCGCT TTCCCCCTCC CGATCGCCAC

[1421] 3841 GGCAGAACTC ATCGCCGCCT GCCTTGCCCG CTGCTGGACA GGGGCTAGGT TGCTGGGCAC

[1422] 3901 TGATAATTCC GTGGTGTTGT CAGTACTGGT ACCTTTAAGA CCAATGACTT ACAAGGCAGC

[1423] 3961 TGTAGATCTT AGCCACTTTT TAAAAGAAAA GGGGGGACTG GAAGGGCTAA TTCACTCCCA

[1424] 4021 AAGAAGACAA GATCTGCTTT TTGCCTGTAC TGGGTCTCTC TGGTTAGACC AGATCTGAGC

[1425] 4081 CTGGGAGCTC TCTGGCTAAC TAGGGAACCC ACTGCTTAAG CCTCAATAAA GCTTGCCTTG

[1426] 4141 AGTGCTTCAA TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA

[1427] 4201 AACCTCCACA CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT

[1428] 4261 TGTTTATTGC AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA

[1429] 4321 AAGCATTTTT TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC

[1430] 4381 ATGTCTGGAT CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG

[1431] 4441 CTGGAAGAGG AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT

[1432] 4501 GGCGTAATCA TGGTCATAGC TGTTTCCTGT GTGAAATTGT TATCCGCTCA CAATTCCACA

[1433] 4561 CAACATACGA GCCGGAAGCA TAAAGTGTAA AGCCTGGGGT GCCTAATGAG TGAGCTAACT

[1434] 4621 CACATTAATT GCGTTGCGCT CACTGCCCGC TTTCCAGTCG GGAAACCTGT CGTGCCAGCT

[1435] 4681 GCATTAATGA ATCGGCCAAC GCGCGGGGAG AGGCGGTTTG CGTATTGGGC GCTCTTCCGC

[1436] 4741 TTCCTCGCTC ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA

[1437] 4801 CTCAAAGGCG GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG

[1438] 4861 AGCAAAAGGC CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA

[1439] 4921 TAGGCTCCGC CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA

[1440] 4981 CCCGACAGGA CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC

[1441] 5041 TGTTCCGACC CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC

[1442] 5101 GCTTTCTCAT AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT

[1443] 5161 GGGCTGTGTG CACGAACCCC CCCGGTAAGA CACGACTTAT CGCCACTGGC AGCAGCCACT

[1444] 5221 GGTAACAGGA TTAGCAGAGC GAGGTATGTA GGCGGTGCTA CAGAGTTCTT GAAGTGGTGG

[1445] 5281 CCTAACTACG GCTACACTAG AAGAACAGTA TTTGGTATCT GCGCTCTGCT GAAGCCAGTT

[1446] 5341 ACCTTCGGAA AAAGAGTTGG TAGCTCTTGA TCCGGCAAAC AAACCACCGC TGGTAGCGGT

[1447] 5401 GGTTTTTTTG TTTGCAAGCA GCAGATTACG CGCAGAAAAA AAGGATCTCA AGAAGATCCT

[1448] 5461 TTGATCTTTT CTACGGGGTC TGACGCTCAG TGGAACGAAA ACTCACGTTA AGGGATTTTG

[1449] 5521 GTCATGAGAT TATCAAAAAG GATCTTCACC TAGATCCTTT TAAATTAAAA ATGAAGTTTT

[1450] 5581 AAATCAATCT AAAGTATATA TGAGTAAACT TGGTCTGACA GTTACCAATG CTTAATCAGT

[1451] 5641 GAGGCACCTA TCTCAGCGAT CTGTCTATTT CGTTCATCCA TAGTTGCCTG ACTCCCCGTC

[1452] 5701 GTTGCTAGGT TACTGTCATG AGCGGATACA TATTTGAATG TATTTAGAAA AATAAACAAA

[1453] 5761 AGAGTTTGTA GAAACGCAAA AAGGCCATCC GTCAGGATGG CCTTCTGCTT AATTTGATCG

[1454] 5821 GTGGCAGTTT ATGGCGGGCG TCCTGCCCGC CACCCTCCGG GCCGTTGCTT CGCAACGTTC

[1455] 5881 AAATCCGCTC CCGGCGGATT TGTCCTACTC AGGAGAGCGT TCACCGACAA ACAACAGATA

[1456] 5941 AAACGAAAGG CCCAGTCTTT CGACTGAGCC TTTCGTTTTA TTTGATGCCT GGCAGTTCCC

[1457] 6001 TACTCTCGCA TGGGTTGCGG CCGCCCGGGC CGTCGACCAA TTCTCATGTT TGACAGCTTA

[1458] 6061 TCATCGAATT TCTGCCATTC ATCCGCTTAT TATCACTTAT TCAGGCGTAG CAACCAGGCG

[1459] 6121 TTTAAGGGCA CCAATAACTG CCTTAAAAAA ATTACGCCCC GCCCTGCCAC TCATCGCAGT

[1460] 6181 ACTGTTGTAA TTCATTAAGC ATTCTGCCGA CATGGAAGCC ATCACAAACG GCATGATGAA

[1461] 6241 CCTGAATCGC CAGCGGCATC AGCACCTTGT CGCCTTGCGT ATAATATTTG CCCATGGTGA

[1462] 6301 AAACGGGGGC GAAGAAGTTG TCCATATTGG CCACGTTTAA ATCAAAACTG GTGAAACTCA

[1463] 6361 CCCAGGGATT GGCTGAGACG AAAAACATAT TCTCAATAAA CCCTTTAGGG AAATAGGCCA

[1464] 6421 GGTTTTCACC GTAACACGCC ACATCTTGCG AATATATGTG TAGAAACTGC CGGAAATCGT

[1465] 6481 CGTGGTATTC ACTCCAGAGC GATGAAAACG TTTCAGTTTG CTCATGGAAA ACGGTGTAAC

[1466] 6541 AAGGGTGAAC ACTATCCCAT ATCACCAGCT CACCGTCTTT CATTGCCATA CGAAATTCCG

[1467] 6601 GATGAGCATT CATCAGGCGG GCAAGAATGT GAATAAAGGC CGGATAAAAC TTGTGCTTAT

[1468] 6661 TTTTCTTTAC GGTCTTTAAA AAGGCCGTAA TATCCAGCTG AACGGTCTGG TTATAGGTAC

[1469] 6721 ATTGAGCAAC TGACTGAAAT GCCTCAAAAT GTTCTTTACG ATGCCATTGG GATATATCAA

[1470] 6781 CGGTGGTATA TCCAGTGATT TTTTTCTCCA TTTTAGCTTC CTTAGCTCCT GAAAATCTCG

[1471] 6841 ATAACTCAAA AAATACGCCC GGTAGTGATC TTATTTCATT ATGGTGAAAG TTGGAACCTC

[1472] 6901 TTACGTGCCG ATCAACGTCT CATTTTCGCC AAAAGTGACA TTAACCTATA AAAATAGGCG

[1473] 6961 TATCACGAGG CCAGCTTGGG AAACCATAAG ACCGAGATAG AGTTGAGTGT TGTTCCAGTT

[1474] 7021 TGGAACAAGA GTCCACTATT AAAGAACGTG GACTCCAACG TCAAAGGGCG AAAAACCGTC

[1475] 7081 TATCAGGGCG ATGGCCCACT ACGTGAACCA TCACCCAAAT CAAGTTTTTT GGGGTCGAGG

[1476] 7141 TGCCGTAAAG CACTAAATCG GAACCCTAAA GGGAGCCCCC GATTTAGAGC TTGACGGGGA

[1477] 7201 AAGCCGGCGA ACGTGGCGAG AAAGGAAGGG AAGAAAGCGAAAGGAGCGGGCGCTAAGGCG

[1478] 7261 CTGGCAAGTG TAGCGGTCAC GCTGCGCGTA ACCACCACAC CCGCCGCGCT TAATGCGCCG

[1479] 7321 CTACAGGGCG CGTACTATGG TTGCTTTGAC GTATGCGGTG TGAAATACCG CACAGATGCG

[1480] 7381 TAAGGAGAAA ATACCGCATC AGGCGCCATT CGCCATTCAG GCTGCGCAAC TGTTGGGAAG

[1481] 7441 GGCGATCGGT GCGGGCCTCT TCGCTATTAC GCCAGCTGGC GAAAGGGGGA TGTGCTGCAA

[1482] 7501 GGCGATTAAG TTGGGTAACG CCAGGGTTTT CCCAGTCACG ACGTTGTAAA ACGACGGCCA

[1483] 7561 GTGAATTGAT CGAGATCGTG ATCCGGATCA AGATCCAGAT CGAATTGGAG GCTACAGTCA

[1484] 7621 GTGGAGAGGA CTTTCACTGA CTGACTGACT GCGTCTCAAC CTCCTAGGGG ACATTGATTA

[1485] 7681 TTGACTAGTT ATTAATAGTA ATCAATTACG GGGTCATTAG TTCATAGCCC ATATATGGAG

[1486] 7741 TTCCGCGTTA CATAACTTAC GGTAAATGGC CCGCCTGGCT GACCGCCCAA CGACCCCCGC

[1487] 7801 CCATTGACGT CAATAATGAC GTATGTTCCC ATAGTAACGC CAATAGGGAC TTTCCATTGA

[1488] 7861 CGTCAATGGG TGGAGTATTT ACGGTAAACT GCCCACTTGG CAGTACATCA AGTGTATCAT

[1489] 7921 ATGCCAAGTA CGCCCCCTAT TGACGTCAAT GACGGTAAAT GGCCCGCCTG GCATTATGCC

[1490] 7981 CAGTACATGA CCTTATGGGA CTTTCCTACT TGGCAGTACA TCTACGTATT AGTCATCGCT

[1491] 8041 ATTACCATGG TGATGCGGTT TTGGCAGTAC ATCAATGGGC GTGGATAGCG GTTTGACTCA

[1492] 8101 CGGGGATTTC CAAGTCTCCA CCCCATTGAC GTCAATGGGA GTTTGTTTTG GCACCAAAAT

[1493] 8161 CAACGGGACT TTCCAAAATG TCGTAACAAC TCCGCCCCAT TGACGCAAAT GGGCGGTAGG

[1494] 8221 CGTGTACGGT GGGAGGTCTA TATAAGCAGA GCTCGTTTAG TGAACCGGGT CTCTCTGGTT

[1495] 8281 AGACCAGATC TGAGCCTGGG AGCTCTCTGG CTAACTAGGG AACCCACTGC TTAAGCCTCA

[1496] 8341 ATAAAGCTTG CCTTGAGTGC TCAAAGTAGT GTGTGCCCGT CTGTTGTGTG ACTCTGGTAA

[1497] 8401 CTAGAGATCC CTCAGACCCT TTTAGTCAGT GTGGAAAATC TCTAGCAGTG GCGCCCGAAC

[1498] 8461 AGGGACTTGA AAGCGAAAGT AAAGCCAGAG GAGATCTCTC GACGCAGGAC TCGGCTTGCT

[1499] 8521 GAAGCGCGCA CGGCAAGAGG CGAGGGGCGG CGACTGGTGA GTACGCCAAA AATTTTGACT

[1500] 8581 AGCGGAGGCT AGAAGGAGAG AGTAGGGTGC GAGAGCGTCG GTATTAAGCG GGGGAGAATT

[1501] 8641 AGATAAATGG GAAAAAATTC GGTTAAGGCC AGGGGGAAAG AAACAATATA AACTAAAACA

[1502] 8701 TATAGTTAGG GCAAGCAGGG AGCTAGAACG ATTCGCAGTT AATCCTGGCC TTTTAGAGAC

[1503] 8761 ATCAGAAGGC TGTAGACAAA TACTGGGACA GCTACAACCA TCCCTTCAGA CAGGATCAGA

[1504] 8821 AGAACTTAGA TCATTATATA ATACAATAGC AGTCCTCTAT TGTGTGCATC AAAGGATAGA

[1505] 8881 TGTAAAAGAC ACCAAGGAAG CCTTAGATAA GATAGAGGAA GAGCAAAACA AAAGTAAGAA

[1506] 8941 AAAGGCACAG CAAGCGATCT TCAGACCTGG AGGAGGCAGG AGGCGATATG AGGGACAATT

[1507] 9001 GGAGAAGTGA ATTATATAAA TATAAAGTAG TAAAAATTGA ACCATTAGGA GTAGCACCCA

[1508] 9061 CCAAGGCAAA GAGAAGAGTG GTGCAGAGAG AAAAAAGAGC AGTGGGAATA GGAGCTTTGT

[1509] 9121 TCCTTGGGTT CTTGGGAGCA GCAGGAAGCA CTATGGGCGC AGCGTCAATG ACGCTGACGG

[1510] 9181 TACAGGCCAG ACAATTATTG TCTGATATAG TGCAGCAGCA GAACAATTTG CTGAGGGCTA

[1511] 9241 TTGAGGCGCA ACAGCATCTG TTGCAACTCA CAGTCTGGGG CATCAAACAG CTCCAGGCAA

[1512] 9301 GAATCCTGGC TGTGGAAAGA TACCTAAAGG ATCAACAGCT CCTGGGGATT TGGGGTTGCT

[1513] 9361 CTGGAAAACT CATTTGCACC ACTGCTGTGC CTTGGAATGC TAGTTGGAGT AATAAATCTC

[1514] 9421 TGGAACAGAT TTGGAATAAC ATGACCTGGA TGGAGTGGGA CAGAGAAATT AACAATTACA

[1515] 9481 CAAGCTTAAT ACACTCCTTA ATTGAAGAAT CGCAAAACCA GCAAGAAAAG AATGAACAAG

[1516] 9541 AATTATTGGA ATTAGATAAA TGGGCAAGTT TGTGGAATTG GTTTAACATA ACAAATTGGC

[1517] 9601 TGTGGTATAT AAAATTATTC ATAATGATAG TAGGAGGCTT GGTAGGTTTA AGAATAGTTT

[1518] 9661 TTGCTGTACT TTCTATAGTG AATAGAGTTA GGCAGGGATA TTCACCATTA TCGTTTCAGA

[1519] 9721 CCCACCTCCC AATCCCGAGG GGACCACGCG TACAAATGGC AGTATTCATC CACAATTTTA

[1520] 9781 AAAGAAAAGG GGGGATTGGG GGGTACAGTG CAGGGGAAAG AATAGTAGACATAATAGCAA

[1521] 9841 CAGACATACA AACTAAAGAA TTACAAAAAC AAATTACAAA AATTCAAAAT TTTCGGGTTT

[1522] 9901 ATTACAGGGA CAGCAGAAAT CCACTTTGG

[1523] pLRPC FMC63mTRAC_T2A_mTRBC (서열 식별 번호:164)

[1524] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[1525] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[1526] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[1527] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[1528] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[1529] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGCGTAATCA

[1530] 361 TGGTCATAGC TGTTTCCTGT GTGAAATTGT TATCCGCTCA CAATTCCACA CAACATACGA

[1531] 421 GCCGGAAGCA TAAAGTGTAA AGCCTGGGGT GCCTAATGAG TGAGCTAACT CACATTAATT

[1532] 481 GCGTTGCGCT CACTGCCCGC TTTCCAGTCG GGAAACCTGT CGTGCCAGCT GCATTAATGA

[1533] 541 ATCGGCCAAC GCGCGGGGAG AGGCGGTTTG CGTATTGGGC GCTCTTCCGC TTCCTCGCTC

[1534] 601 ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA CTCAAAGGCG

[1535] 661 GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG AGCAAAAGGC

[1536] 721 CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA TAGGCTCCGC

[1537] 781 CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA CCCGACAGGA

[1538] 841 CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC TGTTCCGACC

[1539] 901 CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC GCTTTCTCAT

[1540] 961 AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT GGGCTGTGTG

[1541] 1021 CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG TCTTGAGTCC

[1542] 1081 AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG GATTAGCAGA

[1543] 1141 GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA CGGCTACACT

[1544] 1201 AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG AAAAAGAGTT

[1545] 1261 GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG

[1546] 1321 CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT TTCTACGGGG

[1547] 1381 TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG ATTATCAAAA

[1548] 1441 AGGATCTTCA CCTAGATCCT TTTAAATTAA AAATGAAGTT TTAAATCAAT CTAAAGTATA

[1549] 1501 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[1550] 1561 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTTGCTAG GTTACTGTCA

[1551] 1621 TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA AAAGAGTTTG TAGAAACGCA

[1552] 1681 AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT CGGTGGCAGT TTATGGCGGG

[1553] 1741 CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT TCAAATCCGC TCCCGGCGGA

[1554] 1801 TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA TAAAACGAAA GGCCCAGTCT

[1555] 1861 TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC CCTACTCTCG CATGGGTTGC

[1556] 1921 GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT TATCATCGAA TTTCTGCCAT

[1557] 1981 TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG CGTTTAAGGG CACCAATAAC

[1558] 2041 TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA GTACTGTTGT AATTCATTAA

[1559] 2101 GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG AACCTGAATC GCCAGCGGCA

[1560] 2161 TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT GAAAACGGGG GCGAAGAAGT

[1561] 2221 TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT CACCCAGGGA TTGGCTGAGA

[1562] 2281 CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC CAGGTTTTCA CCGTAACACG

[1563] 2341 CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC GTCGTGGTAT TCACTCCAGA

[1564] 2401 GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA ACAAGGGTGA ACACTATCCC

[1565] 2461 ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC CGGATGAGCA TTCATCAGGC

[1566] 2521 GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA

[1567] 2581 AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT ACATTGAGCA ACTGACTGAA

[1568] 2641 ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC AACGGTGGTA TATCCAGTGA

[1569] 2701 TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT CGATAACTCA AAAAATACGC

[1570] 2761 CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC TCTTACGTGC CGATCAACGT

[1571] 2821 CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG CGTATCACGA GGCCAGCTTG

[1572] 2881 GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG TTTGGAACAA GAGTCCACTA

[1573] 2941 TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG TCTATCAGGG CGATGGCCCA

[1574] 3001 CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA GGTGCCGTAA AGCACTAAAT

[1575] 3061 CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG GAAAGCCGGC GAACGTGGCG

[1576] 3121 AGAAAGGAAG GGAAGAAAGC GAAAGGAGCG GGCGCTAAGG CGCTGGCAAGTGTAGCGGTC

[1577] 3181 ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC CGCTACAGGG CGCGTACTAT

[1578] 3241 GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG CGTAAGGAGA AAATACCGCA

[1579] 3301 TCAGGCGCCA TTCGCCATTC AGGCTGCGCA ACTGTTGGGA AGGGCGATCG GTGCGGGCCT

[1580] 3361 CTTCGCTATT ACGCCAGCTG GCGAAAGGGG GATGTGCTGC AAGGCGATTA AGTTGGGTAA

[1581] 3421 CGCCAGGGTT TTCCCAGTCA CGACGTTGTA AAACGACGGC CAGTGAATTG ATCGAGATCG

[1582] 3481 TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT CAGTGGAGAG GACTTTCACT

[1583] 3541 GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT TATTGACTAG TTATTAATAG

[1584] 3601 TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG AGTTCCGCGT TACATAACTT

[1585] 3661 ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC GCCCATTGAC GTCAATAATG

[1586] 3721 ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT GACGTCAATG GGTGGAGTAT

[1587] 3781 TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC ATATGCCAAG TACGCCCCCT

[1588] 3841 ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG CCCAGTACAT GACCTTATGG

[1589] 3901 GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG CTATTACCAT GGTGATGCGG

[1590] 3961 TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT CACGGGGATT TCCAAGTCTC

[1591] 4021 CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA ATCAACGGGA CTTTCCAAAA

[1592] 4081 TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA GGCGTGTACG GTGGGAGGTC

[1593] 4141 TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG TTAGACCAGA TCTGAGCCTG

[1594] 4201 GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT CAATAAAGCT TGCCTTGAGT

[1595] 4261 GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT AACTAGAGAT CCCTCAGACC

[1596] 4321 CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA ACAGGGACTT GAAAGCGAAA

[1597] 4381 GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG CTGAAGCGCG CACGGCAAGA

[1598] 4441 GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG

[1599] 4501 AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA TTAGATAAAT GGGAAAAAAT

[1600] 4561 TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA CATATAGTTA GGGCAAGCAG

[1601] 4621 GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG ACATCAGAAG GCTGTAGACA

[1602] 4681 AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA GAAGAACTTA GATCATTATA

[1603] 4741 TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA GATGTAAAAG ACACCAAGGA

[1604] 4801 AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG AAAAAGGCACAGCAAGCGAT

[1605] 4861 CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA TTGGAGAAGT GAATTATATA

[1606] 4921 AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC CACCAAGGCA AAGAGAAGAG

[1607] 4981 TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG

[1608] 5041 CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC GGTACAGGCC AGACAATTAT

[1609] 5101 TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC TATTGAGGCG CAACAGCATC

[1610] 5161 TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC AAGAATCCTG GCTGTGGAAA

[1611] 5221 GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG CTCTGGAAAA CTCATTTGCA

[1612] 5281 CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC TCTGGAACAG ATTTGGAATA

[1613] 5341 ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA CACAAGCTTA ATACACTCCT

[1614] 5401 TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA AGAATTATTG GAATTAGATA

[1615] 5461 AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG GCTGTGGTAT ATAAAATTAT

[1616] 5521 TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT TTTTGCTGTA CTTTCTATAG

[1617] 5581 TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA GACCCACCTC CCAATCCCGA

[1618] 5641 GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT TAAAAGAAAA GGGGGGATTG

[1619] 5701 GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC AACAGACATA CAAACTAAAG

[1620] 5761 AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT TTATTACAGG GACAGCAGAA

[1621] 5821 ATCCACTTTG GAAAGCTGAG CATCCGGCTC CGGTGCCCGT CAGTGGGCAG AGCGCACATC

[1622] 5881 GCCCACAGTC CCCGAGAAGT TGGGGGGAGG GGTCGGCAAT TGAACCGGTG CCTAGAGAAG

[1623] 5941 GTGGCGCGGG GTAAACTGGG AAAGTGATGT CGTGTACTGG CTCCGCCTTT TTCCCGAGGG

[1624] 6001 TGGGGGAGAA CCGTATATAA GTGCAGTAGT CGCCGTGAAC GTTCTTTTTC GCAACGGGTT

[1625] 6061 TGCCGCCAGA ACACAGGTAA GTGCCGTGTG TGGTTCCCGC GGGCCTGGCC TCTTTACGGG

[1626] 6121 TTATGGCCCT TGCGTGCCTT GAATTACTTC CACGCCCCTG GCTGCAGTAC GTGATTCTTG

[1627] 6181 ATCCCGAGCT TCGGGTTGGA AGTGGGTGGG AGAGTTCGAG GCCTTGCGCT TAAGGAGCCC

[1628] 6241 CTTCGCCTCG TGCTTGAGTT GAGGCCTGGC CTGGGCGCTG GGGCCGCCGC GTGCGAATCT

[1629] 6301 GGTGGCACCT TCGCGCCTGT CTCGCTGCTT TCGATAAGTC TCTAGCCATT TAAAATTTTT

[1630] 6361 GATGACCTGC TGCGACGCTT TTTTTCTGGC AAGATAGTCT TGTAAATGCG GGCCAAGATC

[1631] 6421 TGCACACTGG TATTTCGGTT TTTGGGGCCG CGGGCGGCGA CGGGGCCCGT GCGTCCCAGC

[1632] 6481 GCACATGTTC GGCGAGGCGG GGCCTGCGAG CGCGGCCACC GAGAATCGGA CGGGGGTAGT

[1633] 6541 CTCAAGCTGG CCGGCCTGCT CTGGTGCCTG GCCTCGCGCC GCCGTGTATC GCCCCGCCCT

[1634] 6601 GGGCGGCAAG GCTGGCCCGG TCGGCACCAG TTGCGTGAGC GGAAAGATGG CCGCTTCCCG

[1635] 6661 GCCCTGCTGC AGGGAGCTCA AAATGGAGGA CGCGGCGCTC GGGAGAGCGG GCGGGTGAGT

[1636] 6721 CACCCACACA AAGGAAAAGG GCCTTTCCGT CCTCAGCCGT CGCTTCATGT GACTCCACGG

[1637] 6781 AGTACCGGGC GCCGTCCAGG CACCTCGATT AGTTCTCGAG CTTTTGGAGT ACGTCGTCTT

[1638] 6841 TAGGTTGGGG GGAGGGGTTT TATGCGATGG AGTTTCCCCA CACTGAGTGG GTGGAGACTG

[1639] 6901 AAGTTAGGCC AGCTTGGCAC TTGATGTAAT TCTCCTTGGA ATTTGCCCTT TTTGAGTTTG

[1640] 6961 GATCTTGGTT CATTCTCAAG CCTCAGACAG TGGTTCAAAG TTTTTTTCTT CCATTTCAGG

[1641] 7021 TGTCGTGAAA ACTACCCCTC TAGAGCCGCC ACCATGCTTC TCCTGGTGAC AAGCCTTCTG

[1642] 7081 CTCTGTGAGT TACCACACCC AGCATTCCTC CTGATCCCAG ACATCCAGAT GACACAGACT

[1643] 7141 ACATCCTCCC TGTCTGCCTC TCTGGGAGAC AGAGTCACCA TCAGTTGCAG GGCAAGTCAG

[1644] 7201 GACATTAGTA AATATTTAAA TTGGTATCAG CAGAAACCAG ATGGAACTGT TAAACTCCTG

[1645] 7261 ATCTACCATA CATCAAGATT ACACTCAGGA GTCCCATCAA GGTTCAGTGG CAGTGGGTCT

[1646] 7321 GGAACAGATT ATTCTCTCAC CATTAGCAAC CTGGAGCAAG AAGATATTGC CACTTACTTT

[1647] 7381 TGCCAACAGG GTAATACGCT TCCGTACACG TTCGGAGGGG GGACTAAGTT GGAAATAACA

[1648] 7441 GGAGGTGGAG GTTCTGGTGG AGGAGGTTCA GGAGGTGGTG GAAGTGAGGT GAAACTGCAG

[1649] 7501 GAGTCAGGAC CTGGCCTGGT GGCGCCCTCA CAGAGCCTGT CCGTCACATG CACTGTCTCA

[1650] 7561 GGGGTCTCAT TACCCGACTA TGGTGTAAGC TGGATTCGCC AGCCTCCACG AAAGGGTCTG

[1651] 7621 GAGTGGCTGG GAGTAATATG GGGTAGTGAA ACCACATACT ATAATTCAGC TCTCAAATCC

[1652] 7681 AGACTGACCA TCATCAAGGA CAACTCCAAG AGCCAAGTTT TCTTAAAAAT GAACAGTCTG

[1653] 7741 CAAACTGATG ACACAGCCAT TTACTACTGT GCCAAACATT ATTACTACGG TGGTAGCTAT

[1654] 7801 GCTATGGACT ACTGGGGTCA AGGAACCTCA GTCACCGTCT CCTCAGGAAT TCAGAACCCT

[1655] 7861 GAGCCTGCCG TGTACCAGCT GAAGGACCCT AGAAGCCAGG ACAGCACCCT GTGCCTGTTC

[1656] 7921 ACCGACTTCG ACAGCCAGAT CAACGTGCCC AAGACCATGG AAAGCGGCAC CTTCATCACC

[1657] 7981 GATAAGACTG TGCTGGACAT GAAGGCCATG GACAGCAAGA GCAACGGCGC CATTGCNTGG

[1658] 8041 TCCAATCAGA CCAGCTTTAC CTGCCAAGAC ATCTTCAAAG AGACAAACGC CACCTACCCC

[1659] 8101 AGTTCAGACG TTCCCTGTGA TGCCACGTTG ACTGAGAAAA GCTTTGAAAC AGATATGAAC

[1660] 8161 CTAAACTTTC AAAACCTGTC AGTTATGGGA CTCCGAATCC TCCTGCTGAA AGTAGCCGGA

[1661] 8221 TTTAACCTGC TCATGACGCT GAGGCTGTGG TCCAGTGGCA GCGGCGAGGG CAGAGGAAGT

[1662] 8281 CTGCTAACAT GCGGTGACGT CGAGGAGAAT CCTGGACCTG ATCTGAGAAA TGTGACTCCA

[1663] 8341 CCCAAGGTCT CCTTGTTTGA GCCATCAAAA GCAGAGATTG CAAACAAACA AAAGGCTACC

[1664] 8401 CTCGTGTGCT TGGCCAGGGG CTTCTTCCCT GACCACGTGG AGCTGAGCTG GTGGGTGAAT

[1665] 8461 GGCAAGGAGG TCCACAGTGG GGTCAGCACG GACCCTCAGG CCTACAAGGA GAGCAATTAT

[1666] 8521 AGCTACTGCC TGAGCAGCCG CCTGAGGGTC TCTGCTACCT TCTGGCACAA TCCTCGCAAC

[1667] 8581 CACTTCCGCT GCCAAGTGCA GTTCCATGGG CTTTCAGAGG AGGACAAGTG GCCAGAGGGC

[1668] 8641 TCACCCAAAC CTGTCACACA GAACATCAGT GCAGAGGCCT GGGGTCGAGC AGACTGTGGT

[1669] 8701 ATTACCTCAG CATCCTATCA ACAAGGAGTC TTGTCTGCCA CCATCCTCTA TGAGATCCTG

[1670] 8761 CTAGGGAAAG CCACCCTGTA TGCTGTGCTT GTCAGTACAC TGGTGGTGAT GGCTATGGTC

[1671] 8821 AAAAGAAAGA ATTCATGAGA TATCGAGCAT CTTACCGCCA TTTATACCCA TATTTGTTCT

[1672] 8881 GTTTTTCTTG ATTTGGGTAT ACATTTAAAT GTTAATAAAA CAAAATGGTG GGGCAATCAT

[1673] 8941 TTACATTTTT AGGGATATGT AATTACTAGT TCAGGTGTAT TGCCACAAGA CAAACATGTT

[1674] 9001 AAGAAACTTT CCCGTTATTT ACGCTCTGTT CCTGTTAATC AACCTCTGGA TTACAAAATT

[1675] 9061 TGTGAAAGAT TGACTGATAT TCTTAACTAT GTTGCTCCTT TTACGCTGTG TGGATATGCT

[1676] 9121 GCTTTATAGC CTCTGTATCT AGCTATTGCT TCCCGTACGG CTTTCGTTTT CTCCTCCTTG

[1677] 9181 TATAAATCCT GGTTGCTGTC TCTTTTAGAG GAGTTGTGGC CCGTTGTCCG TCAACGTGGC

[1678] 9241 GTGGTGTGCT CTGTGTTTGC TGACGCAACC CCCACTGGCT GGGGCATTGC CACCACCTGT

[1679] 9301 CAACTCCTTT CTGGGACTTT CGCTTTCCCC CTCCCGATCG CCACGGCAGA ACTCATCGCC

[1680] 9361 GCCTGCCTTG CCCGCTGCTG GACAGGGGCT AGGTTGCTGG GCACTGATAA TTCCGTGGTG

[1681] 9421 TTGTCAGTAC TGGTACCTTT AAGACCAATG ACTTACAAGG CAGCTGTAGA TCTTAGCCAC

[1682] 9481 TTTTTAAAAG AAAAGGGGGG ACTGGAAGGG CTAATTCACT CCCAAAGAAG ACAAGATCTG

[1683] 9541 CTTTTTGCCT GTACTGGGTC TCTCTGGTTA GACCAGATCT GAGCCTGGGA GCTCTCTGGC

[1684] 9601 TAACTAGGGA ACCCACTGCT TAAGCCTCAA TAAAGCTTGC CTTGAGTGCT TCAA

[1685] pLRPC FMC63mTRAC_T2A_mTRBC U5 (서열 식별 번호:165)

[1686] 1 GACATTGATT ATTGACTAGT TATTAATAGT AATCAATTAC GGGGTCATTA GTTCATAGCC

[1687] 61 CATATATGGA GTTCCGCGTT ACATAACTTA CGGTAAATGG CCCGCCTGGC TGACCGCCCA

[1688] 121 ACGACCCCCG CCCATTGACG TCAATAATGA CGTATGTTCC CATAGTAACG CCAATAGGGA

[1689] 181 CTTTCCATTG ACGTCAATGG GTGGAGTATT TACGGTAAAC TGCCCACTTG GCAGTACATC

[1690] 241 AAGTGTATCA TATGCCAAGT ACGCCCCCTA TTGACGTCAA TGACGGTAAA TGGCCCGCCT

[1691] 301 GGCATTATGC CCAGTACATG ACCTTATGGG ACTTTCCTAC TTGGCAGTAC ATCTACGTAT

[1692] 361 TAGTCATCGC TATTACCATG GTGATGCGGT TTTGGCAGTA CATCAATGGG CGTGGATAGC

[1693] 421 GGTTTGACTC ACGGGGATTT CCAAGTCTCC ACCCCATTGA CGTCAATGGG AGTTTGTTTT

[1694] 481 GGCACCAAAA TCAACGGGAC TTTCCAAAAT GTCGTAACAA CTCCGCCCCA TTGACGCAAA

[1695] 541 TGGGCGGTAG GCGTGTACGG TGGGAGGTCT ATATAAGCAG AGCTCGTTTA GTGAACCGGG

[1696] 601 TCTCTCTGGT TAGACCAGAT CTGAGCCTGG GAGCTCTCTG GCTAACTAGG GAACCCACTG

[1697] 661 CTTAAGCCTC AATAAAGCTT GCCTTGAGTG CTCAAAGTAG TGTGTGCCCG TCTGTTGTGT

[1698] 721 GACTCTGGTA ACTAGAGATC CCTCAGACCC TTTTAGTCAG TGTGGAAAAT CTCTAGCAGT

[1699] 781 GGCGCCCGAA CAGGGACTTG AAAGCGAAAG TAAAGCCAGA GGAGATCTCT CGACGCAGGA

[1700] 841 CTCGGCTTGC TGAAGCGCGC ACGGCAAGAG GCGAGGGGCG GCGACTGGTG AGTACGCCAA

[1701] 901 AAATTTTGAC TAGCGGAGGC TAGAAGGAGA GAGTAGGGTG CGAGAGCGTC GGTATTAAGC

[1702] 961 GGGGGAGAAT TAGATAAATG GGAAAAAATT CGGTTAAGGC CAGGGGGAAA GAAACAATAT

[1703] 1021 AAACTAAAAC ATATAGTTAG GGCAAGCAGG GAGCTAGAAC GATTCGCAGT TAATCCTGGC

[1704] 1081 CTTTTAGAGA CATCAGAAGG CTGTAGACAA ATACTGGGAC AGCTACAACC ATCCCTTCAG

[1705] 1141 ACAGGATCAG AAGAACTTAG ATCATTATAT AATACAATAG CAGTCCTCTA TTGTGTGCAT

[1706] 1201 CAAAGGATAG ATGTAAAAGA CACCAAGGAA GCCTTAGATA AGATAGAGGA AGAGCAAAAC

[1707] 1261 AAAAGTAAGA AAAAGGCACA GCAAGCGATC TTCAGACCTG GAGGAGGCAG GAGGCGATAT

[1708] 1321 GAGGGACAAT TGGAGAAGTG AATTATATAA ATATAAAGTA GTAAAAATTG AACCATTAGG

[1709] 1381 AGTAGCACCC ACCAAGGCAA AGAGAAGAGT GGTGCAGAGA GAAAAAAGAGCAGTGGGAAT

[1710] 1441 AGGAGCTTTG TTCCTTGGGT TCTTGGGAGC AGCAGGAAGC ACTATGGGCG CAGCGTCAAT

[1711] 1501 GACGCTGACG GTACAGGCCA GACAATTATT GTCTGATATA GTGCAGCAGC AGAACAATTT

[1712] 1561 GCTGAGGGCT ATTGAGGCGC AACAGCATCT GTTGCAACTC ACAGTCTGGG GCATCAAACA

[1713] 1621 GCTCCAGGCA AGAATCCTGG CTGTGGAAAG ATACCTAAAG GATCAACAGC TCCTGGGGAT

[1714] 1681 TTGGGGTTGC TCTGGAAAAC TCATTTGCAC CACTGCTGTG CCTTGGAATG CTAGTTGGAG

[1715] 1741 TAATAAATCT CTGGAACAGA TTTGGAATAA CATGACCTGG ATGGAGTGGG ACAGAGAAAT

[1716] 1801 TAACAATTAC ACAAGCTTAA TACACTCCTT AATTGAAGAA TCGCAAAACC AGCAAGAAAA

[1717] 1861 GAATGAACAA GAATTATTGG AATTAGATAA ATGGGCAAGT TTGTGGAATT GGTTTAACAT

[1718] 1921 AACAAATTGG CTGTGGTATA TAAAATTATT CATAATGATA GTAGGAGGCT TGGTAGGTTT

[1719] 1981 AAGAATAGTT TTTGCTGTAC TTTCTATAGT GAATAGAGTT AGGCAGGGAT ATTCACCATT

[1720] 2041 ATCGTTTCAG ACCCACCTCC CAATCCCGAG GGGACCACGC GTACAAATGG CAGTATTCAT

[1721] 2101 CCACAATTTT AAAAGAAAAG GGGGGATTGG GGGGTACAGT GCAGGGGAAA GAATAGTAGA

[1722] 2161 CATAATAGCA ACAGACATAC AAACTAAAGA ATTACAAAAA CAAATTACAA AAATTCAAAA

[1723] 2221 TTTTCGGGTT TATTACAGGG ACAGCAGAAA TCCACTTTGG AAAGCTGAGC ATCCGGCTCC

[1724] 2281 GGTGCCCGTC AGTGGGCAGA GCGCACATCG CCCACAGTCC CCGAGAAGTT GGGGGGAGGG

[1725] 2341 GTCGGCAATT GAACCGGTGC CTAGAGAAGG TGGCGCGGGG TAAACTGGGA AAGTGATGTC

[1726] 2401 GTGTACTGGC TCCGCCTTTT TCCCGAGGGT GGGGGAGAAC CGTATATAAG TGCAGTAGTC

[1727] 2461 GCCGTGAACG TTCTTTTTCG CAACGGGTTT GCCGCCAGAA CACAGGTAAG TGCCGTGTGT

[1728] 2521 GGTTCCCGCG GGCCTGGCCT CTTTACGGGT TATGGCCCTT GCGTGCCTTG AATTACTTCC

[1729] 2581 ACGCCCCTGG CTGCAGTACG TGATTCTTGA TCCCGAGCTT CGGGTTGGAA GTGGGTGGGA

[1730] 2641 GAGTTCGAGG CCTTGCGCTT AAGGAGCCCC TTCGCCTCGT GCTTGAGTTG AGGCCTGGCC

[1731] 2701 TGGGCGCTGG GGCCGCCGCG TGCGAATCTG GTGGCACCTT CGCGCCTGTC TCGCTGCTTT

[1732] 2761 CGATAAGTCT CTAGCCATTT AAAATTTTTG ATGACCTGCT GCGACGCTTT TTTTCTGGCA

[1733] 2821 AGATAGTCTT GTAAATGCGG GCCAAGATCT GCACACTGGT ATTTCGGTTT TTGGGGCCGC

[1734] 2881 GGGCGGCGAC GGGGCCCGTG CGTCCCAGCG CACATGTTCG GCGAGGCGGG GCCTGCGAGC

[1735] 2941 GCGGCCACCG AGAATCGGAC GGGGGTAGTC TCAAGCTGGC CGGCCTGCTC TGGTGCCTGG

[1736] 3001 CCTCGCGCCG CCGTGTATCG CCCCGCCCTG GGCGGCAAGG CTGGCCCGGT CGGCACCAGT

[1737] 3061 TGCGTGAGCG GAAAGATGGC CGCTTCCCGG CCCTGCTGCA GGGAGCTCAA AATGGAGGAC

[1738] 3121 GCGGCGCTCG GGAGAGCGGG CGGGTGAGTC ACCCACACAA AGGAAAAGGG CCTTTCCGTC

[1739] 3181 CTCAGCCGTC GCTTCATGTG ACTCCACGGA GTACCGGGCG CCGTCCAGGC ACCTCGATTA

[1740] 3241 GTTCTCGAGC TTTTGGAGTA CGTCGTCTTT AGGTTGGGGG GAGGGGTTTT ATGCGATGGA

[1741] 3301 GTTTCCCCAC ACTGAGTGGG TGGAGACTGA AGTTAGGCCA GCTTGGCACT TGATGTAATT

[1742] 3361 CTCCTTGGAA TTTGCCCTTT TTGAGTTTGG ATCTTGGTTC ATTCTCAAGC CTCAGACAGT

[1743] 3421 GGTTCAAAGT TTTTTTCTTC CATTTCAGGT GTCGTGAAAA CTACCCCTCT AGAGCCGCCA

[1744] 3481 CCATGCTTCT CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT ACCACACCCA GCATTCCTCC

[1745] 3541 TGATCCCAGA CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT GTCTGCCTCT CTGGGAGACA

[1746] 3601 GAGTCACCAT CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA ATATTTAAAT TGGTATCAGC

[1747] 3661 AGAAACCAGA TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC ATCAAGATTA CACTCAGGAG

[1748] 3721 TCCCATCAAG GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA TTCTCTCACC ATTAGCAACC

[1749] 3781 TGGAGCAAGA AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG TAATACGCTT CCGTACACGT

[1750] 3841 TCGGAGGGGG GACTAAGTTG GAAATAACAG GAGGTGGAGG TTCTGGTGGA GGAGGTTCAG

[1751] 3901 GAGGTGGTGG AAGTGAGGTG AAACTGCAGG AGTCAGGACC TGGCCTGGTG GCGCCCTCAC

[1752] 3961 AGAGCCTGTC CGTCACATGC ACTGTCTCAG GGGTCTCATT ACCCGACTAT GGTGTAAGCT

[1753] 4021 GGATTCGCCA GCCTCCACGA AAGGGTCTGG AGTGGCTGGG AGTAATATGG GGTAGTGAAA

[1754] 4081 CCACATACTA TAATTCAGCT CTCAAATCCA GACTGACCAT CATCAAGGAC AACTCCAAGA

[1755] 4141 GCCAAGTTTT CTTAAAAATG AACAGTCTGC AAACTGATGA CACAGCCATT TACTACTGTG

[1756] 4201 CCAAACATTA TTACTACGGT GGTAGCTATG CTATGGACTA CTGGGGTCAA GGAACCTCAG

[1757] 4261 TCACCGTCTC CTCAGGAATT CAGAACCCTG AGCCTGCCGT GTACCAGCTG AAGGACCCTA

[1758] 4321 GAAGCCAGGA CAGCACCCTG TGCCTGTTCA CCGACTTCGA CAGCCAGATC AACGTGCCCA

[1759] 4381 AGACCATGGA AAGCGGCACC TTCATCACCG ATAAGACTGT GCTGGACATG AAGGCCATGG

[1760] 4441 ACAGCAAGAG CAACGGCGCC ATTGCTTGGT CCAATCAGAC CAGCTTTACC TGCCAAGACA

[1761] 4501 TCTTCAAAGA GACAAACGCC ACCTACCCCA GTTCAGACGT TCCCTGTGAT GCCACGTTGA

[1762] 4561 CTGAGAAAAG CTTTGAAACA GATATGAACC TAAACTTTCA AAACCTGTCA GTTATGGGAC

[1763] 4621 TCCGAATCCT CCTGCTGAAA GTAGCCGGAT TTAACCTGCT CATGACGCTG AGGCTGTGGT

[1764] 4681 CCAGTGGCAG CGGCGAGGGC AGAGGAAGTC TGCTAACATG CGGTGACGTC GAGGAGAATC

[1765] 4741 CTGGACCTGA TCTGAGAAAT GTGACTCCAC CCAAGGTCTC CTTGTTTGAG CCATCAAAAG

[1766] 4801 CAGAGATTGC AAACAAACAA AAGGCTACCC TCGTGTGCTT GGCCAGGGGC TTCTTCCCTG

[1767] 4861 ACCACGTGGA GCTGAGCTGG TGGGTGAATG GCAAGGAGGT CCACAGTGGG GTCAGCACGG

[1768] 4921 ACCCTCAGGC CTACAAGGAG AGCAATTATA GCTACTGCCT GAGCAGCCGC CTGAGGGTCT

[1769] 4981 CTGCTACCTT CTGGCACAAT CCTCGCAACC ACTTCCGCTG CCAAGTGCAG TTCCATGGGC

[1770] 5041 TTTCAGAGGA GGACAAGTGG CCAGAGGGCT CACCCAAACC TGTCACACAG AACATCAGTG

[1771] 5101 CAGAGGCCTG GGGTCGAGCA GACTGTGGTA TTACCTCAGC ATCCTATCAA CAAGGAGTCT

[1772] 5161 TGTCTGCCAC CATCCTCTAT GAGATCCTGC TAGGGAAAGC CACCCTGTAT GCTGTGCTTG

[1773] 5221 TCAGTACACT GGTGGTGATG GCTATGGTCA AAAGAAAGAA TTCATGAGAT ATCGAGCATC

[1774] 5281 TTACCGCCAT TTATACCCAT ATTTGTTCTG TTTTTCTTGA TTTGGGTATA CATTTAAATG

[1775] 5341 TTAATAAAAC AAAATGGTGG GGCAATCATT TACATTTTTA GGGATATGTA ATTACTAGTT

[1776] 5401 CAGGTGTATT GCCACAAGAC AAACATGTTA AGAAACTTTC CCGTTATTTA CGCTCTGTTC

[1777] 5461 CTGTTAATCA ACCTCTGGAT TACAAAATTT GTGAAAGATT GACTGATATT CTTAACTATG

[1778] 5521 TTGCTCCTTT TACGCTGTGT GGATATGCTG CTTTATAGCC TCTGTATCTA GCTATTGCTT

[1779] 5581 CCCGTACGGC TTTCGTTTTC TCCTCCTTGT ATAAATCCTG GTTGCTGTCT CTTTTAGAGG

[1780] 5641 AGTTGTGGCC CGTTGTCCGT CAACGTGGCG TGGTGTGCTC TGTGTTTGCT GACGCAACCC

[1781] 5701 CCACTGGCTG GGGCATTGCC ACCACCTGTC AACTCCTTTC TGGGACTTTC GCTTTCCCCC

[1782] 5761 TCCCGATCGC CACGGCAGAA CTCATCGCCG CCTGCCTTGC CCGCTGCTGG ACAGGGGCTA

[1783] 5821 GGTTGCTGGG CACTGATAAT TCCGTGGTGT TGTCAGTACT GGTACCTTTA AGACCAATGA

[1784] 5881 CTTACAAGGC AGCTGTAGAT CTTAGCCACT TTTTAAAAGA AAAGGGGGGA CTGGAAGGGC

[1785] 5941 TAATTCACTC CCAAAGAAGA CAAGATCTGC TTTTTGCCTG TACTGGGTCT CTCTGGTTAG

[1786] 6001 ACCAGATCTG AGCCTGGGAG CTCTCTGGCT AACTAGGGAA CCCACTGCTT AAGCCTCAAT

[1787] 6061 AAAGCTTGCC TTGAGTGCTT CAAGTAGTGT GTGCCCGTCT GTTGTGTGAC TCTGGTAACT

[1788] 6121 AGAGATCCCT CAGACCCTTT TAGTCAGTGT GGAAAATCTC TAGCATGATC ATAATCAAGC

[1789] 6181 CATATCACAT CTGTAGAGGT TTACTTGCTT TAAAAAACCT CCACACCTCC CCCTGAACCT

[1790] 6241 GAAACATAAA ATGAATGCAA TTGTTGTTGT TAACTTGTTT ATTGCAGCTT ATAATGGTTA

[1791] 6301 CAAATAAAGC AATAGCATCA CAAATTTCAC AAATAAAGCA TTTTTTTCAC TGCATTCTAG

[1792] 6361 TTGTGGTTTG TCCAAACTCA TCAATGTATC TTATCATGTC TGGATCTGCG TCGACACGAA

[1793] 6421 GAGACGACTG ACTGACTGAC TGGAAAGAGG AAGGGCTGGA AGAGGAAGGA GCTTGATCCA

[1794] 6481 GATCCCGATC TCGATCCAGA TCCGGATCGC AGCTTGGCGT AATCATGGTC ATAGCTGTTT

[1795] 6541 CCTGTGTGAA ATTGTTATCC GCTCACAATT CCACACAACA TACGAGCCGG AAGCATAAAG

[1796] 6601 TGTAAAGCCT GGGGTGCCTA ATGAGTGAGC TAACTCACAT TAATTGCGTT GCGCTCACTG

[1797] 6661 CCCGCTTTCC AGTCGGGAAA CCTGTCGTGC CAGCTGCATT AATGAATCGG CCAACGCGCG

[1798] 6721 GGGAGAGGCG GTTTGCGTAT TGGGCGCTCT TCCGCTTCCT CGCTCACTGA CTCGCTGCGC

[1799] 6781 TCGGTCGTTC GGCTGCGGCG AGCGGTATCA GCTCACTCAA AGGCGGTAAT ACGGTTATCC

[1800] 6841 ACAGAATCAG GGGATAACGC AGGAAAGAAC ATGTGAGCAA AAGGCCAGCAAAAGGCCAGG

[1801] 6901 AACCGTAAAA AGGCCGCGTT GCTGGCGTTT TTCCATAGGC TCCGCCCCCC TGACGAGCAT

[1802] 6961 CACAAAAATC GACGCTCAAG TCAGAGGTGG CGAAACCCGA CAGGACTATA AAGATACCAG

[1803] 7021 GCGTTTCCCC CTGGAAGCTC CCTCGTGCGC TCTCCTGTTC CGACCCTGCC GCTTACCGGA

[1804] 7081 TACCTGTCCG CCTTTCTCCC TTCGGGAAGC GTGGCGCTTT CTCATAGCTC ACGCTGTAGG

[1805] 7141 TATCTCAGTT CGGTGTAGGT CGTTCGCTCC AAGCTGGGCT GTGTGCACGA ACCCCCCGTT

[1806] 7201 CAGCCCGACC GCTGCGCCTT ATCCGGTAAC TATCGTCTTG AGTCCAACCC GGTAAGACAC

[1807] 7261 GACTTATCGC CACTGGCAGC AGCCACTGGT AACAGGATTA GCAGAGCGAG GTATGTAGGC

[1808] 7321 GGTGCTACAG AGTTCTTGAA GTGGTGGCCT AACTACGGCT ACACTAGAAG AACAGTATTT

[1809] 7381 GGTATCTGCG CTCTGCTGAA GCCAGTTACC TTCGGAAAAA GAGTTGGTAG CTCTTGATCC

[1810] 7441 GGCAAACAAA CCACCGCTGG TAGCGGTGGT TTTTTTGTTT GCAAGCAGCA GATTACGCGC

[1811] 7501 AGAAAAAAAG GATCTCAAGA AGATCCTTTG ATCTTTTCTA CGGGGTCTGA CGCTCAGTGG

[1812] 7561 AACGAAAACT CACGTTAAGG GATTTTGGTC ATGAGATTAT CAAAAAGGAT CTTCACCTAG

[1813] 7621 ATCCTTTTAA ATTAAAAATG AAGTTTTAAA TCAATCTAAA GTATATATGA GTAAACTTGG

[1814] 7681 TCTGACAGTT ACCAATGCTT AATCAGTGAG GCACCTATCT CAGCGATCTG TCTATTTCGT

[1815] 7741 TCATCCATAG TTGCCTGACT CCCCGTCGTT GCTAGGTTAC TGTCATGAGC GGATACATAT

[1816] 7801 TTGAATGTAT TTAGAAAAAT AAACAAAAGA GTTTGTAGAA ACGCAAAAAG GCCATCCGTC

[1817] 7861 AGGATGGCCT TCTGCTTAAT TTGATCGGTG GCAGTTTATG GCGGGCGTCC TGCCCGCCAC

[1818] 7921 CCTCCGGGCC GTTGCTTCGC AACGTTCAAA TCCGCTCCCG GCGGATTTGT CCTACTCAGG

[1819] 7981 AGAGCGTTCA CCGACAAACA ACAGATAAAA CGAAAGGCCC AGTCTTTCGA CTGAGCCTTT

[1820] 8041 CGTTTTATTT GATGCCTGGC AGTTCCCTAC TCTCGCATGG GTTGCGGCCG CCCGGGCCGT

[1821] 8101 CGACCAATTC TCATGTTTGA CAGCTTATCA TCGAATTTCT GCCATTCATC CGCTTATTAT

[1822] 8161 CACTTATTCA GGCGTAGCAA CCAGGCGTTT AAGGGCACCA ATAACTGCCT TAAAAAAATT

[1823] 8221 ACGCCCCGCC CTGCCACTCA TCGCAGTACT GTTGTAATTC ATTAAGCATT CTGCCGACAT

[1824] 8281 GGAAGCCATC ACAAACGGCA TGATGAACCT GAATCGCCAG CGGCATCAGC ACCTTGTCGC

[1825] 8341 CTTGCGTATA ATATTTGCCC ATGGTGAAAA CGGGGGCGAA GAAGTTGTCC ATATTGGCCA

[1826] 8401 CGTTTAAATC AAAACTGGTG AAACTCACCC AGGGATTGGC TGAGACGAAA AACATATTCT

[1827] 8461 CAATAAACCC TTTAGGGAAA TAGGCCAGGT TTTCACCGTA ACACGCCACA TCTTGCGAAT

[1828] 8521 ATATGTGTAG AAACTGCCGG AAATCGTCGT GGTATTCACT CCAGAGCGAT GAAAACGTTT

[1829] 8581 CAGTTTGCTC ATGGAAAACG GTGTAACAAG GGTGAACACT ATCCCATATC ACCAGCTCAC

[1830] 8641 CGTCTTTCAT TGCCATACGA AATTCCGGAT GAGCATTCAT CAGGCGGGCA AGAATGTGAA

[1831] 8701 TAAAGGCCGG ATAAAACTTG TGCTTATTTT TCTTTACGGT CTTTAAAAAG GCCGTAATAT

[1832] 8761 CCAGCTGAAC GGTCTGGTTA TAGGTACATT GAGCAACTGA CTGAAATGCC TCAAAATGTT

[1833] 8821 CTTTACGATG CCATTGGGAT ATATCAACGG TGGTATATCC AGTGATTTTT TTCTCCATTT

[1834] 8881 TAGCTTCCTT AGCTCCTGAA AATCTCGATA ACTCAAAAAA TACGCCCGGT AGTGATCTTA

[1835] 8941 TTTCATTATG GTGAAAGTTG GAACCTCTTA CGTGCCGATC AACGTCTCAT TTTCGCCAAA

[1836] 9001 AGTGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC

[1837] 9061 GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC

[1838] 9121 TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA

[1839] 9181 CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG

[1840] 9241 AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG

[1841] 9301 AAAGCGAAAG GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC

[1842] 9361 ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA

[1843] 9421 TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC

[1844] 9481 CATTCAGGCT GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC

[1845] 9541 AGCTGGCGAA AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC

[1846] 9601 AGTCACGACG TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA

[1847] 9661 TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG

[1848] 9721 TCTCAACCTC CTAGGG

[1849] pLCUS FMC63mTRAC_P2A_mTRBC (서열 식별 번호:166)

[1850] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[1851] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[1852] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[1853] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[1854] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[1855] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGTCTTCCGC

[1856] 361 TTCCTCGCTC ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA

[1857] 421 CTCAAAGGCG GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG

[1858] 481 AGCAAAAGGC CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA

[1859] 541 TAGGCTCCGC CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA

[1860] 601 CCCGACAGGA CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC

[1861] 661 TGTTCCGACC CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC

[1862] 721 GCTTTCTCAT AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT

[1863] 781 GGGCTGTGTG CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG

[1864] 841 TCTTGAGTCC AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG

[1865] 901 GATTAGCAGA GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA

[1866] 961 CGGCTACACT AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG

[1867] 1021 AAAAAGAGTT GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT

[1868] 1081 TGTTTGCAAG CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT

[1869] 1141 TTCTACGGGG TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG

[1870] 1201 GTGAGGCACC TATCTCAGCG ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG

[1871] 1261 TCGTTGCTAG GTTACTGTCA TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA

[1872] 1321 AAAGAGTTTG TAGAAACGCA AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT

[1873] 1381 CGGTGGCAGT TTATGGCGGG CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT

[1874] 1441 TCAAATCCGC TCCCGGCGGA TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA

[1875] 1501 TAAAACGAAA GGCCCAGTCT TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC

[1876] 1561 CCTACTCTCG CATGGGTTGC GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT

[1877] 1621 TATCATCGAA TTTCTGCCAT TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG

[1878] 1681 CGTTTAAGGG CACCAATAAC TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA

[1879] 1741 GTACTGTTGT AATTCATTAA GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG

[1880] 1801 AACCTGAATC GCCAGCGGCA TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT

[1881] 1861 GAAAACGGGG GCGAAGAAGT TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT

[1882] 1921 CACCCAGGGA TTGGCTGAGA CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC

[1883] 1981 CAGGTTTTCA CCGTAACACG CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC

[1884] 2041 GTCGTGGTAT TCACTCCAGA GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA

[1885] 2101 ACAAGGGTGA ACACTATCCC ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC

[1886] 2161 CGGATGAGCA TTCATCAGGC GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT

[1887] 2221 ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT

[1888] 2281 ACATTGAGCA ACTGACTGAA ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC

[1889] 2341 AACGGTGGTA TATCCAGTGA TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT

[1890] 2401 CGATAACTCA AAAAATACGC CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC

[1891] 2461 TCTTACGTGC CGATCAACGT CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG

[1892] 2521 CGTATCACGA GGCCAGCTTG GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG

[1893] 2581 TTTGGAACAA GAGTCCACTA TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG

[1894] 2641 TCTATCAGGG CGATGGCCCA CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA

[1895] 2701 GGTGCCGTAA AGCACTAAAT CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG

[1896] 2761 GAAAGCCGGC GAACGTGGCG AGAAAGGAAG GGAAGAAAGCGAAAGGAGCGGGCGCTAAGG

[1897] 2821 CGCTGGCAAG TGTAGCGGTC ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC

[1898] 2881 CGCTACAGGG CGCGTACTAT GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG

[1899] 2941 CGTAAGGAGA AAATACATCG TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT

[1900] 3001 CAGTGGAGAG GACTTTCACT GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT

[1901] 3061 TATTGACTAG TTATTAATAG TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG

[1902] 3121 AGTTCCGCGT TACATAACTT ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC

[1903] 3181 GCCCATTGAC GTCAATAATG ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT

[1904] 3241 GACGTCAATG GGTGGAGTAT TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC

[1905] 3301 ATATGCCAAG TACGCCCCCT ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG

[1906] 3361 CCCAGTACAT GACCTTATGG GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG

[1907] 3421 CTATTACCAT GGTGATGCGG TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT

[1908] 3481 CACGGGGATT TCCAAGTCTC CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA

[1909] 3541 ATCAACGGGA CTTTCCAAAA TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA

[1910] 3601 GGCGTGTACG GTGGGAGGTC TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG

[1911] 3661 TTAGACCAGA TCTGAGCCTG GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT

[1912] 3721 CAATAAAGCT TGCCTTGAGT GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT

[1913] 3781 AACTAGAGAT CCCTCAGACC CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA

[1914] 3841 ACAGGGACTT GAAAGCGAAA GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG

[1915] 3901 CTGAAGCGCG CACGGCAAGA GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA

[1916] 3961 CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA

[1917] 4021 TTAGATAAAT GGGAAAAAAT TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA

[1918] 4081 CATATAGTTA GGGCAAGCAG GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG

[1919] 4141 ACATCAGAAG GCTGTAGACA AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA

[1920] 4201 GAAGAACTTA GATCATTATA TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA

[1921] 4261 GATGTAAAAG ACACCAAGGA AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG

[1922] 4321 AAAAAGGCAC AGCAAGCGAT CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA

[1923] 4381 TTGGAGAAGT GAATTATATA AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC

[1924] 4441 CACCAAGGCA AAGAGAAGAG TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT

[1925] 4501 GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC

[1926] 4561 GGTACAGGCC AGACAATTAT TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC

[1927] 4621 TATTGAGGCG CAACAGCATC TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC

[1928] 4681 AAGAATCCTG GCTGTGGAAA GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG

[1929] 4741 CTCTGGAAAA CTCATTTGCA CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC

[1930] 4801 TCTGGAACAG ATTTGGAATA ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA

[1931] 4861 CACAAGCTTA ATACACTCCT TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA

[1932] 4921 AGAATTATTG GAATTAGATA AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG

[1933] 4981 GCTGTGGTAT ATAAAATTAT TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT

[1934] 5041 TTTTGCTGTA CTTTCTATAG TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA

[1935] 5101 GACCCACCTC CCAATCCCGA GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT

[1936] 5161 TAAAAGAAAA GGGGGGATTG GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC

[1937] 5221 AACAGACATA CAAACTAAAG AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT

[1938] 5281 TTATTACAGG GACAGCAGAA ATCCACTTTG GAAAGCTGAG CATCCGGCTC CGGTGCCCGT

[1939] 5341 CAGTGGGCAG AGCGCACATC GCCCACAGTC CCCGAGAAGT TGGGGGGAGG GGTCGGCAAT

[1940] 5401 TGAACCGGTG CCTAGAGAAG GTGGCGCGGG GTAAACTGGG AAAGTGATGT CGTGTACTGG

[1941] 5461 CTCCGCCTTT TTCCCGAGGG TGGGGGAGAA CCGTATATAA GTGCAGTAGT CGCCGTGAAC

[1942] 5521 GTTCTTTTTC GCAACGGGTT TGCCGCCAGA ACACAGGTAA GTGCCGTGTG TGGTTCCCGC

[1943] 5581 GGGCCTGGCC TCTTTACGGG TTATGGCCCT TGCGTGCCTT GAATTACTTC CACGCCCCTG

[1944] 5641 GCTGCAGTAC GTGATTCTTG ATCCCGAGCT TCGGGTTGGA AGTGGGTGGG AGAGTTCGAG

[1945] 5701 GCCTTGCGCT TAAGGAGCCC CTTCGCCTCG TGCTTGAGTT GAGGCCTGGC CTGGGCGCTG

[1946] 5761 GGGCCGCCGC GTGCGAATCT GGTGGCACCT TCGCGCCTGT CTCGCTGCTT TCGATAAGTC

[1947] 5821 TCTAGCCATT TAAAATTTTT GATGACCTGC TGCGACGCTT TTTTTCTGGC AAGATAGTCT

[1948] 5881 TGTAAATGCG GGCCAAGATC TGCACACTGG TATTTCGGTT TTTGGGGCCG CGGGCGGCGA

[1949] 5941 CGGGGCCCGT GCGTCCCAGC GCACATGTTC GGCGAGGCGG GGCCTGCGAG CGCGGCCACC

[1950] 6001 GAGAATCGGA CGGGGGTAGT CTCAAGCTGG CCGGCCTGCT CTGGTGCCTG GCCTCGCGCC

[1951] 6061 GCCGTGTATC GCCCCGCCCT GGGCGGCAAG GCTGGCCCGG TCGGCACCAG TTGCGTGAGC

[1952] 6121 GGAAAGATGG CCGCTTCCCG GCCCTGCTGC AGGGAGCTCA AAATGGAGGA CGCGGCGCTC

[1953] 6181 GGGAGAGCGG GCGGGTGAGT CACCCACACA AAGGAAAAGG GCCTTTCCGT CCTCAGCCGT

[1954] 6241 CGCTTCATGT GACTCCACGG AGTACCGGGC GCCGTCCAGG CACCTCGATT AGTTCTCGAG

[1955] 6301 CTTTTGGAGT ACGTCGTCTT TAGGTTGGGG GGAGGGGTTT TATGCGATGG AGTTTCCCCA

[1956] 6361 CACTGAGTGG GTGGAGACTG AAGTTAGGCC AGCTTGGCAC TTGATGTAAT TCTCCTTGGA

[1957] 6421 ATTTGCCCTT TTTGAGTTTG GATCTTGGTT CATTCTCAAG CCTCAGACAG TGGTTCAAAG

[1958] 6481 TTTTTTTCTT CCATTTCAGG TGTCGTGAAA ACTACCCCTC AGAGCCGCCA CCATGCTTCT

[1959] 6541 CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAGA

[1960] 6601 CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT GTCTGCCTCT CTGGGAGACA GAGTCACCAT

[1961] 6661 CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA ATATTTAAAT TGGTATCAGC AGAAACCAGA

[1962] 6721 TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC ATCAAGATTA CACTCAGGAG TCCCATCAAG

[1963] 6781 GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA TTCTCTCACC ATTAGCAACC TGGAGCAAGA

[1964] 6841 AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG TAATACGCTT CCGTACACGT TCGGAGGGGG

[1965] 6901 GACTAAGTTG GAAATAACAG GCTCCACCTC TGGATCCGGC AAGCCCGGAT CTGGCGAGGG

[1966] 6961 ATCCACCAAG GGCGAGGTGA AACTGCAGGA GTCAGGACCT GGCCTGGTGG CGCCCTCACA

[1967] 7021 GAGCCTGTCC GTCACATGCA CTGTCTCAGG GGTCTCATTA CCCGACTATG GTGTAAGCTG

[1968] 7081 GATTCGCCAG CCTCCACGAA AGGGTCTGGA GTGGCTGGGA GTAATATGGG GTAGTGAAAC

[1969] 7141 CACATACTAT AATTCAGCTC TCAAATCCAG ACTGACCATC ATCAAGGACA ACTCCAAGAG

[1970] 7201 CCAAGTTTTC TTAAAAATGA ACAGTCTGCA AACTGATGAC ACAGCCATTT ACTACTGTGC

[1971] 7261 CAAACATTAT TACTACGGTG GTAGCTATGC TATGGACTAC TGGGGTCAAG GAACCTCAGT

[1972] 7321 CACCGTCTCC TCAATTCAGA ACCCTGAGCC TGCCGTGTAC CAGCTGAAGG ACCCTAGAAG

[1973] 7381 CCAGGACAGC ACCCTGTGCC TGTTCACCGA CTTCGACAGC CAGATCAACG TGCCCAAGAC

[1974] 7441 CATGGAAAGC GGCACCTTCA TCACCGATAA GACTGTGCTG GACATGAAGG CCATGGACAG

[1975] 7501 CAAGAGCAAC GGCGCCATTG CNTGGTCCAA TCAGACCAGC TTTACCTGCC AAGACATCTT

[1976] 7561 CAAAGAGACA AACGCCACCT ACCCCAGTTC AGACGTTCCC TGTGATGCCA CGTTGACTGA

[1977] 7621 GAAAAGCTTT GAAACAGATA TGAACCTAAA CTTTCAAAAC CTGTCAGTTA TGGGACTCCG

[1978] 7681 AATCCTCCTG CTGAAAGTAG CCGGATTTAA CCTGCTCATG ACGCTGAGGC TGTGGTCCAG

[1979] 7741 TGGCAGCGGC GCTACTAACT TCAGCCTGCT GAAGCAGGCT GGAGACGTGG AGGAGAACCC

[1980] 7801 TGGACCTATG CTACTACTTG TGACCTCACT ATTGTTATGC GAACTCCCTC ATCCCGCATT

[1981] 7861 CTTGCTGATT CCAGATCTGA GAAATGTGAC TCCACCCAAG GTCTCCTTGT TTGAGCCATC

[1982] 7921 AAAAGCAGAG ATTGCAAACA AACAAAAGGC TACCCTCGTG TGCTTGGCCA GGGGCTTCTT

[1983] 7981 CCCTGACCAC GTGGAGCTGA GCTGGTGGGT GAATGGCAAG GAGGTCCACA GTGGGGTCAG

[1984] 8041 CACGGACCCT CAGGCCTACA AGGAGAGCAA TTATAGCTAC TGCCTGAGCA GCCGCCTGAG

[1985] 8101 GGTCTCTGCT ACCTTCTGGC ACAATCCTCG CAACCACTTC CGCTGCCAAG TGCAGTTCCA

[1986] 8161 TGGGCTTTCA GAGGAGGACA AGTGGCCAGA GGGCTCACCC AAACCTGTCA CACAGAACAT

[1987] 8221 CAGTGCAGAG GCCTGGGGTC GAGCAGACTG TGGTATTACC TCAGCATCCT ATCAACAAGG

[1988] 8281 AGTCTTGTCT GCCACCATCC TCTATGAGAT CCTGCTAGGG AAAGCCACCC TGTATGCTGT

[1989] 8341 GCTTGTCAGT ACACTGGTGG TGATGGCTAT GGTCAAAAGA AAGAATTCAT GAGATATCGA

[1990] 8401 GCATCTTACC GCCATTTATA CCCATATTTG TTCTGTTTTT CTTGATTTGG GTATACATTT

[1991] 8461 AAATGTTAAT AAAACAAAAT GGTGGGGCAA TCATTTACAT TTTTAGGGAT ATGTAATTAC

[1992] 8521 TAGTTCAGGT GTATTGCCAC AAGACAAACA TGTTAAGAAA CTTTCCCGTT ATTTACGCTC

[1993] 8581 TGTTCCTGTT AATCAACCTC TGGATTACAA AATTTGTGAA AGATTGACTG ATATTCTTAA

[1994] 8641 CTATGTTGCT CCTTTTACGC TGTGTGGATA TGCTGCTTTA TAGCCTCTGT ATCTAGCTAT

[1995] 8701 TGCTTCCCGT ACGGCTTTCG TTTTCTCCTC CTTGTATAAA TCCTGGTTGC TGTCTCTTTT

[1996] 8761 AGAGGAGTTG TGGCCCGTTG TCCGTCAACG TGGCGTGGTG TGCTCTGTGT TTGCTGACGC

[1997] 8821 AACCCCCACT GGCTGGGGCA TTGCCACCAC CTGTCAACTC CTTTCTGGGA CTTTCGCTTT

[1998] 8881 CCCCCTCCCG ATCGCCACGG CAGAACTCAT CGCCGCCTGC CTTGCCCGCT GCTGGACAGG

[1999] 8941 GGCTAGGTTG CTGGGCACTG ATAATTCCGT GGTGTTGTCA GTACTGGTAC CTTTAAGACC

[2000] 9001 AATGACTTAC AAGGCAGCTG TAGATCTTAG CCACTTTTTA AAAGAAAAGG GGGGACTGGA

[2001] 9061 AGGGCTAATT CACTCCCAAA GAAGACAAGA TCTGCTTTTT GCCTGTACTG GGTCTCTCTG

[2002] 9121 GTTAGACCAG ATCTGAGCCT GGGAGCTCTC TGGCTAACTA GGGAACCCAC TGCTTAAGCC

[2003] 9181 TCAATAAAGC TTGCCTTGAG TGCTTCAAGT AGTGTGTGCC CGTCTGTTGT GTGACTCTGG

[2004] 9241 TAACTAGAGA TCCCTCAGAC CCTTTTAGTC AGTGTGGAAA ATCTCTAGCA

[2005] pLCUS FMC63SLmTRAC_P2A_mTRBC (서열 식별 번호:167)

[2006] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[2007] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[2008] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[2009] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[2010] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[2011] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGTCTTCCGC

[2012] 361 TTCCTCGCTC ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA

[2013] 421 CTCAAAGGCG GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG

[2014] 481 AGCAAAAGGC CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA

[2015] 541 TAGGCTCCGC CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA

[2016] 601 CCCGACAGGA CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC

[2017] 661 TGTTCCGACC CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC

[2018] 721 GCTTTCTCAT AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT

[2019] 781 GGGCTGTGTG CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG

[2020] 841 TCTTGAGTCC AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG

[2021] 901 GATTAGCAGA GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA

[2022] 961 CGGCTACACT AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG

[2023] 1021 AAAAAGAGTT GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT

[2024] 1081 TGTTTGCAAG CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT

[2025] 1141 TTCTACGGGG TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG

[2026] 1201 GTGAGGCACC TATCTCAGCG ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG

[2027] 1261 TCGTTGCTAG GTTACTGTCA TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA

[2028] 1321 AAAGAGTTTG TAGAAACGCA AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT

[2029] 1381 CGGTGGCAGT TTATGGCGGG CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT

[2030] 1441 TCAAATCCGC TCCCGGCGGA TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA

[2031] 1501 TAAAACGAAA GGCCCAGTCT TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC

[2032] 1561 CCTACTCTCG CATGGGTTGC GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT

[2033] 1621 TATCATCGAA TTTCTGCCAT TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG

[2034] 1681 CGTTTAAGGG CACCAATAAC TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA

[2035] 1741 GTACTGTTGT AATTCATTAA GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG

[2036] 1801 AACCTGAATC GCCAGCGGCA TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT

[2037] 1861 GAAAACGGGG GCGAAGAAGT TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT

[2038] 1921 CACCCAGGGA TTGGCTGAGA CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC

[2039] 1981 CAGGTTTTCA CCGTAACACG CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC

[2040] 2041 GTCGTGGTAT TCACTCCAGA GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA

[2041] 2101 ACAAGGGTGA ACACTATCCC ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC

[2042] 2161 CGGATGAGCA TTCATCAGGC GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT

[2043] 2221 ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT

[2044] 2281 ACATTGAGCA ACTGACTGAA ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC

[2045] 2341 AACGGTGGTA TATCCAGTGA TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT

[2046] 2401 CGATAACTCA AAAAATACGC CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC

[2047] 2461 TCTTACGTGC CGATCAACGT CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG

[2048] 2521 CGTATCACGA GGCCAGCTTG GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG

[2049] 2581 TTTGGAACAA GAGTCCACTA TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG

[2050] 2641 TCTATCAGGG CGATGGCCCA CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA

[2051] 2701 GGTGCCGTAA AGCACTAAAT CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG

[2052] 2761 GAAAGCCGGC GAACGTGGCG AGAAAGGAAG GGAAGAAAGCGAAAGGAGCGGGCGCTAAGG

[2053] 2821 CGCTGGCAAG TGTAGCGGTC ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC

[2054] 2881 CGCTACAGGG CGCGTACTAT GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG

[2055] 2941 CGTAAGGAGA AAATACATCG TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT

[2056] 3001 CAGTGGAGAG GACTTTCACT GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT

[2057] 3061 TATTGACTAG TTATTAATAG TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG

[2058] 3121 AGTTCCGCGT TACATAACTT ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC

[2059] 3181 GCCCATTGAC GTCAATAATG ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT

[2060] 3241 GACGTCAATG GGTGGAGTAT TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC

[2061] 3301 ATATGCCAAG TACGCCCCCT ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG

[2062] 3361 CCCAGTACAT GACCTTATGG GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG

[2063] 3421 CTATTACCAT GGTGATGCGG TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT

[2064] 3481 CACGGGGATT TCCAAGTCTC CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA

[2065] 3541 ATCAACGGGA CTTTCCAAAA TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA

[2066] 3601 GGCGTGTACG GTGGGAGGTC TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG

[2067] 3661 TTAGACCAGA TCTGAGCCTG GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT

[2068] 3721 CAATAAAGCT TGCCTTGAGT GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT

[2069] 3781 AACTAGAGAT CCCTCAGACC CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA

[2070] 3841 ACAGGGACTT GAAAGCGAAA GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG

[2071] 3901 CTGAAGCGCG CACGGCAAGA GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA

[2072] 3961 CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA

[2073] 4021 TTAGATAAAT GGGAAAAAAT TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA

[2074] 4081 CATATAGTTA GGGCAAGCAG GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG

[2075] 4141 ACATCAGAAG GCTGTAGACA AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA

[2076] 4201 GAAGAACTTA GATCATTATA TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA

[2077] 4261 GATGTAAAAG ACACCAAGGA AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG

[2078] 4321 AAAAAGGCAC AGCAAGCGAT CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA

[2079] 4381 TTGGAGAAGT GAATTATATA AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC

[2080] 4441 CACCAAGGCA AAGAGAAGAG TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT

[2081] 4501 GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC

[2082] 4561 GGTACAGGCC AGACAATTAT TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC

[2083] 4621 TATTGAGGCG CAACAGCATC TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC

[2084] 4681 AAGAATCCTG GCTGTGGAAA GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG

[2085] 4741 CTCTGGAAAA CTCATTTGCA CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC

[2086] 4801 TCTGGAACAG ATTTGGAATA ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA

[2087] 4861 CACAAGCTTA ATACACTCCT TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA

[2088] 4921 AGAATTATTG GAATTAGATA AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG

[2089] 4981 GCTGTGGTAT ATAAAATTAT TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT

[2090] 5041 TTTTGCTGTA CTTTCTATAG TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA

[2091] 5101 GACCCACCTC CCAATCCCGA GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT

[2092] 5161 TAAAAGAAAA GGGGGGATTG GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC

[2093] 5221 AACAGACATA CAAACTAAAG AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT

[2094] 5281 TTATTACAGG GACAGCAGAA ATCCACTTTG GAAAGCTGAG CATCCGGCTC CGGTGCCCGT

[2095] 5341 CAGTGGGCAG AGCGCACATC GCCCACAGTC CCCGAGAAGT TGGGGGGAGG GGTCGGCAAT

[2096] 5401 TGAACCGGTG CCTAGAGAAG GTGGCGCGGG GTAAACTGGG AAAGTGATGT CGTGTACTGG

[2097] 5461 CTCCGCCTTT TTCCCGAGGG TGGGGGAGAA CCGTATATAA GTGCAGTAGT CGCCGTGAAC

[2098] 5521 GTTCTTTTTC GCAACGGGTT TGCCGCCAGA ACACAGGTAA GTGCCGTGTG TGGTTCCCGC

[2099] 5581 GGGCCTGGCC TCTTTACGGG TTATGGCCCT TGCGTGCCTT GAATTACTTC CACGCCCCTG

[2100] 5641 GCTGCAGTAC GTGATTCTTG ATCCCGAGCT TCGGGTTGGA AGTGGGTGGG AGAGTTCGAG

[2101] 5701 GCCTTGCGCT TAAGGAGCCC CTTCGCCTCG TGCTTGAGTT GAGGCCTGGC CTGGGCGCTG

[2102] 5761 GGGCCGCCGC GTGCGAATCT GGTGGCACCT TCGCGCCTGT CTCGCTGCTT TCGATAAGTC

[2103] 5821 TCTAGCCATT TAAAATTTTT GATGACCTGC TGCGACGCTT TTTTTCTGGC AAGATAGTCT

[2104] 5881 TGTAAATGCG GGCCAAGATC TGCACACTGG TATTTCGGTT TTTGGGGCCG CGGGCGGCGA

[2105] 5941 CGGGGCCCGT GCGTCCCAGC GCACATGTTC GGCGAGGCGG GGCCTGCGAG CGCGGCCACC

[2106] 6001 GAGAATCGGA CGGGGGTAGT CTCAAGCTGG CCGGCCTGCT CTGGTGCCTG GCCTCGCGCC

[2107] 6061 GCCGTGTATC GCCCCGCCCT GGGCGGCAAG GCTGGCCCGG TCGGCACCAG TTGCGTGAGC

[2108] 6121 GGAAAGATGG CCGCTTCCCG GCCCTGCTGC AGGGAGCTCA AAATGGAGGA CGCGGCGCTC

[2109] 6181 GGGAGAGCGG GCGGGTGAGT CACCCACACA AAGGAAAAGG GCCTTTCCGT CCTCAGCCGT

[2110] 6241 CGCTTCATGT GACTCCACGG AGTACCGGGC GCCGTCCAGG CACCTCGATT AGTTCTCGAG

[2111] 6301 CTTTTGGAGT ACGTCGTCTT TAGGTTGGGG GGAGGGGTTT TATGCGATGG AGTTTCCCCA

[2112] 6361 CACTGAGTGG GTGGAGACTG AAGTTAGGCC AGCTTGGCAC TTGATGTAAT TCTCCTTGGA

[2113] 6421 ATTTGCCCTT TTTGAGTTTG GATCTTGGTT CATTCTCAAG CCTCAGACAG TGGTTCAAAG

[2114] 6481 TTTTTTTCTT CCATTTCAGG TGTCGTGAAA ACTACCCCTC AGAGCCGCCA CCATGCTTCT

[2115] 6541 CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAGA

[2116] 6601 CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT GTCTGCCTCT CTGGGAGACA GAGTCACCAT

[2117] 6661 CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA ATATTTAAAT TGGTATCAGC AGAAACCAGA

[2118] 6721 TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC ATCAAGATTA CACTCAGGAG TCCCATCAAG

[2119] 6781 GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA TTCTCTCACC ATTAGCAACC TGGAGCAAGA

[2120] 6841 AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG TAATACGCTT CCGTACACGT TCGGAGGGGG

[2121] 6901 GACTAAGTTG GAAATAACAG GCTCCACCTC TGGATCCGGC AAGCCCGGAT CTGGCGAGGG

[2122] 6961 ATCCACCAAG GGCGAGGTGA AACTGCAGGA GTCAGGACCT GGCCTGGTGG CGCCCTCACA

[2123] 7021 GAGCCTGTCC GTCACATGCA CTGTCTCAGG GGTCTCATTA CCCGACTATG GTGTAAGCTG

[2124] 7081 GATTCGCCAG CCTCCACGAA AGGGTCTGGA GTGGCTGGGA GTAATATGGG GTAGTGAAAC

[2125] 7141 CACATACTAT AATTCAGCTC TCAAATCCAG ACTGACCATC ATCAAGGACA ACTCCAAGAG

[2126] 7201 CCAAGTTTTC TTAAAAATGA ACAGTCTGCA AACTGATGAC ACAGCCATTT ACTACTGTGC

[2127] 7261 CAAACATTAT TACTACGGTG GTAGCTATGC TATGGACTAC TGGGGTCAAG GAACCTCAGT

[2128] 7321 CACCGTCTCC TCAGCTGCCG CAGGAGGCGG TGGCAGTGGT GGGGGAGGAT CTGGCGGAGG

[2129] 7381 AGGTAGCTTG GAAATTCAGA ACCCTGAGCC TGCCGTGTAC CAGCTGAAGG ACCCTAGAAG

[2130] 7441 CCAGGACAGC ACCCTGTGCC TGTTCACCGA CTTCGACAGC CAGATCAACG TGCCCAAGAC

[2131] 7501 CATGGAAAGC GGCACCTTCA TCACCGATAA GACTGTGCTG GACATGAAGG CCATGGACAG

[2132] 7561 CAAGAGCAAC GGCGCCATTG CNTGGTCCAA TCAGACCAGC TTTACCTGCC AAGACATCTT

[2133] 7621 CAAAGAGACA AACGCCACCT ACCCCAGTTC AGACGTTCCC TGTGATGCCA CGTTGACTGA

[2134] 7681 GAAAAGCTTT GAAACAGATA TGAACCTAAA CTTTCAAAAC CTGTCAGTTA TGGGACTCCG

[2135] 7741 AATCCTCCTG CTGAAAGTAG CCGGATTTAA CCTGCTCATG ACGCTGAGGC TGTGGTCCAG

[2136] 7801 TGGCAGCGGC GCTACTAACT TCAGCCTGCT GAAGCAGGCT GGAGACGTGG AGGAGAACCC

[2137] 7861 TGGACCTATG CTACTACTTG TGACCTCACT ATTGTTATGC GAACTCCCTC ATCCCGCATT

[2138] 7921 CTTGCTGATT CCAGATCTGA GAAATGTGAC TCCACCCAAG GTCTCCTTGT TTGAGCCATC

[2139] 7981 AAAAGCAGAG ATTGCAAACA AACAAAAGGC TACCCTCGTG TGCTTGGCCA GGGGCTTCTT

[2140] 8041 CCCTGACCAC GTGGAGCTGA GCTGGTGGGT GAATGGCAAG GAGGTCCACA GTGGGGTCAG

[2141] 8101 CACGGACCCT CAGGCCTACA AGGAGAGCAA TTATAGCTAC TGCCTGAGCA GCCGCCTGAG

[2142] 8161 GGTCTCTGCT ACCTTCTGGC ACAATCCTCG CAACCACTTC CGCTGCCAAG TGCAGTTCCA

[2143] 8221 TGGGCTTTCA GAGGAGGACA AGTGGCCAGA GGGCTCACCC AAACCTGTCA CACAGAACAT

[2144] 8281 CAGTGCAGAG GCCTGGGGTC GAGCAGACTG TGGTATTACC TCAGCATCCT ATCAACAAGG

[2145] 8341 AGTCTTGTCT GCCACCATCC TCTATGAGAT CCTGCTAGGG AAAGCCACCC TGTATGCTGT

[2146] 8401 GCTTGTCAGT ACACTGGTGG TGATGGCTAT GGTCAAAAGA AAGAATTCAT GAGATATCGA

[2147] 8461 GCATCTTACC GCCATTTATA CCCATATTTG TTCTGTTTTT CTTGATTTGG GTATACATTT

[2148] 8521 AAATGTTAAT AAAACAAAAT GGTGGGGCAA TCATTTACAT TTTTAGGGAT ATGTAATTAC

[2149] 8581 TAGTTCAGGT GTATTGCCAC AAGACAAACA TGTTAAGAAA CTTTCCCGTT ATTTACGCTC

[2150] 8641 TGTTCCTGTT AATCAACCTC TGGATTACAA AATTTGTGAA AGATTGACTG ATATTCTTAA

[2151] 8701 CTATGTTGCT CCTTTTACGC TGTGTGGATA TGCTGCTTTA TAGCCTCTGT ATCTAGCTAT

[2152] 8761 TGCTTCCCGT ACGGCTTTCG TTTTCTCCTC CTTGTATAAA TCCTGGTTGC TGTCTCTTTT

[2153] 8821 AGAGGAGTTG TGGCCCGTTG TCCGTCAACG TGGCGTGGTG TGCTCTGTGT TTGCTGACGC

[2154] 8881 AACCCCCACT GGCTGGGGCA TTGCCACCAC CTGTCAACTC CTTTCTGGGA CTTTCGCTTT

[2155] 8941 CCCCCTCCCG ATCGCCACGG CAGAACTCAT CGCCGCCTGC CTTGCCCGCT GCTGGACAGG

[2156] 9001 GGCTAGGTTG CTGGGCACTG ATAATTCCGT GGTGTTGTCA GTACTGGTAC CTTTAAGACC

[2157] 9061 AATGACTTAC AAGGCAGCTG TAGATCTTAG CCACTTTTTA AAAGAAAAGG GGGGACTGGA

[2158] 9121 AGGGCTAATT CACTCCCAAA GAAGACAAGA TCTGCTTTTT GCCTGTACTG GGTCTCTCTG

[2159] 9181 GTTAGACCAG ATCTGAGCCT GGGAGCTCTC TGGCTAACTA GGGAACCCAC TGCTTAAGCC

[2160] 9241 TCAATAAAGC TTGCCTTGAG TGCTTCAAGT AGTGTGTGCC CGTCTGTTGT GTGACTCTGG

[2161] 9301 TAACTAGAGA TCCCTCAGAC CCTTTTAGTC AGTGTGGAAA ATCTCTAGCA

[2162] pLCUS FMC63SLmTRAC_P2A_FMC63SLmTRBC (서열 식별 번호:168)

[2163] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[2164] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[2165] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[2166] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[2167] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[2168] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGTCTTCCGC

[2169] 361 TTCCTCGCTC ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA

[2170] 421 CTCAAAGGCG GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG

[2171] 481 AGCAAAAGGC CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA

[2172] 541 TAGGCTCCGC CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA

[2173] 601 CCCGACAGGA CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC

[2174] 661 TGTTCCGACC CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC

[2175] 721 GCTTTCTCAT AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT

[2176] 781 GGGCTGTGTG CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG

[2177] 841 TCTTGAGTCC AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG

[2178] 901 GATTAGCAGA GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA

[2179] 961 CGGCTACACT AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG

[2180] 1021 AAAAAGAGTT GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT

[2181] 1081 TGTTTGCAAG CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT

[2182] 1141 TTCTACGGGG TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG

[2183] 1201 GTGAGGCACC TATCTCAGCG ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG

[2184] 1261 TCGTTGCTAG GTTACTGTCA TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA

[2185] 1321 AAAGAGTTTG TAGAAACGCA AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT

[2186] 1381 CGGTGGCAGT TTATGGCGGG CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT

[2187] 1441 TCAAATCCGC TCCCGGCGGA TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA

[2188] 1501 TAAAACGAAA GGCCCAGTCT TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC

[2189] 1561 CCTACTCTCG CATGGGTTGC GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT

[2190] 1621 TATCATCGAA TTTCTGCCAT TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG

[2191] 1681 CGTTTAAGGG CACCAATAAC TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA

[2192] 1741 GTACTGTTGT AATTCATTAA GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG

[2193] 1801 AACCTGAATC GCCAGCGGCA TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT

[2194] 1861 GAAAACGGGG GCGAAGAAGT TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT

[2195] 1921 CACCCAGGGA TTGGCTGAGA CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC

[2196] 1981 CAGGTTTTCA CCGTAACACG CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC

[2197] 2041 GTCGTGGTAT TCACTCCAGA GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA

[2198] 2101 ACAAGGGTGA ACACTATCCC ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC

[2199] 2161 CGGATGAGCA TTCATCAGGC GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT

[2200] 2221 ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT

[2201] 2281 ACATTGAGCA ACTGACTGAA ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC

[2202] 2341 AACGGTGGTA TATCCAGTGA TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT

[2203] 2401 CGATAACTCA AAAAATACGC CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC

[2204] 2461 TCTTACGTGC CGATCAACGT CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG

[2205] 2521 CGTATCACGA GGCCAGCTTG GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG

[2206] 2581 TTTGGAACAA GAGTCCACTA TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG

[2207] 2641 TCTATCAGGG CGATGGCCCA CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA

[2208] 2701 GGTGCCGTAA AGCACTAAAT CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG

[2209] 2761 GAAAGCCGGC GAACGTGGCG AGAAAGGAAG GGAAGAAAGCGAAAGGAGCGGGCGCTAAGG

[2210] 2821 CGCTGGCAAG TGTAGCGGTC ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC

[2211] 2881 CGCTACAGGG CGCGTACTAT GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG

[2212] 2941 CGTAAGGAGA AAATACATCG TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT

[2213] 3001 CAGTGGAGAG GACTTTCACT GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT

[2214] 3061 TATTGACTAG TTATTAATAG TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG

[2215] 3121 AGTTCCGCGT TACATAACTT ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC

[2216] 3181 GCCCATTGAC GTCAATAATG ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT

[2217] 3241 GACGTCAATG GGTGGAGTAT TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC

[2218] 3301 ATATGCCAAG TACGCCCCCT ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG

[2219] 3361 CCCAGTACAT GACCTTATGG GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG

[2220] 3421 CTATTACCAT GGTGATGCGG TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT

[2221] 3481 CACGGGGATT TCCAAGTCTC CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA

[2222] 3541 ATCAACGGGA CTTTCCAAAA TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA

[2223] 3601 GGCGTGTACG GTGGGAGGTC TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG

[2224] 3661 TTAGACCAGA TCTGAGCCTG GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT

[2225] 3721 CAATAAAGCT TGCCTTGAGT GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT

[2226] 3781 AACTAGAGAT CCCTCAGACC CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA

[2227] 3841 ACAGGGACTT GAAAGCGAAA GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG

[2228] 3901 CTGAAGCGCG CACGGCAAGA GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA

[2229] 3961 CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA

[2230] 4021 TTAGATAAAT GGGAAAAAAT TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA

[2231] 4081 CATATAGTTA GGGCAAGCAG GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG

[2232] 4141 ACATCAGAAG GCTGTAGACA AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA

[2233] 4201 GAAGAACTTA GATCATTATA TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA

[2234] 4261 GATGTAAAAG ACACCAAGGA AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG

[2235] 4321 AAAAAGGCAC AGCAAGCGAT CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA

[2236] 4381 TTGGAGAAGT GAATTATATA AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC

[2237] 4441 CACCAAGGCA AAGAGAAGAG TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT

[2238] 4501 GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC

[2239] 4561 GGTACAGGCC AGACAATTAT TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC

[2240] 4621 TATTGAGGCG CAACAGCATC TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC

[2241] 4681 AAGAATCCTG GCTGTGGAAA GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG

[2242] 4741 CTCTGGAAAA CTCATTTGCA CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC

[2243] 4801 TCTGGAACAG ATTTGGAATA ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA

[2244] 4861 CACAAGCTTA ATACACTCCT TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA

[2245] 4921 AGAATTATTG GAATTAGATA AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG

[2246] 4981 GCTGTGGTAT ATAAAATTAT TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT

[2247] 5041 TTTTGCTGTA CTTTCTATAG TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA

[2248] 5101 GACCCACCTC CCAATCCCGA GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT

[2249] 5161 TAAAAGAAAA GGGGGGATTG GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC

[2250] 5221 AACAGACATA CAAACTAAAG AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT

[2251] 5281 TTATTACAGG GACAGCAGAA ATCCACTTTG GAAAGCTGAG CATCCGGCTC CGGTGCCCGT

[2252] 5341 CAGTGGGCAG AGCGCACATC GCCCACAGTC CCCGAGAAGT TGGGGGGAGG GGTCGGCAAT

[2253] 5401 TGAACCGGTG CCTAGAGAAG GTGGCGCGGG GTAAACTGGG AAAGTGATGT CGTGTACTGG

[2254] 5461 CTCCGCCTTT TTCCCGAGGG TGGGGGAGAA CCGTATATAA GTGCAGTAGT CGCCGTGAAC

[2255] 5521 GTTCTTTTTC GCAACGGGTT TGCCGCCAGA ACACAGGTAA GTGCCGTGTG TGGTTCCCGC

[2256] 5581 GGGCCTGGCC TCTTTACGGG TTATGGCCCT TGCGTGCCTT GAATTACTTC CACGCCCCTG

[2257] 5641 GCTGCAGTAC GTGATTCTTG ATCCCGAGCT TCGGGTTGGA AGTGGGTGGG AGAGTTCGAG

[2258] 5701 GCCTTGCGCT TAAGGAGCCC CTTCGCCTCG TGCTTGAGTT GAGGCCTGGC CTGGGCGCTG

[2259] 5761 GGGCCGCCGC GTGCGAATCT GGTGGCACCT TCGCGCCTGT CTCGCTGCTT TCGATAAGTC

[2260] 5821 TCTAGCCATT TAAAATTTTT GATGACCTGC TGCGACGCTT TTTTTCTGGC AAGATAGTCT

[2261] 5881 TGTAAATGCG GGCCAAGATC TGCACACTGG TATTTCGGTT TTTGGGGCCG CGGGCGGCGA

[2262] 5941 CGGGGCCCGT GCGTCCCAGC GCACATGTTC GGCGAGGCGG GGCCTGCGAG CGCGGCCACC

[2263] 6001 GAGAATCGGA CGGGGGTAGT CTCAAGCTGG CCGGCCTGCT CTGGTGCCTG GCCTCGCGCC

[2264] 6061 GCCGTGTATC GCCCCGCCCT GGGCGGCAAG GCTGGCCCGG TCGGCACCAG TTGCGTGAGC

[2265] 6121 GGAAAGATGG CCGCTTCCCG GCCCTGCTGC AGGGAGCTCA AAATGGAGGA CGCGGCGCTC

[2266] 6181 GGGAGAGCGG GCGGGTGAGT CACCCACACA AAGGAAAAGG GCCTTTCCGT CCTCAGCCGT

[2267] 6241 CGCTTCATGT GACTCCACGG AGTACCGGGC GCCGTCCAGG CACCTCGATT AGTTCTCGAG

[2268] 6301 CTTTTGGAGT ACGTCGTCTT TAGGTTGGGG GGAGGGGTTT TATGCGATGG AGTTTCCCCA

[2269] 6361 CACTGAGTGG GTGGAGACTG AAGTTAGGCC AGCTTGGCAC TTGATGTAAT TCTCCTTGGA

[2270] 6421 ATTTGCCCTT TTTGAGTTTG GATCTTGGTT CATTCTCAAG CCTCAGACAG TGGTTCAAAG

[2271] 6481 TTTTTTTCTT CCATTTCAGG TGTCGTGAAA ACTACCCCTC AGAGCCGCCA CCATGCTTCT

[2272] 6541 CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAGA

[2273] 6601 CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT GTCTGCCTCT CTGGGAGACA GAGTCACCAT

[2274] 6661 CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA ATATTTAAAT TGGTATCAGC AGAAACCAGA

[2275] 6721 TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC ATCAAGATTA CACTCAGGAG TCCCATCAAG

[2276] 6781 GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA TTCTCTCACC ATTAGCAACC TGGAGCAAGA

[2277] 6841 AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG TAATACGCTT CCGTACACGT TCGGAGGGGG

[2278] 6901 GACTAAGTTG GAAATAACAG GCTCCACCTC TGGATCCGGC AAGCCCGGAT CTGGCGAGGG

[2279] 6961 ATCCACCAAG GGCGAGGTGA AACTGCAGGA GTCAGGACCT GGCCTGGTGG CGCCCTCACA

[2280] 7021 GAGCCTGTCC GTCACATGCA CTGTCTCAGG GGTCTCATTA CCCGACTATG GTGTAAGCTG

[2281] 7081 GATTCGCCAG CCTCCACGAA AGGGTCTGGA GTGGCTGGGA GTAATATGGG GTAGTGAAAC

[2282] 7141 CACATACTAT AATTCAGCTC TCAAATCCAG ACTGACCATC ATCAAGGACA ACTCCAAGAG

[2283] 7201 CCAAGTTTTC TTAAAAATGA ACAGTCTGCA AACTGATGAC ACAGCCATTT ACTACTGTGC

[2284] 7261 CAAACATTAT TACTACGGTG GTAGCTATGC TATGGACTAC TGGGGTCAAG GAACCTCAGT

[2285] 7321 CACCGTCTCC TCAGCTGCCG CAGGAGGCGG TGGCAGTGGT GGGGGAGGAT CTGGCGGAGG

[2286] 7381 AGGTAGCTTG GAAATTCAGA ACCCTGAGCC TGCCGTGTAC CAGCTGAAGG ACCCTAGAAG

[2287] 7441 CCAGGACAGC ACCCTGTGCC TGTTCACCGA CTTCGACAGC CAGATCAACG TGCCCAAGAC

[2288] 7501 CATGGAAAGC GGCACCTTCA TCACCGATAA GACTGTGCTG GACATGAAGG CCATGGACAG

[2289] 7561 CAAGAGCAAC GGCGCCATTG CNTGGTCCAA TCAGACCAGC TTTACCTGCC AAGACATCTT

[2290] 7621 CAAAGAGACA AACGCCACCT ACCCCAGTTC AGACGTTCCC TGTGATGCCA CGTTGACTGA

[2291] 7681 GAAAAGCTTT GAAACAGATA TGAACCTAAA CTTTCAAAAC CTGTCAGTTA TGGGACTCCG

[2292] 7741 AATCCTCCTG CTGAAAGTAG CCGGATTTAA CCTGCTCATG ACGCTGAGGC TGTGGTCCAG

[2293] 7801 TGGCAGCGGC GCTACTAACT TCAGCCTGCT GAAGCAGGCT GGAGACGTGG AGGAGAACCC

[2294] 7861 TGGACCTATG CTACTACTTG TGACCTCACT ATTGTTATGC GAACTCCCTC ATCCCGCATT

[2295] 7921 CTTGCTGATT CCAGACATTC AGATGACTCA AACAACTTCC AGCCTCTCCG CCTCACTCGG

[2296] 7981 CGACCGCGTA ACAATAAGCT GTCGGGCCTC GCAAGATATT AGTAAGTACC TGAATTGGTA

[2297] 8041 TCAGCAAAAA CCCGATGGTA CAGTCAAGCT TCTGATCTAC CATACCAGTC GTCTGCACAG

[2298] 8101 CGGTGTCCCC AGCAGGTTCA GCGGCTCAGG ATCTGGTACC GATTATTCAC TGACGATTTC

[2299] 8161 CAACCTTGAG CAGGAGGACA TCGCCACCTA CTTCTGCCAG CAGGGTAATA CTCTGCCGTA

[2300] 8221 CACATTCGGG GGCGGTACCA AGCTCGAGAT CACGGGTTCA ACAAGCGGTT CTGGCAAGCC

[2301] 8281 AGGCAGCGGC GAGGGGAGTA CAAAGGGGGA GGTGAAGTTG CAGGAAAGTG GCCCTGGATT

[2302] 8341 GGTGGCCCCG AGCCAGAGTC TGTCTGTCAC CTGCACAGTT TCCGGAGTAA GTCTGCCTGA

[2303] 8401 TTACGGAGTG TCCTGGATCA GACAGCCACC TCGAAAGGGC TTGGAGTGGC TTGGGGTCAT

[2304] 8461 TTGGGGCAGT GAAACCACAT ACTACAACAG CGCTCTTAAG TCCAGGCTCA CTATCATCAA

[2305] 8521 GGACAATTCA AAGAGCCAAG TATTCTTGAA AATGAATTCC CTGCAGACTG ATGACACCGC

[2306] 8581 TATTTATTAT TGCGCTAAAC ATTATTACTA TGGAGGTTCT TATGCCATGG ACTACTGGGG

[2307] 8641 GCAGGGTACC TCTGTGACAG TGAGTTCAGC TGCAGCTGGA GGTGGAGGTA GCGGAGGCGG

[2308] 8701 TGGTAGTGGA GGGGGTGGTT CTCTGGAAGA TCTGAGAAAT GTGACTCCAC CCAAGGTCTC

[2309] 8761 CTTGTTTGAG CCATCAAAAG CAGAGATTGC AAACAAACAA AAGGCTACCC TCGTGTGCTT

[2310] 8821 GGCCAGGGGC TTCTTCCCTG ACCACGTGGA GCTGAGCTGG TGGGTGAATG GCAAGGAGGT

[2311] 8881 CCACAGTGGG GTCAGCACGG ACCCTCAGGC CTACAAGGAG AGCAATTATA GCTACTGCCT

[2312] 8941 GAGCAGCCGC CTGAGGGTCT CTGCTACCTT CTGGCACAAT CCTCGCAACC ACTTCCGCTG

[2313] 9001 CCAAGTGCAG TTCCATGGGC TTTCAGAGGA GGACAAGTGG CCAGAGGGCT CACCCAAACC

[2314] 9061 TGTCACACAG AACATCAGTG CAGAGGCCTG GGGTCGAGCA GACTGTGGTA TTACCTCAGC

[2315] 9121 ATCCTATCAA CAAGGAGTCT TGTCTGCCAC CATCCTCTAT GAGATCCTGC TAGGGAAAGC

[2316] 9181 CACCCTGTAT GCTGTGCTTG TCAGTACACT GGTGGTGATG GCTATGGTCA AAAGAAAGAA

[2317] 9241 TTCATGAGAT ATCGAGCATC TTACCGCCAT TTATACCCAT ATTTGTTCTG TTTTTCTTGA

[2318] 9301 TTTGGGTATA CATTTAAATG TTAATAAAAC AAAATGGTGG GGCAATCATT TACATTTTTA

[2319] 9361 GGGATATGTA ATTACTAGTT CAGGTGTATT GCCACAAGAC AAACATGTTA AGAAACTTTC

[2320] 9421 CCGTTATTTA CGCTCTGTTC CTGTTAATCA ACCTCTGGAT TACAAAATTT GTGAAAGATT

[2321] 9481 GACTGATATT CTTAACTATG TTGCTCCTTT TACGCTGTGT GGATATGCTG CTTTATAGCC

[2322] 9541 TCTGTATCTA GCTATTGCTT CCCGTACGGC TTTCGTTTTC TCCTCCTTGT ATAAATCCTG

[2323] 9601 GTTGCTGTCT CTTTTAGAGG AGTTGTGGCC CGTTGTCCGT CAACGTGGCG TGGTGTGCTC

[2324] 9661 TGTGTTTGCT GACGCAACCC CCACTGGCTG GGGCATTGCC ACCACCTGTC AACTCCTTTC

[2325] 9721 TGGGACTTTC GCTTTCCCCC TCCCGATCGC CACGGCAGAA CTCATCGCCG CCTGCCTTGC

[2326] 9781 CCGCTGCTGG ACAGGGGCTA GGTTGCTGGG CACTGATAAT TCCGTGGTGT TGTCAGTACT

[2327] 9841 GGTACCTTTA AGACCAATGA CTTACAAGGC AGCTGTAGAT CTTAGCCACT TTTTAAAAGA

[2328] 9901 AAAGGGGGGA CTGGAAGGGC TAATTCACTC CCAAAGAAGA CAAGATCTGC TTTTTGCCTG

[2329] 9961 TACTGGGTCT CTCTGGTTAG ACCAGATCTG AGCCTGGGAG CTCTCTGGCT AACTAGGGAA

[2330] 10021 CCCACTGCTT AAGCCTCAAT AAAGCTTGCC TTGAGTGCTT CAAGTAGTGT GTGCCCGTCT

[2331] 10081 GTTGTGTGAC TCTGGTAACT AGAGATCCCT CAGACCCTTT TAGTCAGTGT GGAAAATCTC

[2332] 10141 TAGCA

[2333] pLKaUS FMC63mTRAC_P2A_FMC63mTRBC (서열 식별 번호:169)

[2334] 1 CTCGCTGCGC TCGGTCGTTC GGCTGCGGCG AGCGGTATCA GCTCACTCAA AGGCGGTAAT

[2335] 61 ACGGTTATCC ACAGAATCAG GGGATAACGC AGGAAAGAAC ATGTGAGCAA AAGGCCAGCA

[2336] 121 AAAGGCCAGG AACCGTAAAA AGGCCGCGTT GCTGGCGTTT TTCCATAGGC TCCGCCCCCC

[2337] 181 TGACGAGCAT CACAAAAATC GACGCTCAAG TCAGAGGTGG CGAAACCCGA CAGGACTATA

[2338] 241 AAGATACCAG GCGTTTCCCC CTGGAAGCTC CCTCGTGCGC TCTCCTGTTC CGACCCTGCC

[2339] 301 GCTTACCGGA TACCTGTCCG CCTTTCTCCC TTCGGGAAGC GTGGCGCTTT CTCATAGCTC

[2340] 361 ACGCTGTAGG TATCTCAGTT CGGTGTAGGT CGTTCGCTCC AAGCTGGGCT GTGTGCACGA

[2341] 421 ACCCCCCGTT CAGCCCGACC GCTGCGCCTT ATCCGGTAAC TATCGTCTTG AGTCCAACCC

[2342] 481 GGTAAGACAC GACTTATCGC CACTGGCAGC AGCCACTGGT AACAGGATTA GCAGAGCGAG

[2343] 541 GTATGTAGGC GGTGCTACAG AGTTCTTGAA GTGGTGGCCT AACTACGGCT ACACTAGAAG

[2344] 601 AACAGTATTT GGTATCTGCG CTCTGCTGAA GCCAGTTACC TTCGGAAAAA GAGTTGGTAG

[2345] 661 CTCTTGATCC GGCAAACAAA CCACCGCTGG TAGCGGTGGT TTTTTTGTTT GCAAGCAGCA

[2346] 721 GATTACGCGC AGAAAAAAAG GATCTCAAGA AGATCCTTTG ATCTTTTCTA CGGGGTCTGA

[2347] 781 CGCTCAGTGG AACGAAAACT CACGTTAAGG GATTTTGGTC ATGAGTTAAT TAACTTGCGC

[2348] 841 CGTCCCGTCA AGTCAGCGTA ATGCTCTGCC AGTGTTACAA CCAATTAACC AATTCTGATT

[2349] 901 AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT CACATCAGGA TTATCAATAC

[2350] 961 CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA CTCACCGAGG CAGTTCCATA

[2351] 1021 GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG TCCAACATCA ATACAACCTA

[2352] 1081 TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA ATCACCATGA GTGACGACTG

[2353] 1141 AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA GACTTGTTCA ACAGGCCAGC

[2354] 1201 CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC GTTATTCATT CGTGATTGCG

[2355] 1261 CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA ATTACAAACA GGAATCGAAT

[2356] 1321 GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT TTCACCTGAA TCAGGATATT

[2357] 1381 CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT GGTGAGTAAC CATGCATCAT

[2358] 1441 CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT AAATTCCGTC AGCCAGTTTA

[2359] 1501 GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC TTTGCCATGT TTCAGAAACA

[2360] 1561 ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT CGCACCTGAT TGCCCGACAT

[2361] 1621 TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT GTTGGAATTT AATCGCGGCC

[2362] 1681 TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT ATTACTGTTT ATGTAAGCAG

[2363] 1741 ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC AATGTAACAT CAGAGATTTT

[2364] 1801 GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT

[2365] 1861 CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG

[2366] 1921 AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT

[2367] 1981 CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC

[2368] 2041 CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG

[2369] 2101 CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG AAAGCGAAAG GAGCGGGCGCTAAGGCGCTG

[2370] 2161 GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA

[2371] 2221 CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA

[2372] 2281 GGAGAAAATA CATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG

[2373] 2341 GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC CTAGGGGACA TTGATTATTG

[2374] 2401 ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC ATAGCCCATA TATGGAGTTC

[2375] 2461 CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC CGCCCAACGA CCCCCGCCCA

[2376] 2521 TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA TAGGGACTTT CCATTGACGT

[2377] 2581 CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG TACATCAAGT GTATCATATG

[2378] 2641 CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC CCGCCTGGCA TTATGCCCAG

[2379] 2701 TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT ACGTATTAGT CATCGCTATT

[2380] 2761 ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG GATAGCGGTT TGACTCACGG

[2381] 2821 GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT TGTTTTGGCA CCAAAATCAA

[2382] 2881 CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA CGCAAATGGG CGGTAGGCGT

[2383] 2941 GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA

[2384] 3001 CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA

[2385] 3061 AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA

[2386] 3121 GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT AGCAGTGGCG CCCGAACAGG

[2387] 3181 GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC GCAGGACTCG GCTTGCTGAA

[2388] 3241 GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA CGCCAAAAAT TTTGACTAGC

[2389] 3301 GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA TTAAGCGGGG GAGAATTAGA

[2390] 3361 TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA CAATATAAAC TAAAACATAT

[2391] 3421 AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT CCTGGCCTTT TAGAGACATC

[2392] 3481 AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC CTTCAGACAG GATCAGAAGA

[2393] 3541 ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT GTGCATCAAA GGATAGATGT

[2394] 3601 AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG CAAAACAAAAGTAAGAAAAA

[2395] 3661 GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG CGATATGAGG GACAATTGGA

[2396] 3721 GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC ATTAGGAGTA GCACCCACCA

[2397] 3781 AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT GGGAATAGGA GCTTTGTTCC

[2398] 3841 TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC GTCAATGACG CTGACGGTAC

[2399] 3901 AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA CAATTTGCTG AGGGCTATTG

[2400] 3961 AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT CAAACAGCTC CAGGCAAGAA

[2401] 4021 TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT GGGGATTTGG GGTTGCTCTG

[2402] 4081 GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG TTGGAGTAAT AAATCTCTGG

[2403] 4141 AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG AGAAATTAAC AATTACACAA

[2404] 4201 GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA AGAAAAGAAT GAACAAGAAT

[2405] 4261 TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT TAACATAACA AATTGGCTGT

[2406] 4321 GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG

[2407] 4381 CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC ACCATTATCG TTTCAGACCC

[2408] 4441 ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT ATTCATCCAC AATTTTAAAA

[2409] 4501 GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT AGTAGACATA ATAGCAACAG

[2410] 4561 ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT TCAAAATTTT CGGGTTTATT

[2411] 4621 ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG

[2412] 4681 GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG GGAGGGGTCG GCAATTGAAC

[2413] 4741 CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT GATGTCGTGT ACTGGCTCCG

[2414] 4801 CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA GTAGTCGCCG TGAACGTTCT

[2415] 4861 TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC

[2416] 4921 TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT ACTTCCACGC CCCTGGCTGC

[2417] 4981 AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT

[2418] 5041 GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC

[2419] 5101 GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG

[2420] 5161 CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA

[2421] 5221 ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG GGCCGCGGGC GGCGACGGGG

[2422] 5281 CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT GCGAGCGCGG CCACCGAGAA

[2423] 5341 TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT

[2424] 5401 GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA

[2425] 5461 GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG GAGGACGCGG CGCTCGGGAG

[2426] 5521 AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT

[2427] 5581 CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT CGATTAGTTC TCGAGCTTTT

[2428] 5641 GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC GATGGAGTTT CCCCACACTG

[2429] 5701 AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT GTAATTCTCC TTGGAATTTG

[2430] 5761 CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA GACAGTGGTT CAAAGTTTTT

[2431] 5821 TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCAGAGC CGCCACCATG CTTCTCCTGG

[2432] 5881 TGACAAGCCT TCTGCTCTGT GAGTTACCAC ACCCAGCATT CCTCCTGATC CCAGACATCC

[2433] 5941 AGATGACACA GACTACATCC TCCCTGTCTG CCTCTCTGGG AGACAGAGTC ACCATCAGTT

[2434] 6001 GCAGGGCAAG TCAGGACATT AGTAAATATT TAAATTGGTA TCAGCAGAAA CCAGATGGAA

[2435] 6061 CTGTTAAACT CCTGATCTAC CATACATCAA GATTACACTC AGGAGTCCCA TCAAGGTTCA

[2436] 6121 GTGGCAGTGG GTCTGGAACA GATTATTCTC TCACCATTAG CAACCTGGAG CAAGAAGATA

[2437] 6181 TTGCCACTTA CTTTTGCCAA CAGGGTAATA CGCTTCCGTA CACGTTCGGA GGGGGGACTA

[2438] 6241 AGTTGGAAAT AACAGGCTCC ACCTCTGGAT CCGGCAAGCC CGGATCTGGC GAGGGATCCA

[2439] 6301 CCAAGGGCGA GGTGAAACTG CAGGAGTCAG GACCTGGCCT GGTGGCGCCC TCACAGAGCC

[2440] 6361 TGTCCGTCAC ATGCACTGTC TCAGGGGTCT CATTACCCGA CTATGGTGTA AGCTGGATTC

[2441] 6421 GCCAGCCTCC ACGAAAGGGT CTGGAGTGGC TGGGAGTAAT ATGGGGTAGT GAAACCACAT

[2442] 6481 ACTATAATTC AGCTCTCAAA TCCAGACTGA CCATCATCAA GGACAACTCC AAGAGCCAAG

[2443] 6541 TTTTCTTAAA AATGAACAGT CTGCAAACTG ATGACACAGC CATTTACTAC TGTGCCAAAC

[2444] 6601 ATTATTACTA CGGTGGTAGC TATGCTATGG ACTACTGGGG TCAAGGAACC TCAGTCACCG

[2445] 6661 TCTCCTCAAT TCAGAACCCT GAGCCTGCCG TGTACCAGCT GAAGGACCCT AGAAGCCAGG

[2446] 6721 ACAGCACCCT GTGCCTGTTC ACCGACTTCG ACAGCCAGAT CAACGTGCCC AAGACCATGG

[2447] 6781 AAAGCGGCAC CTTCATCACC GATAAGACTG TGCTGGACAT GAAGGCCATG GACAGCAAGA

[2448] 6841 GCAACGGCGC CATTGCNTGG TCCAATCAGA CCAGCTTTAC CTGCCAAGAC ATCTTCAAAG

[2449] 6901 AGACAAACGC CACCTACCCC AGTTCAGACG TTCCCTGTGA TGCCACGTTG ACTGAGAAAA

[2450] 6961 GCTTTGAAAC AGATATGAAC CTAAACTTTC AAAACCTGTC AGTTATGGGA CTCCGAATCC

[2451] 7021 TCCTGCTGAA AGTAGCCGGA TTTAACCTGC TCATGACGCT GAGGCTGTGG TCCAGTGGCA

[2452] 7081 GCGGCGCTAC TAACTTCAGC CTGCTGAAGC AGGCTGGAGA CGTGGAGGAG AACCCTGGAC

[2453] 7141 CTATGCTACT ACTTGTGACC TCACTATTGT TATGCGAACT CCCTCATCCC GCATTCTTGC

[2454] 7201 TGATTCCAGA CATTCAGATG ACTCAAACAA CTTCCAGCCT CTCCGCCTCA CTCGGCGACC

[2455] 7261 GCGTAACAAT AAGCTGTCGG GCCTCGCAAG ATATTAGTAA GTACCTGAAT TGGTATCAGC

[2456] 7321 AAAAACCCGA TGGTACAGTC AAGCTTCTGA TCTACCATAC CAGTCGTCTG CACAGCGGTG

[2457] 7381 TCCCCAGCAG GTTCAGCGGC TCAGGATCTG GTACCGATTA TTCACTGACG ATTTCCAACC

[2458] 7441 TTGAGCAGGA GGACATCGCC ACCTACTTCT GCCAGCAGGG TAATACTCTG CCGTACACAT

[2459] 7501 TCGGGGGCGG TACCAAGCTC GAGATCACGG GTTCAACAAG CGGTTCTGGC AAGCCAGGCA

[2460] 7561 GCGGCGAGGG GAGTACAAAG GGGGAGGTGA AGTTGCAGGA AAGTGGCCCT GGATTGGTGG

[2461] 7621 CCCCGAGCCA GAGTCTGTCT GTCACCTGCA CAGTTTCCGG AGTAAGTCTG CCTGATTACG

[2462] 7681 GAGTGTCCTG GATCAGACAG CCACCTCGAA AGGGCTTGGA GTGGCTTGGG GTCATTTGGG

[2463] 7741 GCAGTGAAAC CACATACTAC AACAGCGCTC TTAAGTCCAG GCTCACTATC ATCAAGGACA

[2464] 7801 ATTCAAAGAG CCAAGTATTC TTGAAAATGA ATTCCCTGCA GACTGATGAC ACCGCTATTT

[2465] 7861 ATTATTGCGC TAAACATTAT TACTATGGAG GTTCTTATGC CATGGACTAC TGGGGGCAGG

[2466] 7921 GTACCTCTGT GACAGTGAGT TCAGATCTGA GAAATGTGAC TCCACCCAAG GTCTCCTTGT

[2467] 7981 TTGAGCCATC AAAAGCAGAG ATTGCAAACA AACAAAAGGC TACCCTCGTG TGCTTGGCCA

[2468] 8041 GGGGCTTCTT CCCTGACCAC GTGGAGCTGA GCTGGTGGGT GAATGGCAAG GAGGTCCACA

[2469] 8101 GTGGGGTCAG CACGGACCCa CAGGCCTACA AGGAGAGCAA TTATAGCTAC TGCCTGAGCA

[2470] 8161 GCCGCCTGAG GGTCTCTGCT ACCTTCTGGC ACAATCCTCG CAACCACTTC CGCTGCCAAG

[2471] 8221 TGCAGTTCCA TGGGCTTTCA GAGGAGGACA AGTGGCCAGA GGGCTCACCC AAACCTGTCA

[2472] 8281 CACAGAACAT CAGTGCAGAG GCCTGGGGTC GAGCAGACTG TGGTATTACC TCAGCATCCT

[2473] 8341 ATCAACAAGG AGTCTTGTCT GCCACCATCC TCTATGAGAT CCTGCTAGGG AAAGCCACCC

[2474] 8401 TGTATGCTGT GCTTGTCAGT ACACTGGTGG TGATGGCTAT GGTCAAAAGA AAGAATTCAT

[2475] 8461 GAGATATCGA GCATCTTACC GCCATTTATA CCCATATTTG TTCTGTTTTT CTTGATTTGG

[2476] 8521 GTATACATTT AAATGTTAAT AAAACAAAAT GGTGGGGCAA TCATTTACAT TTTTAGGGAT

[2477] 8581 ATGTAATTAC TAGTTCAGGT GTATTGCCAC AAGACAAACA TGTTAAGAAA CTTTCCCGTT

[2478] 8641 ATTTACGCTC TGTTCCTGTT AATCAACCTC TGGATTACAA AATTTGTGAA AGATTGACTG

[2479] 8701 ATATTCTTAA CTATGTTGCT CCTTTTACGC TGTGTGGATA TGCTGCTTTA TAGCCTCTGT

[2480] 8761 ATCTAGCTAT TGCTTCCCGT ACGGCTTTCG TTTTCTCCTC CTTGTATAAA TCCTGGTTGC

[2481] 8821 TGTCTCTTTT AGAGGAGTTG TGGCCCGTTG TCCGTCAACG TGGCGTGGTG TGCTCTGTGT

[2482] 8881 TTGCTGACGC AACCCCCACT GGCTGGGGCA TTGCCACCAC CTGTCAACTC CTTTCTGGGA

[2483] 8941 CTTTCGCTTT CCCCCTCCCG ATCGCCACGG CAGAACTCAT CGCCGCCTGC CTTGCCCGCT

[2484] 9001 GCTGGACAGG GGCTAGGTTG CTGGGCACTG ATAATTCCGT GGTGTTGTCA GTACTGGTAC

[2485] 9061 CTTTAAGACC AATGACTTAC AAGGCAGCTG TAGATCTTAG CCACTTTTTA AAAGAAAAGG

[2486] 9121 GGGGACTGGA AGGGCTAATT CACTCCCAAA GAAGACAAGA TCTGCTTTTT GCCTGTACTG

[2487] 9181 GGTCTCTCTG GTTAGACCAG ATCTGAGCCT GGGAGCTCTC TGGCTAACTA GGGAACCCAC

[2488] 9241 TGCTTAAGCC TCAATAAAGC TTGCCTTGAG TGCTTCAAGT AGTGTGTGCC CGTCTGTTGT

[2489] 9301 GTGACTCTGG TAACTAGAGA TCCCTCAGAC CCTTTTAGTC AGTGTGGAAA ATCTCTAGCA

[2490] 9361 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[2491] 9421 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[2492] 9481 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[2493] 9541 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[2494] 9601 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[2495] 9661 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGTCTTCCGC

[2496] 9721 TTCCTCGCTC ACTGA

[2497] pLRPO FMC63 endoL TRBC1(126-177) (서열 식별 번호:170)

[2498] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[2499] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[2500] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[2501] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[2502] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[2503] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[2504] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[2505] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[2506] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[2507] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[2508] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[2509] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[2510] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[2511] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[2512] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[2513] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[2514] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[2515] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[2516] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[2517] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[2518] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[2519] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[2520] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[2521] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[2522] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[2523] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[2524] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[2525] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[2526] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[2527] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[2528] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[2529] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[2530] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[2531] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[2532] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[2533] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[2534] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[2535] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[2536] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[2537] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[2538] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[2539] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[2540] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[2541] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[2542] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[2543] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[2544] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[2545] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[2546] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[2547] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[2548] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[2549] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[2550] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[2551] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[2552] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[2553] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[2554] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[2555] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[2556] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[2557] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[2558] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[2559] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[2560] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[2561] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[2562] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[2563] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[2564] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[2565] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[2566] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[2567] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[2568] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[2569] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[2570] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[2571] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[2572] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[2573] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[2574] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[2575] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[2576] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[2577] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[2578] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[2579] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[2580] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[2581] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[2582] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[2583] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[2584] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[2585] 5221 TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT GCCTCTCTGG

[2586] 5281 GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT TTAAATTGGT

[2587] 5341 ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA AGATTACACT

[2588] 5401 CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT CTCACCATTA

[2589] 5461 GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT ACGCTTCCGT

[2590] 5521 ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGCTC CACCTCTGGA TCCGGCAAGC

[2591] 5581 CCGGATCTGG CGAGGGATCC ACCAAGGGCG AGGTGAAACT GCAGGAGTCA GGACCTGGCC

[2592] 5641 TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA CATGCACTGT CTCAGGGGTC TCATTACCCG

[2593] 5701 ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC CACGAAAGGG TCTGGAGTGG CTGGGAGTAA

[2594] 5761 TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT CAGCTCTCAA ATCCAGACTG ACCATCATCA

[2595] 5821 AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA AAATGAACAG TCTGCAAACT GATGACACAG

[2596] 5881 CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT ACGGTGGTAG CTATGCTATG GACTACTGGG

[2597] 5941 GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG GATGGGGTAG AGCAGACTGT GGCTTTACCT

[2598] 6001 CGGTGTCCTA CCAGCAAGGG GTCCTGTCTG CCACCATCCT CTATGAGATC CTGCTAGGGA

[2599] 6061 AGGCCACCCT GTATGCTGTG CTGGTCAGCG CCCTTGTGTT GATGGCCATG GTCAAGAGAA

[2600] 6121 AGGATTTCTG AGATATCGAG CATCTTACCG CCATTTATAC CCATATTTGT TCTGTTTTTC

[2601] 6181 TTGATTTGGG TATACATTTA AATGTTAATA AAACAAAATG GTGGGGCAAT CATTTACATT

[2602] 6241 TTTAGGGATA TGTAATTACT AGTTCAGGTG TATTGCCACA AGACAAACAT GTTAAGAAAC

[2603] 6301 TTTCCCGTTA TTTACGCTCT GTTCCTGTTA ATCAACCTCT GGATTACAAA ATTTGTGAAA

[2604] 6361 GATTGACTGA TATTCTTAAC TATGTTGCTC CTTTTACGCT GTGTGGATAT GCTGCTTTAT

[2605] 6421 AGCCTCTGTA TCTAGCTATT GCTTCCCGTA CGGCTTTCGT TTTCTCCTCC TTGTATAAAT

[2606] 6481 CCTGGTTGCT GTCTCTTTTA GAGGAGTTGT GGCCCGTTGT CCGTCAACGT GGCGTGGTGT

[2607] 6541 GCTCTGTGTT TGCTGACGCA ACCCCCACTG GCTGGGGCAT TGCCACCACC TGTCAACTCC

[2608] 6601 TTTCTGGGAC TTTCGCTTTC CCCCTCCCGA TCGCCACGGC AGAACTCATC GCCGCCTGCC

[2609] 6661 TTGCCCGCTG CTGGACAGGG GCTAGGTTGC TGGGCACTGA TAATTCCGTG GTGTTGTCAG

[2610] 6721 TACTGGTACC TTTAAGACCA ATGACTTACA AGGCAGCTGT AGATCTTAGC CACTTTTTAA

[2611] 6781 AAGAAAAGGG GGGACTGGAA GGGCTAATTC ACTCCCAAAG AAGACAAGAT CTGCTTTTTG

[2612] 6841 CCTGTACTGG GTCTCTCTGG TTAGACCAGA TCTGAGCCTG GGAGCTCTCT GGCTAACTAG

[2613] 6901 GGAACCCACT GCTTAAGCCT CAATAAAGCT TGCCTTGAGT GCTTCAATGA TCATAATCAA

[2614] 6961 GCCATATCAC ATCTGTAGAG GTTTACTTGC TTTAAAAAAC CTCCACACCT CCCCCTGAAC

[2615] 7021 CTGAAACATA AAATGAATGC AATTGTTGTT GTTAACTTGT TTATTGCAGC TTATAATGGT

[2616] 7081 TACAAATAAA GCAATAGCAT CACAAATTTC ACAAATAAAG CATTTTTTTC ACTGCATTCT

[2617] 7141 AGTTGTGGTT TGTCCAAACT CATCAATGTA TCTTATCATG TCTGGATCTG CGTCGACACG

[2618] 7201 AAGAGACGAC TGACTGACTG ACTGGAAAGA GGAAGGGCTG GAAGAGGAAG GAGCTTGATC

[2619] 7261 CAGATCCCGA TCTCGATCCA GATCCGGATC GCAGCTTGGC GTAATCATGG TCATAGCTGT

[2620] 7321 TTCCTGTGTG AAATTGTTAT CCGCTCACAA TTCCACACAA CATACGAGCC GGAAGCATAA

[2621] 7381 AGTGTAAAGC CTGGGGTGCC TAATGAGTGA GCTAACTCAC ATTAATTGCG TTGCGCTCAC

[2622] 7441 TGCCCGCTTT CCAGTCGGGA AACCTGTCGT GCCAGCTGCA TTAATGAATC GGCCAACGCG

[2623] 7501 CGGGGAGAGG CGGTTTGCGT ATTGGGCGCT CTTCCGCTTC CTCGCTCACT GACTCGCTGC

[2624] 7561 GCTCGGTCGT TCGGCTGCGG CGAGCGGTAT CAGCTCACTC AAAGGCGGTA ATACGGTTAT

[2625] 7621 CCACAGAATC AGGGGATAAC GCAGGAAAGA ACATGTGAGC AAAAGGCCAG CAAAAGGCCA

[2626] 7681 GGAACCGTAA AAAGGCCGCG TTGCTGGCGT TTTTCCATAG GCTCCGCCCC CCTGACGAGC

[2627] 7741 ATCACAAAAA TCGACGCTCA AGTCAGAGGT GGCGAAACCC GACAGGACTA TAAAGATACC

[2628] 7801 AGGCGTTTCC CCCTGGAAGC TCCCTCGTGC GCTCTCCTGT TCCGACCCTG CCGCTTACCG

[2629] 7861 GATACCTGTC CGCCTTTCTC CCTTCGGGAA GCGTGGCGCT TTCTCATAGC TCACGCTGTA

[2630] 7921 GGTATCTCAG TTCGGTGTAG GTCGTTCGCT CCAAGCTGGG CTGTGTGCAC GAACCCCCCG

[2631] 7981 TTCAGCCCGA CCGCTGCGCC TTATCCGGTA ACTATCGTCT TGAGTCCAAC CCGGTAAGAC

[2632] 8041 ACGACTTATC GCCACTGGCA GCAGCCACTG GTAACAGGAT TAGCAGAGCG AGGTATGTAG

[2633] 8101 GCGGTGCTAC AGAGTTCTTG AAGTGGTGGC CTAACTACGG CTACACTAGA AGAACAGTAT

[2634] 8161 TTGGTATCTG CGCTCTGCTG AAGCCAGTTA CCTTCGGAAA AAGAGTTGGT AGCTCTTGAT

[2635] 8221 CCGGCAAACA AACCACCGCT GGTAGCGGTG GTTTTTTTGT TTGCAAGCAG CAGATTACGC

[2636] 8281 GCAGAAAAAA AGGATCTCAA GAAGATCCTT TGATCTTTTC TACGGGGTCT GACGCTCAGT

[2637] 8341 GGAACGAAAA CTCACGTTAA GGGATTTTGG TCATGAGATT ATCAAAAAGG ATCTTCACCT

[2638] 8401 AGATCCTTTT AAATTAAAAA TGAAGTTTTA AATCAATCTA AAGTATATAT GAGTAAACTT

[2639] 8461 GGTCTGACAG TTACCAATGC TTAATCAGTG AGGCACCTAT CTCAGCGATC TGTCTATTTC

[2640] 8521 GTTCATCCAT AGTTGCCTGA CTCCCCGTCG TGTAGATAAC TACGATACGG GAGGGCTTAC

[2641] 8581 CATCTGGCCC CAGTGCTGCA ATGATACCGC AGCTTGGGAA ACCATAAGAG CTGAAGCCAG

[2642] 8641 TTACCTTCGG AAAAAGAGTT GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG

[2643] 8701 GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC

[2644] 8761 CTTTGATCTT TTCTACGGGG TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT

[2645] 8821 TGGTCATGAG CTTGCGCCGT CCCGTCAAGT CAGCGTAATG CTCTGCCAGT GTTACAA

[2646] pLRPO FMC63 SL TRBC1(131-177) (서열 식별 번호:171)

[2647] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[2648] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[2649] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[2650] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[2651] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[2652] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[2653] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[2654] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[2655] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[2656] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[2657] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[2658] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[2659] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[2660] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[2661] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[2662] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[2663] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[2664] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[2665] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[2666] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[2667] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[2668] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[2669] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[2670] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[2671] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[2672] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[2673] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[2674] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[2675] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[2676] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[2677] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[2678] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[2679] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[2680] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[2681] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[2682] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[2683] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[2684] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[2685] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[2686] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[2687] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[2688] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[2689] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[2690] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[2691] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[2692] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[2693] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[2694] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[2695] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[2696] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[2697] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[2698] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[2699] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[2700] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[2701] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[2702] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[2703] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[2704] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[2705] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[2706] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[2707] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[2708] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[2709] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[2710] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[2711] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[2712] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[2713] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[2714] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[2715] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[2716] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[2717] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[2718] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[2719] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[2720] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[2721] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[2722] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[2723] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[2724] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[2725] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[2726] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[2727] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[2728] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[2729] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[2730] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[2731] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[2732] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[2733] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[2734] 5221 TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT GCCTCTCTGG

[2735] 5281 GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT TTAAATTGGT

[2736] 5341 ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA AGATTACACT

[2737] 5401 CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT CTCACCATTA

[2738] 5461 GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT ACGCTTCCGT

[2739] 5521 ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGCTC CACCTCTGGA TCCGGCAAGC

[2740] 5581 CCGGATCTGG CGAGGGATCC ACCAAGGGCG AGGTGAAACT GCAGGAGTCA GGACCTGGCC

[2741] 5641 TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA CATGCACTGT CTCAGGGGTC TCATTACCCG

[2742] 5701 ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC CACGAAAGGG TCTGGAGTGG CTGGGAGTAA

[2743] 5761 TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT CAGCTCTCAA ATCCAGACTG ACCATCATCA

[2744] 5821 AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA AAATGAACAG TCTGCAAACT GATGACACAG

[2745] 5881 CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT ACGGTGGTAG CTATGCTATG GACTACTGGG

[2746] 5941 GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG CaGCtGCaGG aGGTGGAGGt AGTGGTGGTG

[2747] 6001 GaGGtTCTGG aGGTGGaGGT AGtCTaGAaT GTGGCTTTAC CTCGGTGTCC TACCAGCAAG

[2748] 6061 GGGTCCTGTC TGCCACCATC CTCTATGAGA TCCTGCTAGG GAAGGCCACC CTGTATGCTG

[2749] 6121 TGCTGGTCAG CGCCCTTGTG TTGATGGCCA TGGTCAAGAG AAAGGATTTC TGAGATATCG

[2750] 6181 AGCATCTTAC CGCCATTTAT ACCCATATTT GTTCTGTTTT TCTTGATTTG GGTATACATT

[2751] 6241 TAAATGTTAA TAAAACAAAA TGGTGGGGCA ATCATTTACA TTTTTAGGGA TATGTAATTA

[2752] 6301 CTAGTTCAGG TGTATTGCCA CAAGACAAAC ATGTTAAGAA ACTTTCCCGT TATTTACGCT

[2753] 6361 CTGTTCCTGT TAATCAACCT CTGGATTACA AAATTTGTGA AAGATTGACT GATATTCTTA

[2754] 6421 ACTATGTTGC TCCTTTTACG CTGTGTGGAT ATGCTGCTTT ATAGCCTCTG TATCTAGCTA

[2755] 6481 TTGCTTCCCG TACGGCTTTC GTTTTCTCCT CCTTGTATAA ATCCTGGTTG CTGTCTCTTT

[2756] 6541 TAGAGGAGTT GTGGCCCGTT GTCCGTCAAC GTGGCGTGGT GTGCTCTGTG TTTGCTGACG

[2757] 6601 CAACCCCCAC TGGCTGGGGC ATTGCCACCA CCTGTCAACT CCTTTCTGGG ACTTTCGCTT

[2758] 6661 TCCCCCTCCC GATCGCCACG GCAGAACTCA TCGCCGCCTG CCTTGCCCGC TGCTGGACAG

[2759] 6721 GGGCTAGGTT GCTGGGCACT GATAATTCCG TGGTGTTGTC AGTACTGGTA CCTTTAAGAC

[2760] 6781 CAATGACTTA CAAGGCAGCT GTAGATCTTA GCCACTTTTT AAAAGAAAAG GGGGGACTGG

[2761] 6841 AAGGGCTAAT TCACTCCCAA AGAAGACAAG ATCTGCTTTT TGCCTGTACT GGGTCTCTCT

[2762] 6901 GGTTAGACCA GATCTGAGCC TGGGAGCTCT CTGGCTAACT AGGGAACCCA CTGCTTAAGC

[2763] 6961 CTCAATAAAG CTTGCCTTGA GTGCTTCAAT GATCATAATC AAGCCATATC ACATCTGTAG

[2764] 7021 AGGTTTACTT GCTTTAAAAA ACCTCCACAC CTCCCCCTGA ACCTGAAACA TAAAATGAAT

[2765] 7081 GCAATTGTTG TTGTTAACTT GTTTATTGCA GCTTATAATG GTTACAAATA AAGCAATAGC

[2766] 7141 ATCACAAATT TCACAAATAA AGCATTTTTT TCACTGCATT CTAGTTGTGG TTTGTCCAAA

[2767] 7201 CTCATCAATG TATCTTATCA TGTCTGGATC TGCGTCGACA CGAAGAGACG ACTGACTGAC

[2768] 7261 TGACTGGAAA GAGGAAGGGC TGGAAGAGGA AGGAGCTTGA TCCAGATCCC GATCTCGATC

[2769] 7321 CAGATCCGGA TCGCAGCTTG GCGTAATCAT GGTCATAGCT GTTTCCTGTG TGAAATTGTT

[2770] 7381 ATCCGCTCAC AATTCCACAC AACATACGAG CCGGAAGCAT AAAGTGTAAA GCCTGGGGTG

[2771] 7441 CCTAATGAGT GAGCTAACTC ACATTAATTG CGTTGCGCTC ACTGCCCGCT TTCCAGTCGG

[2772] 7501 GAAACCTGTC GTGCCAGCTG CATTAATGAA TCGGCCAACG CGCGGGGAGA GGCGGTTTGC

[2773] 7561 GTATTGGGCG CTCTTCCGCT TCCTCGCTCA CTGACTCGCT GCGCTCGGTC GTTCGGCTGC

[2774] 7621 GGCGAGCGGT ATCAGCTCAC TCAAAGGCGG TAATACGGTT ATCCACAGAA TCAGGGGATA

[2775] 7681 ACGCAGGAAA GAACATGTGA GCAAAAGGCC AGCAAAAGGC CAGGAACCGTAAAAAGGCCG

[2776] 7741 CGTTGCTGGC GTTTTTCCAT AGGCTCCGCC CCCCTGACGA GCATCACAAA AATCGACGCT

[2777] 7801 CAAGTCAGAG GTGGCGAAAC CCGACAGGAC TATAAAGATA CCAGGCGTTT CCCCCTGGAA

[2778] 7861 GCTCCCTCGT GCGCTCTCCT GTTCCGACCC TGCCGCTTAC CGGATACCTG TCCGCCTTTC

[2779] 7921 TCCCTTCGGG AAGCGTGGCG CTTTCTCATA GCTCACGCTG TAGGTATCTC AGTTCGGTGT

[2780] 7981 AGGTCGTTCG CTCCAAGCTG GGCTGTGTGC ACGAACCCCC CGTTCAGCCC GACCGCTGCG

[2781] 8041 CCTTATCCGG TAACTATCGT CTTGAGTCCA ACCCGGTAAG ACACGACTTA TCGCCACTGG

[2782] 8101 CAGCAGCCAC TGGTAACAGG ATTAGCAGAG CGAGGTATGT AGGCGGTGCT ACAGAGTTCT

[2783] 8161 TGAAGTGGTG GCCTAACTAC GGCTACACTA GAAGAACAGT ATTTGGTATC TGCGCTCTGC

[2784] 8221 TGAAGCCAGT TACCTTCGGA AAAAGAGTTG GTAGCTCTTG ATCCGGCAAA CAAACCACCG

[2785] 8281 CTGGTAGCGG TGGTTTTTTT GTTTGCAAGC AGCAGATTAC GCGCAGAAAA AAAGGATCTC

[2786] 8341 AAGAAGATCC TTTGATCTTT TCTACGGGGT CTGACGCTCA GTGGAACGAA AACTCACGTT

[2787] 8401 AAGGGATTTT GGTCATGAGA TTATCAAAAA GGATCTTCAC CTAGATCCTT TTAAATTAAA

[2788] 8461 AATGAAGTTT TAAATCAATC TAAAGTATAT ATGAGTAAAC TTGGTCTGAC AGTTACCAAT

[2789] 8521 GCTTAATCAG TGAGGCACCT ATCTCAGCGA TCTGTCTATT TCGTTCATCC ATAGTTGCCT

[2790] 8581 GACTCCCCGT CGTGTAGATA ACTACGATAC GGGAGGGCTT ACCATCTGGC CCCAGTGCTG

[2791] 8641 CAATGATACC GCAGCTTGGG AAACCATAAG AGCTGAAGCC AGTTACCTTC GGAAAAAGAG

[2792] 8701 TTGGTAGCTC TTGATCCGGC AAACAAACCA CCGCTGGTAG CGGTGGTTTT TTTGTTTGCA

[2793] 8761 AGCAGCAGAT TACGCGCAGA AAAAAAGGAT CTCAAGAAGA TCCTTTGATC TTTTCTACGG

[2794] 8821 GGTCTGACGC TCAGTGGAAC GAAAACTCAC GTTAAGGGAT TTTGGTCATG AGCTTGCGCC

[2795] 8881 GTCCCGTCAA GTCAGCGTAA TGCTCTGCCA GTGTTACAA

[2796] pLRPO FMC63 endoL TRBC1 (서열 식별 번호:172)

[2797] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[2798] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[2799] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[2800] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[2801] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[2802] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[2803] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[2804] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[2805] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[2806] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[2807] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[2808] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[2809] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[2810] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[2811] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[2812] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[2813] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[2814] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[2815] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[2816] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[2817] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[2818] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[2819] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[2820] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[2821] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[2822] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[2823] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[2824] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[2825] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[2826] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[2827] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[2828] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[2829] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[2830] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[2831] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[2832] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[2833] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[2834] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[2835] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[2836] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[2837] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[2838] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[2839] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[2840] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[2841] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[2842] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[2843] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[2844] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[2845] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[2846] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[2847] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[2848] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[2849] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[2850] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[2851] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[2852] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[2853] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[2854] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[2855] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[2856] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[2857] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[2858] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[2859] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[2860] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[2861] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[2862] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[2863] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[2864] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[2865] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[2866] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[2867] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[2868] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[2869] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[2870] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[2871] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[2872] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[2873] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[2874] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[2875] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[2876] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[2877] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[2878] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[2879] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[2880] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[2881] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[2882] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[2883] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[2884] 5221 TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT GCCTCTCTGG

[2885] 5281 GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT TTAAATTGGT

[2886] 5341 ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA AGATTACACT

[2887] 5401 CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT CTCACCATTA

[2888] 5461 GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT ACGCTTCCGT

[2889] 5521 ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGCTC CACCTCTGGA TCCGGCAAGC

[2890] 5581 CCGGATCTGG CGAGGGATCC ACCAAGGGCG AGGTGAAACT GCAGGAGTCA GGACCTGGCC

[2891] 5641 TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA CATGCACTGT CTCAGGGGTC TCATTACCCG

[2892] 5701 ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC CACGAAAGGG TCTGGAGTGG CTGGGAGTAA

[2893] 5761 TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT CAGCTCTCAA ATCCAGACTG ACCATCATCA

[2894] 5821 AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA AAATGAACAG TCTGCAAACT GATGACACAG

[2895] 5881 CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT ACGGTGGTAG CTATGCTATG GACTACTGGG

[2896] 5941 GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG GAGTAGAGGA CCTGAACAAG GTGTTCCCAC

[2897] 6001 CCGAGGTCGC TGTGTTTGAG CCATCAGAAG CAGAGATCTC CCACACCCAA AAGGCCACtC

[2898] 6061 TaGTaTGtCT aGCtACAGGC TTCTTCCCTG ACCACGTGGA GCTGAGCTGG TGGGTGAATG

[2899] 6121 GGAAGGAGGT GCACAGTGGG GTCAGCACGG ACCCGCAGCC aCTtAAaGAa CAGCCaGCtC

[2900] 6181 TCAATGACTC CAGATACTGt CTaAGCAGtC GaCTtAGaGT CTCGGCtACa TTtTGGCAaA

[2901] 6241 AtCCtCGaAA CCACTTCCGC TGTCAAGTCC AGTTCTACGG GCTCTCGGAG AATGACGAGT

[2902] 6301 GGACCCAGGA TAGGGCCAAA CCCGTCACCC AGATCGTCAG CGCCGAGGCC TGGGGTAGAG

[2903] 6361 CAGACTGTGG CTTTACCTCG GTGTCCTACC AGCAAGGGGT CCTGTCTGCC ACCATCCTCT

[2904] 6421 ATGAGATCCT GCTAGGGAAG GCCACCCTGT ATGCTGTGCT GGTCAGCGCC CTTGTGTTGA

[2905] 6481 TGGCCATGGT CAAGAGAAAG GATTTCTGAG ATATCGAGCA TCTTACCGCC ATTTATACCC

[2906] 6541 ATATTTGTTC TGTTTTTCTT GATTTGGGTA TACATTTAAA TGTTAATAAA ACAAAATGGT

[2907] 6601 GGGGCAATCA TTTACATTTT TAGGGATATG TAATTACTAG TTCAGGTGTA TTGCCACAAG

[2908] 6661 ACAAACATGT TAAGAAACTT TCCCGTTATT TACGCTCTGT TCCTGTTAAT CAACCTCTGG

[2909] 6721 ATTACAAAAT TTGTGAAAGA TTGACTGATA TTCTTAACTA TGTTGCTCCT TTTACGCTGT

[2910] 6781 GTGGATATGC TGCTTTATAG CCTCTGTATC TAGCTATTGC TTCCCGTACG GCTTTCGTTT

[2911] 6841 TCTCCTCCTT GTATAAATCC TGGTTGCTGT CTCTTTTAGA GGAGTTGTGG CCCGTTGTCC

[2912] 6901 GTCAACGTGG CGTGGTGTGC TCTGTGTTTG CTGACGCAAC CCCCACTGGC TGGGGCATTG

[2913] 6961 CCACCACCTG TCAACTCCTT TCTGGGACTT TCGCTTTCCC CCTCCCGATC GCCACGGCAG

[2914] 7021 AACTCATCGC CGCCTGCCTT GCCCGCTGCT GGACAGGGGC TAGGTTGCTG GGCACTGATA

[2915] 7081 ATTCCGTGGT GTTGTCAGTA CTGGTACCTT TAAGACCAAT GACTTACAAG GCAGCTGTAG

[2916] 7141 ATCTTAGCCA CTTTTTAAAA GAAAAGGGGG GACTGGAAGG GCTAATTCAC TCCCAAAGAA

[2917] 7201 GACAAGATCT GCTTTTTGCC TGTACTGGGT CTCTCTGGTT AGACCAGATC TGAGCCTGGG

[2918] 7261 AGCTCTCTGG CTAACTAGGG AACCCACTGC TTAAGCCTCA ATAAAGCTTG CCTTGAGTGC

[2919] 7321 TTCAATGATC ATAATCAAGC CATATCACAT CTGTAGAGGT TTACTTGCTT TAAAAAACCT

[2920] 7381 CCACACCTCC CCCTGAACCT GAAACATAAA ATGAATGCAA TTGTTGTTGT TAACTTGTTT

[2921] 7441 ATTGCAGCTT ATAATGGTTA CAAATAAAGC AATAGCATCA CAAATTTCAC AAATAAAGCA

[2922] 7501 TTTTTTTCAC TGCATTCTAG TTGTGGTTTG TCCAAACTCA TCAATGTATC TTATCATGTC

[2923] 7561 TGGATCTGCG TCGACACGAA GAGACGACTG ACTGACTGAC TGGAAAGAGG AAGGGCTGGA

[2924] 7621 AGAGGAAGGA GCTTGATCCA GATCCCGATC TCGATCCAGA TCCGGATCGC AGCTTGGCGT

[2925] 7681 AATCATGGTC ATAGCTGTTT CCTGTGTGAA ATTGTTATCC GCTCACAATT CCACACAACA

[2926] 7741 TACGAGCCGG AAGCATAAAG TGTAAAGCCT GGGGTGCCTA ATGAGTGAGC TAACTCACAT

[2927] 7801 TAATTGCGTT GCGCTCACTG CCCGCTTTCC AGTCGGGAAA CCTGTCGTGC CAGCTGCATT

[2928] 7861 AATGAATCGG CCAACGCGCG GGGAGAGGCG GTTTGCGTAT TGGGCGCTCT TCCGCTTCCT

[2929] 7921 CGCTCACTGA CTCGCTGCGC TCGGTCGTTC GGCTGCGGCG AGCGGTATCA GCTCACTCAA

[2930] 7981 AGGCGGTAAT ACGGTTATCC ACAGAATCAG GGGATAACGC AGGAAAGAAC ATGTGAGCAA

[2931] 8041 AAGGCCAGCA AAAGGCCAGG AACCGTAAAA AGGCCGCGTT GCTGGCGTTT TTCCATAGGC

[2932] 8101 TCCGCCCCCC TGACGAGCAT CACAAAAATC GACGCTCAAG TCAGAGGTGG CGAAACCCGA

[2933] 8161 CAGGACTATA AAGATACCAG GCGTTTCCCC CTGGAAGCTC CCTCGTGCGC TCTCCTGTTC

[2934] 8221 CGACCCTGCC GCTTACCGGA TACCTGTCCG CCTTTCTCCC TTCGGGAAGC GTGGCGCTTT

[2935] 8281 CTCATAGCTC ACGCTGTAGG TATCTCAGTT CGGTGTAGGT CGTTCGCTCC AAGCTGGGCT

[2936] 8341 GTGTGCACGA ACCCCCCGTT CAGCCCGACC GCTGCGCCTT ATCCGGTAAC TATCGTCTTG

[2937] 8401 AGTCCAACCC GGTAAGACAC GACTTATCGC CACTGGCAGC AGCCACTGGT AACAGGATTA

[2938] 8461 GCAGAGCGAG GTATGTAGGC GGTGCTACAG AGTTCTTGAA GTGGTGGCCT AACTACGGCT

[2939] 8521 ACACTAGAAG AACAGTATTT GGTATCTGCG CTCTGCTGAA GCCAGTTACC TTCGGAAAAA

[2940] 8581 GAGTTGGTAG CTCTTGATCC GGCAAACAAA CCACCGCTGG TAGCGGTGGT TTTTTTGTTT

[2941] 8641 GCAAGCAGCA GATTACGCGC AGAAAAAAAG GATCTCAAGA AGATCCTTTG ATCTTTTCTA

[2942] 8701 CGGGGTCTGA CGCTCAGTGG AACGAAAACT CACGTTAAGG GATTTTGGTC ATGAGATTAT

[2943] 8761 CAAAAAGGAT CTTCACCTAG ATCCTTTTAA ATTAAAAATG AAGTTTTAAA TCAATCTAAA

[2944] 8821 GTATATATGA GTAAACTTGG TCTGACAGTT ACCAATGCTT AATCAGTGAG GCACCTATCT

[2945] 8881 CAGCGATCTG TCTATTTCGT TCATCCATAG TTGCCTGACT CCCCGTCGTG TAGATAACTA

[2946] 8941 CGATACGGGA GGGCTTACCA TCTGGCCCCA GTGCTGCAAT GATACCGCAG CTTGGGAAAC

[2947] 9001 CATAAGAGCT GAAGCCAGTT ACCTTCGGAA AAAGAGTTGG TAGCTCTTGA TCCGGCAAAC

[2948] 9061 AAACCACCGC TGGTAGCGGT GGTTTTTTTG TTTGCAAGCA GCAGATTACG CGCAGAAAAA

[2949] 9121 AAGGATCTCA AGAAGATCCT TTGATCTTTT CTACGGGGTC TGACGCTCAG TGGAACGAAA

[2950] 9181 ACTCACGTTA AGGGATTTTG GTCATGAGCT TGCGCCGTCC CGTCAAGTCA GCGTAATGCT

[2951] 9241 CTGCCAGTGT TACAA

[2952] pLRPO V5-TRAC(94-140) T2A PuroR (서열 식별 번호:173)

[2953] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[2954] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[2955] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[2956] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[2957] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[2958] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[2959] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[2960] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[2961] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[2962] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[2963] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[2964] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[2965] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[2966] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[2967] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[2968] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[2969] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[2970] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[2971] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[2972] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[2973] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[2974] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[2975] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[2976] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[2977] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[2978] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[2979] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[2980] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[2981] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[2982] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[2983] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[2984] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[2985] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[2986] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[2987] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[2988] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[2989] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[2990] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[2991] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[2992] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[2993] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[2994] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[2995] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[2996] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[2997] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[2998] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[2999] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[3000] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[3001] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[3002] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[3003] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[3004] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[3005] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[3006] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[3007] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[3008] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[3009] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[3010] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[3011] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[3012] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[3013] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[3014] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[3015] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[3016] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[3017] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[3018] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[3019] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[3020] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[3021] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[3022] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[3023] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[3024] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[3025] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[3026] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[3027] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[3028] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[3029] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[3030] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[3031] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[3032] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[3033] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[3034] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[3035] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[3036] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[3037] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[3038] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[3039] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[3040] 5221 TCCTCCTGAT CCCAggtaag cctatcccta accctctcct cggtctcgat tctacgGGAT

[3041] 5281 GCGACGTAAA ACTGGTGGAA AAGTCCTTCG AGACTGATAC AAACTTGAAC TTTCAAAACT

[3042] 5341 TGAGCGTGAT CGGCTTTCGG ATATTGCTGC TCAAGGTGGC CGGTTTCAAT CTGCTGATGA

[3043] 5401 CACTTAGGCT TTGGTCGTCC GGCAGCGGCG AGGGCAGAGG AAGTCTGCTA ACATGCGGTG

[3044] 5461 ACGTCGAGGA GAATCCTGGC CCAATGACCG AGTACAAGCC CACGGTGCGC CTCGCCACCC

[3045] 5521 GCGACGACGT CCCCAGGGCC GTACGCACCC TCGCCGCCGC GTTCGCCGAC TACCCCGCCA

[3046] 5581 CGCGCCACAC CGTCGATCCG GACCGCCACA TCGAGCGGGT CACCGAGCTG CAAGAACTCT

[3047] 5641 TCCTCACGCG CGTCGGGCTC GACATCGGCA AGGTGTGGGT CGCGGACGAC GGCGCCGCGG

[3048] 5701 TGGCGGTCTG GACCACGCCG GAGAGCGTCG AAGCGGGGGC GGTGTTCGCC GAGATCGGCC

[3049] 5761 CGCGCATGGC CGAGTTGAGC GGTTCCCGGC TGGCCGCGCA GCAACAGATG GAAGGCCTCC

[3050] 5821 TGGCGCCGCA CCGGCCCAAG GAGCCCGCGT GGTTCCTGGC CACCGTCGGC GTCTCGCCCG

[3051] 5881 ACCACCAGGG CAAGGGTCTG GGCAGCGCCG TCGTGCTCCC CGGAGTGGAG GCGGCCGAGC

[3052] 5941 GCGCCGGGGT GCCCGCCTTC CTGGAGACCT CCGCGCCCCG CAACCTCCCC TTCTACGAGC

[3053] 6001 GGCTCGGCTT CACCGTCACC GCCGACGTCG AGGTGCCCGA AGGACCGCGC ACCTGGTGCA

[3054] 6061 TGACCCGCAA GCCCGGTGCC TGAGATATCG AGCATCTTAC CGCCATTTAT ACCCATATTT

[3055] 6121 GTTCTGTTTT TCTTGATTTG GGTATACATT TAAATGTTAA TAAAACAAAA TGGTGGGGCA

[3056] 6181 ATCATTTACA TTTTTAGGGA TATGTAATTA CTAGTTCAGG TGTATTGCCA CAAGACAAAC

[3057] 6241 ATGTTAAGAA ACTTTCCCGT TATTTACGCT CTGTTCCTGT TAATCAACCT CTGGATTACA

[3058] 6301 AAATTTGTGA AAGATTGACT GATATTCTTA ACTATGTTGC TCCTTTTACG CTGTGTGGAT

[3059] 6361 ATGCTGCTTT ATAGCCTCTG TATCTAGCTA TTGCTTCCCG TACGGCTTTC GTTTTCTCCT

[3060] 6421 CCTTGTATAA ATCCTGGTTG CTGTCTCTTT TAGAGGAGTT GTGGCCCGTT GTCCGTCAAC

[3061] 6481 GTGGCGTGGT GTGCTCTGTG TTTGCTGACG CAACCCCCAC TGGCTGGGGC ATTGCCACCA

[3062] 6541 CCTGTCAACT CCTTTCTGGG ACTTTCGCTT TCCCCCTCCC GATCGCCACG GCAGAACTCA

[3063] 6601 TCGCCGCCTG CCTTGCCCGC TGCTGGACAG GGGCTAGGTT GCTGGGCACT GATAATTCCG

[3064] 6661 TGGTGTTGTC AGTACTGGTA CCTTTAAGAC CAATGACTTA CAAGGCAGCT GTAGATCTTA

[3065] 6721 GCCACTTTTT AAAAGAAAAG GGGGGACTGG AAGGGCTAAT TCACTCCCAA AGAAGACAAG

[3066] 6781 ATCTGCTTTT TGCCTGTACT GGGTCTCTCT GGTTAGACCA GATCTGAGCC TGGGAGCTCT

[3067] 6841 CTGGCTAACT AGGGAACCCA CTGCTTAAGC CTCAATAAAG CTTGCCTTGA GTGCTTCAAT

[3068] 6901 GATCATAATC AAGCCATATC ACATCTGTAG AGGTTTACTT GCTTTAAAAA ACCTCCACAC

[3069] 6961 CTCCCCCTGA ACCTGAAACA TAAAATGAAT GCAATTGTTG TTGTTAACTT GTTTATTGCA

[3070] 7021 GCTTATAATG GTTACAAATA AAGCAATAGC ATCACAAATT TCACAAATAA AGCATTTTTT

[3071] 7081 TCACTGCATT CTAGTTGTGG TTTGTCCAAA CTCATCAATG TATCTTATCA TGTCTGGATC

[3072] 7141 TGCGTCGACA CGAAGAGACG ACTGACTGAC TGACTGGAAA GAGGAAGGGC TGGAAGAGGA

[3073] 7201 AGGAGCTTGA TCCAGATCCC GATCTCGATC CAGATCCGGA TCGCAGCTTG GCGTAATCAT

[3074] 7261 GGTCATAGCT GTTTCCTGTG TGAAATTGTT ATCCGCTCAC AATTCCACAC AACATACGAG

[3075] 7321 CCGGAAGCAT AAAGTGTAAA GCCTGGGGTG CCTAATGAGT GAGCTAACTC ACATTAATTG

[3076] 7381 CGTTGCGCTC ACTGCCCGCT TTCCAGTCGG GAAACCTGTC GTGCCAGCTG CATTAATGAA

[3077] 7441 TCGGCCAACG CGCGGGGAGA GGCGGTTTGC GTATTGGGCG CTCTTCCGCT TCCTCGCTCA

[3078] 7501 CTGACTCGCT GCGCTCGGTC GTTCGGCTGC GGCGAGCGGT ATCAGCTCAC TCAAAGGCGG

[3079] 7561 TAATACGGTT ATCCACAGAA TCAGGGGATA ACGCAGGAAA GAACATGTGA GCAAAAGGCC

[3080] 7621 AGCAAAAGGC CAGGAACCGT AAAAAGGCCG CGTTGCTGGC GTTTTTCCAT AGGCTCCGCC

[3081] 7681 CCCCTGACGA GCATCACAAA AATCGACGCT CAAGTCAGAG GTGGCGAAAC CCGACAGGAC

[3082] 7741 TATAAAGATA CCAGGCGTTT CCCCCTGGAA GCTCCCTCGT GCGCTCTCCT GTTCCGACCC

[3083] 7801 TGCCGCTTAC CGGATACCTG TCCGCCTTTC TCCCTTCGGG AAGCGTGGCG CTTTCTCATA

[3084] 7861 GCTCACGCTG TAGGTATCTC AGTTCGGTGT AGGTCGTTCG CTCCAAGCTG GGCTGTGTGC

[3085] 7921 ACGAACCCCC CGTTCAGCCC GACCGCTGCG CCTTATCCGG TAACTATCGT CTTGAGTCCA

[3086] 7981 ACCCGGTAAG ACACGACTTA TCGCCACTGG CAGCAGCCAC TGGTAACAGG ATTAGCAGAG

[3087] 8041 CGAGGTATGT AGGCGGTGCT ACAGAGTTCT TGAAGTGGTG GCCTAACTAC GGCTACACTA

[3088] 8101 GAAGAACAGT ATTTGGTATC TGCGCTCTGC TGAAGCCAGT TACCTTCGGA AAAAGAGTTG

[3089] 8161 GTAGCTCTTG ATCCGGCAAA CAAACCACCG CTGGTAGCGG TGGTTTTTTT GTTTGCAAGC

[3090] 8221 AGCAGATTAC GCGCAGAAAA AAAGGATCTC AAGAAGATCC TTTGATCTTT TCTACGGGGT

[3091] 8281 CTGACGCTCA GTGGAACGAA AACTCACGTT AAGGGATTTT GGTCATGAGA TTATCAAAAA

[3092] 8341 GGATCTTCAC CTAGATCCTT TTAAATTAAA AATGAAGTTT TAAATCAATC TAAAGTATAT

[3093] 8401 ATGAGTAAAC TTGGTCTGAC AGTTACCAAT GCTTAATCAG TGAGGCACCT ATCTCAGCGA

[3094] 8461 TCTGTCTATT TCGTTCATCC ATAGTTGCCT GACTCCCCGT CGTGTAGATA ACTACGATAC

[3095] 8521 GGGAGGGCTT ACCATCTGGC CCCAGTGCTG CAATGATACC GCAGCTTGGG AAACCATAAG

[3096] 8581 AGCTGAAGCC AGTTACCTTC GGAAAAAGAG TTGGTAGCTC TTGATCCGGC AAACAAACCA

[3097] 8641 CCGCTGGTAG CGGTGGTTTT TTTGTTTGCA AGCAGCAGAT TACGCGCAGA AAAAAAGGAT

[3098] 8701 CTCAAGAAGA TCCTTTGATC TTTTCTACGG GGTCTGACGC TCAGTGGAAC GAAAACTCAC

[3099] 8761 GTTAAGGGAT TTTGGTCATG AGCTTGCGCC GTCCCGTCAA GTCAGCGTAA TGCTCTGCCA

[3100] 8821 GTGTTACAA

[3101] pLRPO V5-TRAC(7-140) T2A PuroR (서열 식별 번호:174)

[3102] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[3103] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[3104] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[3105] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[3106] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[3107] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[3108] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[3109] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[3110] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[3111] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[3112] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[3113] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[3114] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[3115] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[3116] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[3117] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[3118] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[3119] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[3120] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[3121] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[3122] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[3123] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[3124] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[3125] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[3126] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[3127] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[3128] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[3129] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[3130] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[3131] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[3132] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[3133] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[3134] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[3135] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[3136] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[3137] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[3138] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[3139] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[3140] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[3141] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[3142] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[3143] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[3144] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[3145] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[3146] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[3147] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[3148] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[3149] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[3150] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[3151] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[3152] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[3153] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[3154] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[3155] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[3156] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[3157] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[3158] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[3159] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[3160] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[3161] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[3162] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[3163] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[3164] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[3165] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[3166] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[3167] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[3168] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[3169] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[3170] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[3171] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[3172] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[3173] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[3174] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[3175] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[3176] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[3177] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[3178] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[3179] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[3180] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[3181] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[3182] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[3183] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[3184] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[3185] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[3186] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[3187] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[3188] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[3189] 5221 TCCTCCTGAT CCCAggtaag cctatcccta accctctcct cggtctcgat tctacgGGAG

[3190] 5281 CTGTGTACCA GCTCAGGGAT TCCAAGAGTT CAGATAAGTC AGTGTGCCTG TTCACCGACT

[3191] 5341 TTGATAGTCA GACCAATGTC TCACAGTCTA AAGACTCGGA TGTGTACATC ACCGATAAGA

[3192] 5401 CAGTCCTCGA CATGCGAAGC ATGGATTTTA AGAGTAATTC AGCCGTGGCC TGGTCCAACA

[3193] 5461 AGTCAGATTT CGCCTGCGCC AACGCCTTCA ATAACTCAAT CATTCCCGAA GATACATTTT

[3194] 5521 TCCCCTCCCC CGAGTCTTCG TGTGATGTTA AACTTGTGGA GAAATCTTTC GAAACTGATA

[3195] 5581 CAAACCTCAA TTTCCAGAAC TTGAGCGTCA TAGGATTTAG AATCCTCCTC TTAAAGGTTG

[3196] 5641 CTGGCTTTAA CTTACTGATG ACACTCCGAC TCTGGAGCTC CGGCAGCGGC GAGGGCAGAG

[3197] 5701 GAAGTCTGCT AACATGCGGT GACGTCGAGG AGAATCCTGG CCCAATGACC GAGTACAAGC

[3198] 5761 CCACGGTGCG CCTCGCCACC CGCGACGACG TCCCCAGGGC CGTACGCACC CTCGCCGCCG

[3199] 5821 CGTTCGCCGA CTACCCCGCC ACGCGCCACA CCGTCGATCC GGACCGCCAC ATCGAGCGGG

[3200] 5881 TCACCGAGCT GCAAGAACTC TTCCTCACGC GCGTCGGGCT CGACATCGGC AAGGTGTGGG

[3201] 5941 TCGCGGACGA CGGCGCCGCG GTGGCGGTCT GGACCACGCC GGAGAGCGTC GAAGCGGGGG

[3202] 6001 CGGTGTTCGC CGAGATCGGC CCGCGCATGG CCGAGTTGAG CGGTTCCCGG CTGGCCGCGC

[3203] 6061 AGCAACAGAT GGAAGGCCTC CTGGCGCCGC ACCGGCCCAA GGAGCCCGCG TGGTTCCTGG

[3204] 6121 CCACCGTCGG CGTCTCGCCC GACCACCAGG GCAAGGGTCT GGGCAGCGCC GTCGTGCTCC

[3205] 6181 CCGGAGTGGA GGCGGCCGAG CGCGCCGGGG TGCCCGCCTT CCTGGAGACC TCCGCGCCCC

[3206] 6241 GCAACCTCCC CTTCTACGAG CGGCTCGGCT TCACCGTCAC CGCCGACGTC GAGGTGCCCG

[3207] 6301 AAGGACCGCG CACCTGGTGC ATGACCCGCA AGCCCGGTGC CTGAGATATC GAGCATCTTA

[3208] 6361 CCGCCATTTA TACCCATATT TGTTCTGTTT TTCTTGATTT GGGTATACAT TTAAATGTTA

[3209] 6421 ATAAAACAAA ATGGTGGGGC AATCATTTAC ATTTTTAGGG ATATGTAATT ACTAGTTCAG

[3210] 6481 GTGTATTGCC ACAAGACAAA CATGTTAAGA AACTTTCCCG TTATTTACGC TCTGTTCCTG

[3211] 6541 TTAATCAACC TCTGGATTAC AAAATTTGTG AAAGATTGAC TGATATTCTT AACTATGTTG

[3212] 6601 CTCCTTTTAC GCTGTGTGGA TATGCTGCTT TATAGCCTCT GTATCTAGCT ATTGCTTCCC

[3213] 6661 GTACGGCTTT CGTTTTCTCC TCCTTGTATA AATCCTGGTT GCTGTCTCTT TTAGAGGAGT

[3214] 6721 TGTGGCCCGT TGTCCGTCAA CGTGGCGTGG TGTGCTCTGT GTTTGCTGAC GCAACCCCCA

[3215] 6781 CTGGCTGGGG CATTGCCACC ACCTGTCAAC TCCTTTCTGG GACTTTCGCT TTCCCCCTCC

[3216] 6841 CGATCGCCAC GGCAGAACTC ATCGCCGCCT GCCTTGCCCG CTGCTGGACA GGGGCTAGGT

[3217] 6901 TGCTGGGCAC TGATAATTCC GTGGTGTTGT CAGTACTGGT ACCTTTAAGA CCAATGACTT

[3218] 6961 ACAAGGCAGC TGTAGATCTT AGCCACTTTT TAAAAGAAAA GGGGGGACTG GAAGGGCTAA

[3219] 7021 TTCACTCCCA AAGAAGACAA GATCTGCTTT TTGCCTGTAC TGGGTCTCTC TGGTTAGACC

[3220] 7081 AGATCTGAGC CTGGGAGCTC TCTGGCTAAC TAGGGAACCC ACTGCTTAAG CCTCAATAAA

[3221] 7141 GCTTGCCTTG AGTGCTTCAA TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT

[3222] 7201 TGCTTTAAAA AACCTCCACA CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT

[3223] 7261 GTTGTTAACT TGTTTATTGC AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT

[3224] 7321 TTCACAAATA AAGCATTTTT TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT

[3225] 7381 GTATCTTATC ATGTCTGGAT CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA

[3226] 7441 AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG

[3227] 7501 ATCGCAGCTT GGCGTAATCA TGGTCATAGC TGTTTCCTGT GTGAAATTGT TATCCGCTCA

[3228] 7561 CAATTCCACA CAACATACGA GCCGGAAGCA TAAAGTGTAA AGCCTGGGGT GCCTAATGAG

[3229] 7621 TGAGCTAACT CACATTAATT GCGTTGCGCT CACTGCCCGC TTTCCAGTCG GGAAACCTGT

[3230] 7681 CGTGCCAGCT GCATTAATGA ATCGGCCAAC GCGCGGGGAG AGGCGGTTTG CGTATTGGGC

[3231] 7741 GCTCTTCCGC TTCCTCGCTC ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG

[3232] 7801 TATCAGCTCA CTCAAAGGCG GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA

[3233] 7861 AGAACATGTG AGCAAAAGGC CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG

[3234] 7921 CGTTTTTCCA TAGGCTCCGC CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA

[3235] 7981 GGTGGCGAAA CCCGACAGGA CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG

[3236] 8041 TGCGCTCTCC TGTTCCGACC CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG

[3237] 8101 GAAGCGTGGC GCTTTCTCAT AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC

[3238] 8161 GCTCCAAGCT GGGCTGTGTG CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG

[3239] 8221 GTAACTATCG TCTTGAGTCC AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA

[3240] 8281 CTGGTAACAG GATTAGCAGA GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT

[3241] 8341 GGCCTAACTA CGGCTACACT AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG

[3242] 8401 TTACCTTCGG AAAAAGAGTT GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG

[3243] 8461 GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC

[3244] 8521 CTTTGATCTT TTCTACGGGG TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT

[3245] 8581 TGGTCATGAG ATTATCAAAA AGGATCTTCA CCTAGATCCT TTTAAATTAA AAATGAAGTT

[3246] 8641 TTAAATCAAT CTAAAGTATA TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA

[3247] 8701 GTGAGGCACC TATCTCAGCG ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG

[3248] 8761 TCGTGTAGAT AACTACGATA CGGGAGGGCT TACCATCTGG CCCCAGTGCT GCAATGATAC

[3249] 8821 CGCAGCTTGG GAAACCATAA GAGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA GTTGGTAGCT

[3250] 8881 CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT TTTTGTTTGC AAGCAGCAGA

[3251] 8941 TTACGCGCAG AAAAAAAGGA TCTCAAGAAG ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG

[3252] 9001 CTCAGTGGAA CGAAAACTCA CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGCTTGCGC CGTCCCGTCA

[3253] 9061 AGTCAGCGTA ATGCTCTGCC AGTGTTACAA

[3254] pLRPO FMC63 endoL TRBC1(126-177) T2AW trEGFR (서열 식별 번호:175)

[3255] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[3256] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[3257] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[3258] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[3259] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[3260] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[3261] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[3262] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[3263] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[3264] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[3265] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[3266] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[3267] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[3268] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[3269] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[3270] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[3271] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[3272] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[3273] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[3274] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[3275] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[3276] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[3277] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[3278] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[3279] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[3280] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[3281] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[3282] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[3283] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[3284] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[3285] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[3286] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[3287] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[3288] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[3289] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[3290] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[3291] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[3292] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[3293] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[3294] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[3295] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[3296] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[3297] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[3298] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[3299] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[3300] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[3301] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[3302] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[3303] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[3304] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[3305] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[3306] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[3307] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[3308] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[3309] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[3310] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[3311] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[3312] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[3313] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[3314] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[3315] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[3316] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[3317] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[3318] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[3319] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[3320] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[3321] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[3322] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[3323] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[3324] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[3325] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[3326] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[3327] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[3328] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[3329] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[3330] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[3331] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[3332] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[3333] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[3334] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[3335] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[3336] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[3337] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[3338] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[3339] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[3340] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[3341] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[3342] 5221 TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT GCCTCTCTGG

[3343] 5281 GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT TTAAATTGGT

[3344] 5341 ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA AGATTACACT

[3345] 5401 CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT CTCACCATTA

[3346] 5461 GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT ACGCTTCCGT

[3347] 5521 ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGCTC CACCTCTGGA TCCGGCAAGC

[3348] 5581 CCGGATCTGG CGAGGGATCC ACCAAGGGCG AGGTGAAACT GCAGGAGTCA GGACCTGGCC

[3349] 5641 TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA CATGCACTGT CTCAGGGGTC TCATTACCCG

[3350] 5701 ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC CACGAAAGGG TCTGGAGTGG CTGGGAGTAA

[3351] 5761 TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT CAGCTCTCAA ATCCAGACTG ACCATCATCA

[3352] 5821 AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA AAATGAACAG TCTGCAAACT GATGACACAG

[3353] 5881 CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT ACGGTGGTAG CTATGCTATG GACTACTGGG

[3354] 5941 GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG GATGGGGTAG AGCAGACTGT GGCTTTACCT

[3355] 6001 CGGTGTCCTA CCAGCAAGGG GTCCTGTCTG CCACCATCCT CTATGAGATC CTGCTAGGGA

[3356] 6061 AGGCCACCCT GTATGCTGTG CTGGTCAGCG CCCTTGTGTT GATGGCCATG GTCAAGAGAA

[3357] 6121 AGGATTTCGG GTCAGGCGAG GGCAGAGGAA GTCTGCTAAC ATGCGGTGAC GTCGAGGAGA

[3358] 6181 ATCCTGGACC TATGCTTCTC CTGGTGACAA GCCTTCTGCT CTGTGAGTTA CCACACCCAG

[3359] 6241 CATTCCTCCT GATCCCACGC AAAGTGTGTA ACGGAATAGG TATTGGTGAA TTTAAAGACT

[3360] 6301 CACTCTCCAT AAATGCTACG AATATTAAAC ACTTCAAAAA CTGCACCTCC ATCAGTGGCG

[3361] 6361 ATCTCCACAT CCTGCCGGTG GCATTTAGGG GTGACTCCTT CACACATACT CCTCCTCTGG

[3362] 6421 ATCCACAGGA ACTGGATATT CTGAAAACCG TAAAGGAAAT CACAGGGTTT TTGCTGATTC

[3363] 6481 AGGCTTGGCC TGAAAACAGG ACGGACCTCC ATGCCTTTGA GAACCTAGAA ATCATACGCG

[3364] 6541 GCAGGACCAA GCAACATGGT CAGTTTTCTC TTGCAGTCGT CAGCCTGAAC ATAACATCCT

[3365] 6601 TGGGATTACG CTCCCTCAAG GAGATAAGTG ATGGAGATGT GATAATTTCA GGAAACAAAA

[3366] 6661 ATTTGTGCTA TGCAAATACA ATAAACTGGA AAAAACTGTT TGGGACCTCC GGTCAGAAAA

[3367] 6721 CCAAAATTAT AAGCAACAGA GGTGAAAACA GCTGCAAGGC CACAGGCCAG GTCTGCCATG

[3368] 6781 CCTTGTGCTC CCCCGAGGGC TGCTGGGGCC CGGAGCCCAG GGACTGCGTC TCTTGCCGGA

[3369] 6841 ATGTCAGCCG AGGCAGGGAA TGCGTGGACA AGTGCAACCT TCTGGAGGGT GAGCCAAGGG

[3370] 6901 AGTTTGTGGA GAACTCTGAG TGCATACAGT GCCACCCAGA GTGCCTGCCT CAGGCCATGA

[3371] 6961 ACATCACCTG CACAGGACGG GGACCAGACA ACTGTATCCA GTGTGCCCAC TACATTGACG

[3372] 7021 GCCCCCACTG CGTCAAGACC TGCCCGGCAG GAGTCATGGG AGAAAACAAC ACCCTGGTCT

[3373] 7081 GGAAGTACGC AGACGCCGGC CATGTGTGCC ACCTGTGCCA TCCAAACTGC ACCTACGGAT

[3374] 7141 GCACTGGGCC AGGTCTTGAA GGCTGTCCAA CGAATGGGCC TAAGATCCCG TCCATCGCCA

[3375] 7201 CTGGGATGGT GGGGGCCCTC CTCTTGCTGC TGGTGGTGGC CCTGGGGATC GGCCTCTTCA

[3376] 7261 TGTGAGATAT CGAGCATCTT ACCGCCATTT ATACCCATAT TTGTTCTGTT TTTCTTGATT

[3377] 7321 TGGGTATACA TTTAAATGTT AATAAAACAA AATGGTGGGG CAATCATTTA CATTTTTAGG

[3378] 7381 GATATGTAAT TACTAGTTCA GGTGTATTGC CACAAGACAA ACATGTTAAG AAACTTTCCC

[3379] 7441 GTTATTTACG CTCTGTTCCT GTTAATCAAC CTCTGGATTA CAAAATTTGT GAAAGATTGA

[3380] 7501 CTGATATTCT TAACTATGTT GCTCCTTTTA CGCTGTGTGG ATATGCTGCT TTATAGCCTC

[3381] 7561 TGTATCTAGC TATTGCTTCC CGTACGGCTT TCGTTTTCTC CTCCTTGTAT AAATCCTGGT

[3382] 7621 TGCTGTCTCT TTTAGAGGAG TTGTGGCCCG TTGTCCGTCA ACGTGGCGTG GTGTGCTCTG

[3383] 7681 TGTTTGCTGA CGCAACCCCC ACTGGCTGGG GCATTGCCAC CACCTGTCAA CTCCTTTCTG

[3384] 7741 GGACTTTCGC TTTCCCCCTC CCGATCGCCA CGGCAGAACT CATCGCCGCC TGCCTTGCCC

[3385] 7801 GCTGCTGGAC AGGGGCTAGG TTGCTGGGCA CTGATAATTC CGTGGTGTTG TCAGTACTGG

[3386] 7861 TACCTTTAAG ACCAATGACT TACAAGGCAG CTGTAGATCT TAGCCACTTT TTAAAAGAAA

[3387] 7921 AGGGGGGACT GGAAGGGCTA ATTCACTCCC AAAGAAGACA AGATCTGCTT TTTGCCTGTA

[3388] 7981 CTGGGTCTCT CTGGTTAGAC CAGATCTGAG CCTGGGAGCT CTCTGGCTAA CTAGGGAACC

[3389] 8041 CACTGCTTAA GCCTCAATAA AGCTTGCCTT GAGTGCTTCA ATGATCATAA TCAAGCCATA

[3390] 8101 TCACATCTGT AGAGGTTTAC TTGCTTTAAA AAACCTCCAC ACCTCCCCCT GAACCTGAAA

[3391] 8161 CATAAAATGA ATGCAATTGT TGTTGTTAAC TTGTTTATTG CAGCTTATAA TGGTTACAAA

[3392] 8221 TAAAGCAATA GCATCACAAA TTTCACAAAT AAAGCATTTT TTTCACTGCA TTCTAGTTGT

[3393] 8281 GGTTTGTCCA AACTCATCAA TGTATCTTAT CATGTCTGGA TCTGCGTCGA CACGAAGAGA

[3394] 8341 CGACTGACTG ACTGACTGGA AAGAGGAAGG GCTGGAAGAG GAAGGAGCTT GATCCAGATC

[3395] 8401 CCGATCTCGA TCCAGATCCG GATCGCAGCT TGGCGTAATC ATGGTCATAG CTGTTTCCTG

[3396] 8461 TGTGAAATTG TTATCCGCTC ACAATTCCAC ACAACATACG AGCCGGAAGC ATAAAGTGTA

[3397] 8521 AAGCCTGGGG TGCCTAATGA GTGAGCTAAC TCACATTAAT TGCGTTGCGC TCACTGCCCG

[3398] 8581 CTTTCCAGTC GGGAAACCTG TCGTGCCAGC TGCATTAATG AATCGGCCAA CGCGCGGGGA

[3399] 8641 GAGGCGGTTT GCGTATTGGG CGCTCTTCCG CTTCCTCGCT CACTGACTCG CTGCGCTCGG

[3400] 8701 TCGTTCGGCT GCGGCGAGCG GTATCAGCTC ACTCAAAGGC GGTAATACGG TTATCCACAG

[3401] 8761 AATCAGGGGA TAACGCAGGA AAGAACATGT GAGCAAAAGG CCAGCAAAAGGCCAGGAACC

[3402] 8821 GTAAAAAGGC CGCGTTGCTG GCGTTTTTCC ATAGGCTCCG CCCCCCTGAC GAGCATCACA

[3403] 8881 AAAATCGACG CTCAAGTCAG AGGTGGCGAA ACCCGACAGG ACTATAAAGA TACCAGGCGT

[3404] 8941 TTCCCCCTGG AAGCTCCCTC GTGCGCTCTC CTGTTCCGAC CCTGCCGCTT ACCGGATACC

[3405] 9001 TGTCCGCCTT TCTCCCTTCG GGAAGCGTGG CGCTTTCTCA TAGCTCACGC TGTAGGTATC

[3406] 9061 TCAGTTCGGT GTAGGTCGTT CGCTCCAAGC TGGGCTGTGT GCACGAACCC CCCGTTCAGC

[3407] 9121 CCGACCGCTG CGCCTTATCC GGTAACTATC GTCTTGAGTC CAACCCGGTA AGACACGACT

[3408] 9181 TATCGCCACT GGCAGCAGCC ACTGGTAACA GGATTAGCAG AGCGAGGTAT GTAGGCGGTG

[3409] 9241 CTACAGAGTT CTTGAAGTGG TGGCCTAACT ACGGCTACAC TAGAAGAACA GTATTTGGTA

[3410] 9301 TCTGCGCTCT GCTGAAGCCA GTTACCTTCG GAAAAAGAGT TGGTAGCTCT TGATCCGGCA

[3411] 9361 AACAAACCAC CGCTGGTAGC GGTGGTTTTT TTGTTTGCAA GCAGCAGATT ACGCGCAGAA

[3412] 9421 AAAAAGGATC TCAAGAAGAT CCTTTGATCT TTTCTACGGG GTCTGACGCT CAGTGGAACG

[3413] 9481 AAAACTCACG TTAAGGGATT TTGGTCATGA GATTATCAAA AAGGATCTTC ACCTAGATCC

[3414] 9541 TTTTAAATTA AAAATGAAGT TTTAAATCAA TCTAAAGTAT ATATGAGTAA ACTTGGTCTG

[3415] 9601 ACAGTTACCA ATGCTTAATC AGTGAGGCAC CTATCTCAGC GATCTGTCTA TTTCGTTCAT

[3416] 9661 CCATAGTTGC CTGACTCCCC GTCGTGTAGA TAACTACGAT ACGGGAGGGC TTACCATCTG

[3417] 9721 GCCCCAGTGC TGCAATGATA CCGCAGCTTG GGAAACCATA AGAGCTGAAG CCAGTTACCT

[3418] 9781 TCGGAAAAAG AGTTGGTAGC TCTTGATCCG GCAAACAAAC CACCGCTGGT AGCGGTGGTT

[3419] 9841 TTTTTGTTTG CAAGCAGCAG ATTACGCGCA GAAAAAAAGG ATCTCAAGAA GATCCTTTGA

[3420] 9901 TCTTTTCTAC GGGGTCTGAC GCTCAGTGGA ACGAAAACTC ACGTTAAGGG ATTTTGGTCA

[3421] 9961 TGAGCTTGCG CCGTCCCGTC AAGTCAGCGT AATGCTCTGC CAGTGTTACA A

[3422] pLRPO FMC63-TCR베타1 (37GRK) (서열 식별 번호:176)

[3423] 1 CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT

[3424] 61 CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA

[3425] 121 CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG

[3426] 181 TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA

[3427] 241 ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA

[3428] 301 GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC

[3429] 361 GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA

[3430] 421 ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT

[3431] 481 TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT

[3432] 541 GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT

[3433] 601 AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC

[3434] 661 TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT

[3435] 721 CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT

[3436] 781 GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT

[3437] 841 ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC

[3438] 901 AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA

[3439] 961 ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT

[3440] 1021 TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA

[3441] 1081 AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA

[3442] 1141 GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT

[3443] 1201 TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAGAAAGCGAAAG

[3444] 1261 GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG

[3445] 1321 CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA

[3446] 1381 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC CATTCAGGCT

[3447] 1441 GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC AGCTGGCGAA

[3448] 1501 AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC AGTCACGACG

[3449] 1561 TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA

[3450] 1621 ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC

[3451] 1681 CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC

[3452] 1741 ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC

[3453] 1801 CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA

[3454] 1861 TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG

[3455] 1921 TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC

[3456] 1981 CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT

[3457] 2041 ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG

[3458] 2101 GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT

[3459] 2161 TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA

[3460] 2221 CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA

[3461] 2281 ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC

[3462] 2341 CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG

[3463] 2401 TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT

[3464] 2461 AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC

[3465] 2521 GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA

[3466] 2581 CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA

[3467] 2641 TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA

[3468] 2701 CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT

[3469] 2761 CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC

[3470] 2821 CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT

[3471] 2881 GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG

[3472] 2941 CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG

[3473] 3001 CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC

[3474] 3061 ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT

[3475] 3121 GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC

[3476] 3181 GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA

[3477] 3241 CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT

[3478] 3301 CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT

[3479] 3361 GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG

[3480] 3421 TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG

[3481] 3481 AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA

[3482] 3541 AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT

[3483] 3601 TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT

[3484] 3661 AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC

[3485] 3721 ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT

[3486] 3781 ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT

[3487] 3841 AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT

[3488] 3901 TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC

[3489] 3961 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[3490] 4021 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[3491] 4081 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[3492] 4141 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[3493] 4201 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[3494] 4261 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[3495] 4321 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[3496] 4381 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[3497] 4441 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[3498] 4501 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[3499] 4561 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[3500] 4621 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[3501] 4681 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[3502] 4741 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[3503] 4801 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[3504] 4861 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[3505] 4921 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[3506] 4981 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[3507] 5041 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[3508] 5101 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG

[3509] 5161 CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[3510] 5221 TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT GCCTCTCTGG

[3511] 5281 GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT TTAAATTGGT

[3512] 5341 ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA AGATTACACT

[3513] 5401 CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT CTCACCATTA

[3514] 5461 GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT ACGCTTCCGT

[3515] 5521 ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGCTC CACCTCTGGA TCCGGCAAGC

[3516] 5581 CCGGATCTGG CGAGGGATCC ACCAAGGGCG AGGTGAAACT GCAGGAGTCA GGACCTGGCC

[3517] 5641 TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA CATGCACTGT CTCAGGGGTC TCATTACCCG

[3518] 5701 ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC CACGAAAGGG TCTGGAGTGG CTGGGAGTAA

[3519] 5761 TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT CAGCTCTCAA ATCCAGACTG ACCATCATCA

[3520] 5821 AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA AAATGAACAG TCTGCAAACT GATGACACAG

[3521] 5881 CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT ACGGTGGTAG CTATGCTATG GACTACTGGG

[3522] 5941 GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG CGGCCGCAGG TGGAGGAGGT TCTGGAGGTG

[3523] 6001 GAGGTTCAGG TGGAGGTGGT TCACTCGAGC TGGGAGCAGG CCCAGTGGAT TCTGGAGTCA

[3524] 6061 CACAAACCCC AAAGCACCTG ATCACAGCAA CTGGACAGCG AGTGACGCTG AGATGCTCCC

[3525] 6121 CTAGGTCTGG AGACCTCTCT GTGTCATGGT ACCAACAGAG CCTGGACCAG GGCCTCCAGT

[3526] 6181 TCCTCATTCA GTATTATAAT GGAGAAGAGA GAGCAAAAGG AAACATTCTT GAACGATTCT

[3527] 6241 CCGCACAACA GTTCCCTGAC TTGCACTCTG AACTAAACCT GAGCTCTCTG GAGCTGGGGG

[3528] 6301 ACTCAGCTTT GTATTTCTGT GCCAGCAGCC CCCGGACAGG CCTGAACACT GAAGCTTTCT

[3529] 6361 TTGGACAAGG CACCAGACTC ACAGTTGTAG AGGACCTGAA CAAGGTGTTC CCACCCGAGG

[3530] 6421 TCGCTGTGTT TGAGCCATCA GAAGCAGAGA TCTCCCACAC CCAAAAGGCC ACACTGGTGT

[3531] 6481 GCCTGGCCAC AGGCTTCTTC CCCGACCACG TGGAGCTGAG CTGGTGGGTG AATGGGAAGG

[3532] 6541 AGGTGCACAG TGGGGTCAGC ACGGACCCGC AGCCCCTCAA GGAGCAGCCC GCCCTCAATG

[3533] 6601 ACTCCAGATA CTGCCTGAGC AGCCGCCTGA GGGTCTCGGC CACCTTCTGG CAGAACCCCC

[3534] 6661 GCAACCACTT CCGCTGTCAA GTCCAGTTCT ACGGGCTCTC GGAGAATGAC GAGTGGACCC

[3535] 6721 AGGATAGGGC CAAACCCGTC ACCCAGATCG TCAGCGCCGA GGCCTGGGGT AGAGCAGACT

[3536] 6781 GTGGCTTTAC CTCGGTGTCC TACCAGCAAG GGGTCCTGTC TGCCACCATC CTCTATGAGA

[3537] 6841 TCCTGCTAGG GAAGGCCACC CTGTATGCTG TGCTGGTCAG CGCCCTTGTG TTGATGGCCA

[3538] 6901 TGGTCAAGAG AAAGGATTTC TGATAAGATA TCGAGCATCT TACCGCCATT TATACCCATA

[3539] 6961 TTTGTTCTGT TTTTCTTGAT TTGGGTATAC ATTTAAATGT TAATAAAACA AAATGGTGGG

[3540] 7021 GCAATCATTT ACATTTTTAG GGATATGTAA TTACTAGTTC AGGTGTATTG CCACAAGACA

[3541] 7081 AACATGTTAA GAAACTTTCC CGTTATTTAC GCTCTGTTCC TGTTAATCAA CCTCTGGATT

[3542] 7141 ACAAAATTTG TGAAAGATTG ACTGATATTC TTAACTATGT TGCTCCTTTT ACGCTGTGTG

[3543] 7201 GATATGCTGC TTTATAGCCT CTGTATCTAG CTATTGCTTC CCGTACGGCT TTCGTTTTCT

[3544] 7261 CCTCCTTGTA TAAATCCTGG TTGCTGTCTC TTTTAGAGGA GTTGTGGCCC GTTGTCCGTC

[3545] 7321 AACGTGGCGT GGTGTGCTCT GTGTTTGCTG ACGCAACCCC CACTGGCTGG GGCATTGCCA

[3546] 7381 CCACCTGTCA ACTCCTTTCT GGGACTTTCG CTTTCCCCCT CCCGATCGCC ACGGCAGAAC

[3547] 7441 TCATCGCCGC CTGCCTTGCC CGCTGCTGGA CAGGGGCTAG GTTGCTGGGC ACTGATAATT

[3548] 7501 CCGTGGTGTT GTCAGTACTG GTACCTTTAA GACCAATGAC TTACAAGGCA GCTGTAGATC

[3549] 7561 TTAGCCACTT TTTAAAAGAA AAGGGGGGAC TGGAAGGGCT AATTCACTCC CAAAGAAGAC

[3550] 7621 AAGATCTGCT TTTTGCCTGT ACTGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC

[3551] 7681 TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTTC

[3552] 7741 AATGATCATA ATCAAGCCAT ATCACATCTG TAGAGGTTTA CTTGCTTTAA AAAACCTCCA

[3553] 7801 CACCTCCCCC TGAACCTGAA ACATAAAATG AATGCAATTG TTGTTGTTAA CTTGTTTATT

[3554] 7861 GCAGCTTATA ATGGTTACAA ATAAAGCAAT AGCATCACAA ATTTCACAAA TAAAGCATTT

[3555] 7921 TTTTCACTGC ATTCTAGTTG TGGTTTGTCC AAACTCATCA ATGTATCTTA TCATGTCTGG

[3556] 7981 ATCTGCGTCG ACACGAAGAG ACGACTGACT GACTGACTGG AAAGAGGAAG GGCTGGAAGA

[3557] 8041 GGAAGGAGCT TGATCCAGAT CCCGATCTCG ATCCAGATCC GGATCGCAGC TTGGCGTAAT

[3558] 8101 CATGGTCATA GCTGTTTCCT GTGTGAAATT GTTATCCGCT CACAATTCCA CACAACATAC

[3559] 8161 GAGCCGGAAG CATAAAGTGT AAAGCCTGGG GTGCCTAATG AGTGAGCTAA CTCACATTAA

[3560] 8221 TTGCGTTGCG CTCACTGCCC GCTTTCCAGT CGGGAAACCT GTCGTGCCAG CTGCATTAAT

[3561] 8281 GAATCGGCCA ACGCGCGGGG AGAGGCGGTT TGCGTATTGG GCGCTCTTCC GCTTCCTCGC

[3562] 8341 TCACTGACTC GCTGCGCTCG GTCGTTCGGC TGCGGCGAGC GGTATCAGCT CACTCAAAGG

[3563] 8401 CGGTAATACG GTTATCCACA GAATCAGGGG ATAACGCAGG AAAGAACATG TGAGCAAAAG

[3564] 8461 GCCAGCAAAA GGCCAGGAAC CGTAAAAAGG CCGCGTTGCT GGCGTTTTTC CATAGGCTCC

[3565] 8521 GCCCCCCTGA CGAGCATCAC AAAAATCGAC GCTCAAGTCA GAGGTGGCGA AACCCGACAG

[3566] 8581 GACTATAAAG ATACCAGGCG TTTCCCCCTG GAAGCTCCCT CGTGCGCTCT CCTGTTCCGA

[3567] 8641 CCCTGCCGCT TACCGGATAC CTGTCCGCCT TTCTCCCTTC GGGAAGCGTG GCGCTTTCTC

[3568] 8701 ATAGCTCACG CTGTAGGTAT CTCAGTTCGG TGTAGGTCGT TCGCTCCAAG CTGGGCTGTG

[3569] 8761 TGCACGAACC CCCCGTTCAG CCCGACCGCT GCGCCTTATC CGGTAACTAT CGTCTTGAGT

[3570] 8821 CCAACCCGGT AAGACACGAC TTATCGCCAC TGGCAGCAGC CACTGGTAAC AGGATTAGCA

[3571] 8881 GAGCGAGGTA TGTAGGCGGT GCTACAGAGT TCTTGAAGTG GTGGCCTAAC TACGGCTACA

[3572] 8941 CTAGAAGAAC AGTATTTGGT ATCTGCGCTC TGCTGAAGCC AGTTACCTTC GGAAAAAGAG

[3573] 9001 TTGGTAGCTC TTGATCCGGC AAACAAACCA CCGCTGGTAG CGGTGGTTTT TTTGTTTGCA

[3574] 9061 AGCAGCAGAT TACGCGCAGA AAAAAAGGAT CTCAAGAAGA TCCTTTGATC TTTTCTACGG

[3575] 9121 GGTCTGACGC TCAGTGGAAC GAAAACTCAC GTTAAGGGAT TTTGGTCATG AGATTATCAA

[3576] 9181 AAAGGATCTT CACCTAGATC CTTTTAAATT AAAAATGAAG TTTTAAATCA ATCTAAAGTA

[3577] 9241 TATATGAGTA AACTTGGTCT GACAGTTACC AATGCTTAAT CAGTGAGGCA CCTATCTCAG

[3578] 9301 CGATCTGTCT ATTTCGTTCA TCCATAGTTG CCTGACTCCC CGTCGTGTAG ATAACTACGA

[3579] 9361 TACGGGAGGG CTTACCATCT GGCCCCAGTG CTGCAATGAT ACCGCAGCTT GGGAAACCAT

[3580] 9421 AAGAGCTGAA GCCAGTTACC TTCGGAAAAA GAGTTGGTAG CTCTTGATCC GGCAAACAAA

[3581] 9481 CCACCGCTGG TAGCGGTGGT TTTTTTGTTT GCAAGCAGCA GATTACGCGC AGAAAAAAAG

[3582] 9541 GATCTCAAGA AGATCCTTTG ATCTTTTCTA CGGGGTCTGA CGCTCAGTGG AACGAAAACT

[3583] 9601 CACGTTAAGG GATTTTGGTC ATGAGCTTGC GCCGTCCCGT CAAGTCAGCG TAATGCTCTG

[3584] 9661 CCAGTGTTAC AA

[3585] pLRPO FMC63-HAP17(1-258) (서열 식별 번호:177)

[3586] 1 ATATGAGTAA ACTTGGTCTG ACAGTTACCA ATGCTTAATC AGTGAGGCAC CTATCTCAGC

[3587] 61 GATCTGTCTA TTTCGTTCAT CCATAGTTGC CTGACTCCCC GTCGTGTAGA TAACTACGAT

[3588] 121 ACGGGAGGGC TTACCATCTG GCCCCAGTGC TGCAATGATA CCGCAGCTTG GGAAACCATA

[3589] 181 AGAGCTGAAG CCAGTTACCT TCGGAAAAAG AGTTGGTAGC TCTTGATCCG GCAAACAAAC

[3590] 241 CACCGCTGGT AGCGGTGGTT TTTTTGTTTG CAAGCAGCAG ATTACGCGCA GAAAAAAAGG

[3591] 301 ATCTCAAGAA GATCCTTTGA TCTTTTCTAC GGGGTCTGAC GCTCAGTGGA ACGAAAACTC

[3592] 361 ACGTTAAGGG ATTTTGGTCA TGAGCTTGCG CCGTCCCGTC AAGTCAGCGT AATGCTCTGC

[3593] 421 CAGTGTTACA ACCAATTAAC CAATTCTGAT TAGAAAAACT CATCGAGCAT CAAATGAAAC

[3594] 481 TGCAATTTAT TCACATCAGG ATTATCAATA CCATATTTTT GAAAAAGCCG TTTCTGTAAT

[3595] 541 GAAGGAGAAA ACTCACCGAG GCAGTTCCAT AGGATGGCAA GATCCTGGTA TCGGTCTGCG

[3596] 601 ATTCCGACTC GTCCAACATC AATACAACCT ATTAATTTCC CCTCGTCAAA AATAAGGTTA

[3597] 661 TCAAGTGAGA AATCACCATG AGTGACGACT GAATCCGGTG AGAATGGCAA AAGTTTATGC

[3598] 721 ATTTCTTTCC AGACTTGTTC AACAGGCCAG CCATTACGCT CGTCATCAAA ATCACTCGCA

[3599] 781 TCAACCAAAC CGTTATTCAT TCGTGATTGC GCCTGAGCAA GACGAAATAC GCGATCGCTG

[3600] 841 TTAAAAGGAC AATTACAAAC AGGAATCGAA TGCAACCGGC GCAGGAACAC TGCCAGCGCA

[3601] 901 TCAACAATAT TTTCACCTGA ATCAGGATAT TCTTCTAATA CCTGGAATGC TGTTTTTCCG

[3602] 961 GGGATCGCAG TGGTGAGTAA CCATGCATCA TCAGGAGTAC GGATAAAATG CTTGATGGTC

[3603] 1021 GGAAGAGGCA TAAATTCCGT CAGCCAGTTT AGTCTGACCA TCTCATCTGT AACATCATTG

[3604] 1081 GCAACGCTAC CTTTGCCATG TTTCAGAAAC AACTCTGGCG CATCGGGCTT CCCATACAAG

[3605] 1141 CGATAGATTG TCGCACCTGA TTGCCCGACA TTATCGCGAG CCCATTTATA CCCATATAAA

[3606] 1201 TCAGCATCCA TGTTGGAATT TAATCGCGGC CTCGACGTTT CCCGTTGAAT ATGGCTCATA

[3607] 1261 ACACCCCTTG TATTACTGTT TATGTAAGCA GACAGTTTTA TTGTTCATGA TGATATATTT

[3608] 1321 TTATCTTGTG CAATGTAACA TCAGAGATTT TGAGACACAA CGTGGCTTTC CCCCCCCCCC

[3609] 1381 CCATGACATT AACCTATAAA AATAGGCGTA TCACGAGGCC AGCTTGGGAA ACCATAAGAC

[3610] 1441 CGAGATAGAG TTGAGTGTTG TTCCAGTTTG GAACAAGAGT CCACTATTAA AGAACGTGGA

[3611] 1501 CTCCAACGTC AAAGGGCGAA AAACCGTCTA TCAGGGCGAT GGCCCACTAC GTGAACCATC

[3612] 1561 ACCCAAATCA AGTTTTTTGG GGTCGAGGTG CCGTAAAGCA CTAAATCGGA ACCCTAAAGG

[3613] 1621 GAGCCCCCGA TTTAGAGCTT GACGGGGAAA GCCGGCGAAC GTGGCGAGAA AGGAAGGGAA

[3614] 1681 GAAAGCGAAA GGAGCGGGCG CTAAGGCGCT GGCAAGTGTA GCGGTCACGC TGCGCGTAAC

[3615] 1741 CACCACACCC GCCGCGCTTA ATGCGCCGCT ACAGGGCGCG TACTATGGTT GCTTTGACGT

[3616] 1801 ATGCGGTGTG AAATACCGCA CAGATGCGTA AGGAGAAAAT ACCGCATCAG GCGCCATTCG

[3617] 1861 CCATTCAGGC TGCGCAACTG TTGGGAAGGG CGATCGGTGC GGGCCTCTTC GCTATTACGC

[3618] 1921 CAGCTGGCGA AAGGGGGATG TGCTGCAAGG CGATTAAGTT GGGTAACGCC AGGGTTTTCC

[3619] 1981 CAGTCACGAC GTTGTAAAAC GACGGCCAGT GAATTGATCG AGATCGTGAT CCGGATCAAG

[3620] 2041 ATCCAGATCG AATTGGAGGC TACAGTCAGT GGAGAGGACT TTCACTGACT GACTGACTGC

[3621] 2101 GTCTCAACCT CCTAGGGGAC ATTGATTATT GACTAGTTAT TAATAGTAAT CAATTACGGG

[3622] 2161 GTCATTAGTT CATAGCCCAT ATATGGAGTT CCGCGTTACA TAACTTACGG TAAATGGCCC

[3623] 2221 GCCTGGCTGA CCGCCCAACG ACCCCCGCCC ATTGACGTCA ATAATGACGT ATGTTCCCAT

[3624] 2281 AGTAACGCCA ATAGGGACTT TCCATTGACG TCAATGGGTG GAGTATTTAC GGTAAACTGC

[3625] 2341 CCACTTGGCA GTACATCAAG TGTATCATAT GCCAAGTACG CCCCCTATTG ACGTCAATGA

[3626] 2401 CGGTAAATGG CCCGCCTGGC ATTATGCCCA GTACATGACC TTATGGGACT TTCCTACTTG

[3627] 2461 GCAGTACATC TACGTATTAG TCATCGCTAT TACCATGGTG ATGCGGTTTT GGCAGTACAT

[3628] 2521 CAATGGGCGT GGATAGCGGT TTGACTCACG GGGATTTCCA AGTCTCCACC CCATTGACGT

[3629] 2581 CAATGGGAGT TTGTTTTGGC ACCAAAATCA ACGGGACTTT CCAAAATGTC GTAACAACTC

[3630] 2641 CGCCCCATTG ACGCAAATGG GCGGTAGGCG TGTACGGTGG GAGGTCTATA TAAGCAGAGC

[3631] 2701 TCGTTTAGTG AACCGGGTCT CTCTGGTTAG ACCAGATCTG AGCCTGGGAG CTCTCTGGCT

[3632] 2761 AACTAGGGAA CCCACTGCTT AAGCCTCAAT AAAGCTTGCC TTGAGTGCTC AAAGTAGTGT

[3633] 2821 GTGCCCGTCT GTTGTGTGAC TCTGGTAACT AGAGATCCCT CAGACCCTTT TAGTCAGTGT

[3634] 2881 GGAAAATCTC TAGCAGTGGC GCCCGAACAG GGACTTGAAA GCGAAAGTAA AGCCAGAGGA

[3635] 2941 GATCTCTCGA CGCAGGACTC GGCTTGCTGA AGCGCGCACG GCAAGAGGCG AGGGGCGGCG

[3636] 3001 ACTGGTGAGT ACGCCAAAAA TTTTGACTAG CGGAGGCTAG AAGGAGAGAG TAGGGTGCGA

[3637] 3061 GAGCGTCGGT ATTAAGCGGG GGAGAATTAG ATAAATGGGA AAAAATTCGG TTAAGGCCAG

[3638] 3121 GGGGAAAGAA ACAATATAAA CTAAAACATA TAGTTAGGGC AAGCAGGGAG CTAGAACGAT

[3639] 3181 TCGCAGTTAA TCCTGGCCTT TTAGAGACAT CAGAAGGCTG TAGACAAATA CTGGGACAGC

[3640] 3241 TACAACCATC CCTTCAGACA GGATCAGAAG AACTTAGATC ATTATATAAT ACAATAGCAG

[3641] 3301 TCCTCTATTG TGTGCATCAA AGGATAGATG TAAAAGACAC CAAGGAAGCC TTAGATAAGA

[3642] 3361 TAGAGGAAGA GCAAAACAAA AGTAAGAAAA AGGCACAGCA AGCGATCTTC AGACCTGGAG

[3643] 3421 GAGGCAGGAG GCGATATGAG GGACAATTGG AGAAGTGAAT TATATAAATA TAAAGTAGTA

[3644] 3481 AAAATTGAAC CATTAGGAGT AGCACCCACC AAGGCAAAGA GAAGAGTGGT GCAGAGAGAA

[3645] 3541 AAAAGAGCAG TGGGAATAGG AGCTTTGTTC CTTGGGTTCT TGGGAGCAGC AGGAAGCACT

[3646] 3601 ATGGGCGCAG CGTCAATGAC GCTGACGGTA CAGGCCAGAC AATTATTGTC TGATATAGTG

[3647] 3661 CAGCAGCAGA ACAATTTGCT GAGGGCTATT GAGGCGCAAC AGCATCTGTT GCAACTCACA

[3648] 3721 GTCTGGGGCA TCAAACAGCT CCAGGCAAGA ATCCTGGCTG TGGAAAGATA CCTAAAGGAT

[3649] 3781 CAACAGCTCC TGGGGATTTG GGGTTGCTCT GGAAAACTCA TTTGCACCAC TGCTGTGCCT

[3650] 3841 TGGAATGCTA GTTGGAGTAA TAAATCTCTG GAACAGATTT GGAATAACAT GACCTGGATG

[3651] 3901 GAGTGGGACA GAGAAATTAA CAATTACACA AGCTTAATAC ACTCCTTAAT TGAAGAATCG

[3652] 3961 CAAAACCAGC AAGAAAAGAA TGAACAAGAA TTATTGGAAT TAGATAAATG GGCAAGTTTG

[3653] 4021 TGGAATTGGT TTAACATAAC AAATTGGCTG TGGTATATAA AATTATTCAT AATGATAGTA

[3654] 4081 GGAGGCTTGG TAGGTTTAAG AATAGTTTTT GCTGTACTTT CTATAGTGAA TAGAGTTAGG

[3655] 4141 CAGGGATATT CACCATTATC GTTTCAGACC CACCTCCCAA TCCCGAGGGG ACCACGCGTA

[3656] 4201 CAAATGGCAG TATTCATCCA CAATTTTAAA AGAAAAGGGG GGATTGGGGG GTACAGTGCA

[3657] 4261 GGGGAAAGAA TAGTAGACAT AATAGCAACA GACATACAAA CTAAAGAATT ACAAAAACAA

[3658] 4321 ATTACAAAAA TTCAAAATTT TCGGGTTTAT TACAGGGACA GCAGAAATCC ACTTTGGAAA

[3659] 4381 GCTGAGCATC CGGCTCCGGT GCCCGTCAGT GGGCAGAGCG CACATCGCCC ACAGTCCCCG

[3660] 4441 AGAAGTTGGG GGGAGGGGTC GGCAATTGAA CCGGTGCCTA GAGAAGGTGG CGCGGGGTAA

[3661] 4501 ACTGGGAAAG TGATGTCGTG TACTGGCTCC GCCTTTTTCC CGAGGGTGGG GGAGAACCGT

[3662] 4561 ATATAAGTGC AGTAGTCGCC GTGAACGTTC TTTTTCGCAA CGGGTTTGCC GCCAGAACAC

[3663] 4621 AGGTAAGTGC CGTGTGTGGT TCCCGCGGGC CTGGCCTCTT TACGGGTTAT GGCCCTTGCG

[3664] 4681 TGCCTTGAAT TACTTCCACG CCCCTGGCTG CAGTACGTGA TTCTTGATCC CGAGCTTCGG

[3665] 4741 GTTGGAAGTG GGTGGGAGAG TTCGAGGCCT TGCGCTTAAG GAGCCCCTTC GCCTCGTGCT

[3666] 4801 TGAGTTGAGG CCTGGCCTGG GCGCTGGGGC CGCCGCGTGC GAATCTGGTG GCACCTTCGC

[3667] 4861 GCCTGTCTCG CTGCTTTCGA TAAGTCTCTA GCCATTTAAA ATTTTTGATG ACCTGCTGCG

[3668] 4921 ACGCTTTTTT TCTGGCAAGA TAGTCTTGTA AATGCGGGCC AAGATCTGCA CACTGGTATT

[3669] 4981 TCGGTTTTTG GGGCCGCGGG CGGCGACGGG GCCCGTGCGT CCCAGCGCAC ATGTTCGGCG

[3670] 5041 AGGCGGGGCC TGCGAGCGCG GCCACCGAGA ATCGGACGGG GGTAGTCTCA AGCTGGCCGG

[3671] 5101 CCTGCTCTGG TGCCTGGCCT CGCGCCGCCG TGTATCGCCC CGCCCTGGGC GGCAAGGCTG

[3672] 5161 GCCCGGTCGG CACCAGTTGC GTGAGCGGAA AGATGGCCGC TTCCCGGCCC TGCTGCAGGG

[3673] 5221 AGCTCAAAAT GGAGGACGCG GCGCTCGGGA GAGCGGGCGG GTGAGTCACC CACACAAAGG

[3674] 5281 AAAAGGGCCT TTCCGTCCTC AGCCGTCGCT TCATGTGACT CCACGGAGTA CCGGGCGCCG

[3675] 5341 TCCAGGCACC TCGATTAGTT CTCGAGCTTT TGGAGTACGT CGTCTTTAGG TTGGGGGGAG

[3676] 5401 GGGTTTTATG CGATGGAGTT TCCCCACACT GAGTGGGTGG AGACTGAAGT TAGGCCAGCT

[3677] 5461 TGGCACTTGA TGTAATTCTC CTTGGAATTT GCCCTTTTTG AGTTTGGATC TTGGTTCATT

[3678] 5521 CTCAAGCCTC AGACAGTGGT TCAAAGTTTT TTTCTTCCAT TTCAGGTGTC GTGAAAACTA

[3679] 5581 CCCCTCTAGA GCCGCCACCA TGCTTCTCCT GGTGACAAGC CTTCTGCTCT GTGAGTTACC

[3680] 5641 ACACCCAGCA TTCCTCCTGA TCCCAGACAT CCAGATGACA CAGACTACAT CCTCCCTGTC

[3681] 5701 TGCCTCTCTG GGAGACAGAG TCACCATCAG TTGCAGGGCA AGTCAGGACA TTAGTAAATA

[3682] 5761 TTTAAATTGG TATCAGCAGA AACCAGATGG AACTGTTAAA CTCCTGATCT ACCATACATC

[3683] 5821 AAGATTACAC TCAGGAGTCC CATCAAGGTT CAGTGGCAGT GGGTCTGGAA CAGATTATTC

[3684] 5881 TCTCACCATT AGCAACCTGG AGCAAGAAGA TATTGCCACT TACTTTTGCC AACAGGGTAA

[3685] 5941 TACGCTTCCG TACACGTTCG GAGGGGGGAC TAAGTTGGAA ATAACAGGCT CCACCTCTGG

[3686] 6001 ATCCGGCAAG CCCGGATCTG GCGAGGGATC CACCAAGGGC GAGGTGAAAC TGCAGGAGTC

[3687] 6061 AGGACCTGGC CTGGTGGCGC CCTCACAGAG CCTGTCCGTC ACATGCACTG TCTCAGGGGT

[3688] 6121 CTCATTACCC GACTATGGTG TAAGCTGGAT TCGCCAGCCT CCACGAAAGG GTCTGGAGTG

[3689] 6181 GCTGGGAGTA ATATGGGGTA GTGAAACCAC ATACTATAAT TCAGCTCTCA AATCCAGACT

[3690] 6241 GACCATCATC AAGGACAACT CCAAGAGCCA AGTTTTCTTA AAAATGAACA GTCTGCAAAC

[3691] 6301 TGATGACACA GCCATTTACT ACTGTGCCAA ACATTATTAC TACGGTGGTA GCTATGCTAT

[3692] 6361 GGACTACTGG GGTCAAGGAA CCTCAGTCAC CGTCTCCTCA GCGGCCGCAG GTGGAGGAGG

[3693] 6421 TTCTGGAGGT GGTGGATCAG GTGGTGGAGG ATCTCTAGAA GTGAATGGAG AGAATGTGGA

[3694] 6481 GCAGCATCCT TCAACCCTGA GTGTCCAGGA GGGAGACAGC GCTGTTATCA AGTGTACTTA

[3695] 6541 TTCAGACAGT GCCTCAAACT ACTTCCCTTG GTATAAGCAA GAACTTGGAA AAAGACCTCA

[3696] 6601 GCTTATTATA GACATTCGTT CAAATGTGGG CGAAAAGAAA GACCAACGAA TTGCTGTTAC

[3697] 6661 ATTGAACAAG ACAGCCAAAC ATTTCTCCCT GCACATCACA GAGACCCAAC CTGAAGACTC

[3698] 6721 GGCTGTCTAC TTCTGTGCAG CAAGTAGGAA GGACTCTGGG GGTTACCAGA AAGTTACCTT

[3699] 6781 TGGAACTGGA ACAAAGCTCC AAGTCATCCC AAATATCCAG AACCCTGACC CTGCCGTGTA

[3700] 6841 CCAGCTGAGA GACTCTAAAT CCAGTGACAA GTCTGTCTGC CTATTCACCG ATTTTGATTC

[3701] 6901 TCAAACAAAT GTGTCACAAA GTAAGGATTC TGATGTGTAT ATCACAGACA AAACTGTGCT

[3702] 6961 AGACATGAGG TCTATGGACT TCAAGAGCAA CAGTGCTGTG GCCTGGAGCA ACAAATCTGA

[3703] 7021 CTTTGCATGT GCAAACGCCT TCAACAACAG CATTATTCCA GAAGACACCT TCTTCCCCAG

[3704] 7081 CCCAGAAAGT TCCTGTGATG TCAAGCTGGT CGAGAAAAGC TTTGAAACAG ATACGAACCT

[3705] 7141 AAACTTTCAA AACCTGTCAG TGATTGGGTT CCGAATCCTC CTCCTGAAAG TGGCCGGGTT

[3706] 7201 TAATCTGCTC ATGACGCTGC GGCTGTGGTC CAGCTGATAA GATATCGAGC ATCTTACCGC

[3707] 7261 CATTTATACC CATATTTGTT CTGTTTTTCT TGATTTGGGT ATACATTTAA ATGTTAATAA

[3708] 7321 AACAAAATGG TGGGGCAATC ATTTACATTT TTAGGGATAT GTAATTACTA GTTCAGGTGT

[3709] 7381 ATTGCCACAA GACAAACATG TTAAGAAACT TTCCCGTTAT TTACGCTCTG TTCCTGTTAA

[3710] 7441 TCAACCTCTG GATTACAAAA TTTGTGAAAG ATTGACTGAT ATTCTTAACT ATGTTGCTCC

[3711] 7501 TTTTACGCTG TGTGGATATG CTGCTTTATA GCCTCTGTAT CTAGCTATTG CTTCCCGTAC

[3712] 7561 GGCTTTCGTT TTCTCCTCCT TGTATAAATC CTGGTTGCTG TCTCTTTTAG AGGAGTTGTG

[3713] 7621 GCCCGTTGTC CGTCAACGTG GCGTGGTGTG CTCTGTGTTT GCTGACGCAA CCCCCACTGG

[3714] 7681 CTGGGGCATT GCCACCACCT GTCAACTCCT TTCTGGGACT TTCGCTTTCC CCCTCCCGAT

[3715] 7741 CGCCACGGCA GAACTCATCG CCGCCTGCCT TGCCCGCTGC TGGACAGGGG CTAGGTTGCT

[3716] 7801 GGGCACTGAT AATTCCGTGG TGTTGTCAGT ACTGGTACCT TTAAGACCAA TGACTTACAA

[3717] 7861 GGCAGCTGTA GATCTTAGCC ACTTTTTAAA AGAAAAGGGG GGACTGGAAG GGCTAATTCA

[3718] 7921 CTCCCAAAGA AGACAAGATC TGCTTTTTGC CTGTACTGGG TCTCTCTGGT TAGACCAGAT

[3719] 7981 CTGAGCCTGG GAGCTCTCTG GCTAACTAGG GAACCCACTG CTTAAGCCTC AATAAAGCTT

[3720] 8041 GCCTTGAGTG CTTCAATGAT CATAATCAAG CCATATCACA TCTGTAGAGG TTTACTTGCT

[3721] 8101 TTAAAAAACC TCCACACCTC CCCCTGAACC TGAAACATAA AATGAATGCA ATTGTTGTTG

[3722] 8161 TTAACTTGTT TATTGCAGCT TATAATGGTT ACAAATAAAG CAATAGCATC ACAAATTTCA

[3723] 8221 CAAATAAAGC ATTTTTTTCA CTGCATTCTA GTTGTGGTTT GTCCAAACTC ATCAATGTAT

[3724] 8281 CTTATCATGT CTGGATCTGC GTCGACACGA AGAGACGACT GACTGACTGA CTGGAAAGAG

[3725] 8341 GAAGGGCTGG AAGAGGAAGG AGCTTGATCC AGATCCCGAT CTCGATCCAG ATCCGGATCG

[3726] 8401 CAGCTTGGCG TAATCATGGT CATAGCTGTT TCCTGTGTGA AATTGTTATC CGCTCACAAT

[3727] 8461 TCCACACAAC ATACGAGCCG GAAGCATAAA GTGTAAAGCC TGGGGTGCCT AATGAGTGAG

[3728] 8521 CTAACTCACA TTAATTGCGT TGCGCTCACT GCCCGCTTTC CAGTCGGGAA ACCTGTCGTG

[3729] 8581 CCAGCTGCAT TAATGAATCG GCCAACGCGC GGGGAGAGGC GGTTTGCGTA TTGGGCGCTC

[3730] 8641 TTCCGCTTCC TCGCTCACTG ACTCGCTGCG CTCGGTCGTT CGGCTGCGGC GAGCGGTATC

[3731] 8701 AGCTCACTCA AAGGCGGTAA TACGGTTATC CACAGAATCA GGGGATAACG CAGGAAAGAA

[3732] 8761 CATGTGAGCA AAAGGCCAGC AAAAGGCCAG GAACCGTAAA AAGGCCGCGT TGCTGGCGTT

[3733] 8821 TTTCCATAGG CTCCGCCCCC CTGACGAGCA TCACAAAAAT CGACGCTCAA GTCAGAGGTG

[3734] 8881 GCGAAACCCG ACAGGACTAT AAAGATACCA GGCGTTTCCC CCTGGAAGCT CCCTCGTGCG

[3735] 8941 CTCTCCTGTT CCGACCCTGC CGCTTACCGG ATACCTGTCC GCCTTTCTCC CTTCGGGAAG

[3736] 9001 CGTGGCGCTT TCTCATAGCT CACGCTGTAG GTATCTCAGT TCGGTGTAGG TCGTTCGCTC

[3737] 9061 CAAGCTGGGC TGTGTGCACG AACCCCCCGT TCAGCCCGAC CGCTGCGCCT TATCCGGTAA

[3738] 9121 CTATCGTCTT GAGTCCAACC CGGTAAGACA CGACTTATCG CCACTGGCAG CAGCCACTGG

[3739] 9181 TAACAGGATT AGCAGAGCGA GGTATGTAGG CGGTGCTACA GAGTTCTTGA AGTGGTGGCC

[3740] 9241 TAACTACGGC TACACTAGAA GAACAGTATT TGGTATCTGC GCTCTGCTGA AGCCAGTTAC

[3741] 9301 CTTCGGAAAA AGAGTTGGTA GCTCTTGATC CGGCAAACAA ACCACCGCTG GTAGCGGTGG

[3742] 9361 TTTTTTTGTT TGCAAGCAGC AGATTACGCG CAGAAAAAAA GGATCTCAAG AAGATCCTTT

[3743] 9421 GATCTTTTCT ACGGGGTCTG ACGCTCAGTG GAACGAAAAC TCACGTTAAG GGATTTTGGT

[3744] 9481 CATGAGATTA TCAAAAAGGA TCTTCACCTA GATCCTTTTA AATTAAAAAT GAAGTTTTAA

[3745] 9541 ATCAATCTAA AGTAT

[3746] pLRPO FMC63-HAP17(35-258) (서열 식별 번호:178)

[3747] 1 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[3748] 61 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTGTAGAT AACTACGATA

[3749] 121 CGGGAGGGCT TACCATCTGG CCCCAGTGCT GCAATGATAC CGCAGCTTGG GAAACCATAA

[3750] 181 GAGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC

[3751] 241 ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT TTTTGTTTGC AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAGGA

[3752] 301 TCTCAAGAAG ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAACTCA

[3753] 361 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGCTTGCGC CGTCCCGTCA AGTCAGCGTA ATGCTCTGCC

[3754] 421 AGTGTTACAA CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT

[3755] 481 GCAATTTATT CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG

[3756] 541 AAGGAGAAAA CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA

[3757] 601 TTCCGACTCG TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT

[3758] 661 CAAGTGAGAA ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA

[3759] 721 TTTCTTTCCA GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT

[3760] 781 CAACCAAACC GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT

[3761] 841 TAAAAGGACA ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT

[3762] 901 CAACAATATT TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG

[3763] 961 GGATCGCAGT GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG

[3764] 1021 GAAGAGGCAT AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG

[3765] 1081 CAACGCTACC TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC

[3766] 1141 GATAGATTGT CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT

[3767] 1201 CAGCATCCAT GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA

[3768] 1261 CACCCCTTGT ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT

[3769] 1321 TATCTTGTGC AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC

[3770] 1381 CATGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC

[3771] 1441 GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC

[3772] 1501 TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA

[3773] 1561 CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG

[3774] 1621 AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG

[3775] 1681 AAAGCGAAAG GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC

[3776] 1741 ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA

[3777] 1801 TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC

[3778] 1861 CATTCAGGCT GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC

[3779] 1921 AGCTGGCGAA AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC

[3780] 1981 AGTCACGACG TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA

[3781] 2041 TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG

[3782] 2101 TCTCAACCTC CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG

[3783] 2161 TCATTAGTTC ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG

[3784] 2221 CCTGGCTGAC CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA

[3785] 2281 GTAACGCCAA TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC

[3786] 2341 CACTTGGCAG TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC

[3787] 2401 GGTAAATGGC CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG

[3788] 2461 CAGTACATCT ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC

[3789] 2521 AATGGGCGTG GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC

[3790] 2581 AATGGGAGTT TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC

[3791] 2641 GCCCCATTGA CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT

[3792] 2701 CGTTTAGTGA ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA

[3793] 2761 ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG

[3794] 2821 TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG

[3795] 2881 GAAAATCTCT AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG

[3796] 2941 ATCTCTCGAC GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA

[3797] 3001 CTGGTGAGTA CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG

[3798] 3061 AGCGTCGGTA TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG

[3799] 3121 GGGAAAGAAA CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT

[3800] 3181 CGCAGTTAAT CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT

[3801] 3241 ACAACCATCC CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT

[3802] 3301 CCTCTATTGT GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT

[3803] 3361 AGAGGAAGAG CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCAGACCTGGAGG

[3804] 3421 AGGCAGGAGG CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA

[3805] 3481 AAATTGAACC ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA

[3806] 3541 AAAGAGCAGT GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA

[3807] 3601 TGGGCGCAGC GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC

[3808] 3661 AGCAGCAGAA CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG

[3809] 3721 TCTGGGGCAT CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC

[3810] 3781 AACAGCTCCT GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT

[3811] 3841 GGAATGCTAG TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG

[3812] 3901 AGTGGGACAG AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC

[3813] 3961 AAAACCAGCA AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT

[3814] 4021 GGAATTGGTT TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG

[3815] 4081 GAGGCTTGGT AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC

[3816] 4141 AGGGATATTC ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC

[3817] 4201 AAATGGCAGT ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG

[3818] 4261 GGGAAAGAAT AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA

[3819] 4321 TTACAAAAAT TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG

[3820] 4381 CTGAGCATCC GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA

[3821] 4441 GAAGTTGGGG GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA

[3822] 4501 CTGGGAAAGT GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA

[3823] 4561 TATAAGTGCA GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA

[3824] 4621 GGTAAGTGCC GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT

[3825] 4681 GCCTTGAATT ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG

[3826] 4741 TTGGAAGTGG GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT

[3827] 4801 GAGTTGAGGC CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG

[3828] 4861 CCTGTCTCGC TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA

[3829] 4921 CGCTTTTTTT CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT

[3830] 4981 CGGTTTTTGG GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA

[3831] 5041 GGCGGGGCCT GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC

[3832] 5101 CTGCTCTGGT GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG

[3833] 5161 CCCGGTCGGC ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA

[3834] 5221 GCTCAAAATG GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA

[3835] 5281 AAAGGGCCTT TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT

[3836] 5341 CCAGGCACCT CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG

[3837] 5401 GGTTTTATGC GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT

[3838] 5461 GGCACTTGAT GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC

[3839] 5521 TCAAGCCTCA GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC

[3840] 5581 CCCTCTAGAG CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA

[3841] 5641 CACCCAGCAT TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT

[3842] 5701 GCCTCTCTGG GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT

[3843] 5761 TTAAATTGGT ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA

[3844] 5821 AGATTACACT CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT

[3845] 5881 CTCACCATTA GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT

[3846] 5941 ACGCTTCCGT ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGCTC CACCTCTGGA

[3847] 6001 TCCGGCAAGC CCGGATCTGG CGAGGGATCC ACCAAGGGCG AGGTGAAACT GCAGGAGTCA

[3848] 6061 GGACCTGGCC TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA CATGCACTGT CTCAGGGGTC

[3849] 6121 TCATTACCCG ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC CACGAAAGGG TCTGGAGTGG

[3850] 6181 CTGGGAGTAA TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT CAGCTCTCAA ATCCAGACTG

[3851] 6241 ACCATCATCA AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA AAATGAACAG TCTGCAAACT

[3852] 6301 GATGACACAG CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT ACGGTGGTAG CTATGCTATG

[3853] 6361 GACTACTGGG GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG CGGCCGCAGG TGGAGGAGGT

[3854] 6421 TCTGGAGGTG GTGGATCAGG TGGTGGAGGA TCTCTAGAAG AAAAGAAAGA CCAACGAATT

[3855] 6481 GCTGTTACAT TGAACAAGAC AGCCAAACAT TTCTCCCTGC ACATCACAGA GACCCAACCT

[3856] 6541 GAAGACTCGG CTGTCTACTT CTGTGCAGCA AGTAGGAAGG ACTCTGGGGG TTACCAGAAA

[3857] 6601 GTTACCTTTG GAACTGGAAC AAAGCTCCAA GTCATCCCAA ATATCCAGAA CCCTGACCCT

[3858] 6661 GCCGTGTACC AGCTGAGAGA CTCTAAATCC AGTGACAAGT CTGTCTGCCT ATTCACCGAT

[3859] 6721 TTTGATTCTC AAACAAATGT GTCACAAAGT AAGGATTCTG ATGTGTATAT CACAGACAAA

[3860] 6781 ACTGTGCTAG ACATGAGGTC TATGGACTTC AAGAGCAACA GTGCTGTGGC CTGGAGCAAC

[3861] 6841 AAATCTGACT TTGCATGTGC AAACGCCTTC AACAACAGCA TTATTCCAGA AGACACCTTC

[3862] 6901 TTCCCCAGCC CAGAAAGTTC CTGTGATGTC AAGCTGGTCG AGAAAAGCTT TGAAACAGAT

[3863] 6961 ACGAACCTAA ACTTTCAAAA CCTGTCAGTG ATTGGGTTCC GAATCCTCCT CCTGAAAGTG

[3864] 7021 GCCGGGTTTA ATCTGCTCAT GACGCTGCGG CTGTGGTCCA GCTGATAAGA TATCGAGCAT

[3865] 7081 CTTACCGCCA TTTATACCCA TATTTGTTCT GTTTTTCTTG ATTTGGGTAT ACATTTAAAT

[3866] 7141 GTTAATAAAA CAAAATGGTG GGGCAATCAT TTACATTTTT AGGGATATGT AATTACTAGT

[3867] 7201 TCAGGTGTAT TGCCACAAGA CAAACATGTT AAGAAACTTT CCCGTTATTT ACGCTCTGTT

[3868] 7261 CCTGTTAATC AACCTCTGGA TTACAAAATT TGTGAAAGAT TGACTGATAT TCTTAACTAT

[3869] 7321 GTTGCTCCTT TTACGCTGTG TGGATATGCT GCTTTATAGC CTCTGTATCT AGCTATTGCT

[3870] 7381 TCCCGTACGG CTTTCGTTTT CTCCTCCTTG TATAAATCCT GGTTGCTGTC TCTTTTAGAG

[3871] 7441 GAGTTGTGGC CCGTTGTCCG TCAACGTGGC GTGGTGTGCT CTGTGTTTGC TGACGCAACC

[3872] 7501 CCCACTGGCT GGGGCATTGC CACCACCTGT CAACTCCTTT CTGGGACTTT CGCTTTCCCC

[3873] 7561 CTCCCGATCG CCACGGCAGA ACTCATCGCC GCCTGCCTTG CCCGCTGCTG GACAGGGGCT

[3874] 7621 AGGTTGCTGG GCACTGATAA TTCCGTGGTG TTGTCAGTAC TGGTACCTTT AAGACCAATG

[3875] 7681 ACTTACAAGG CAGCTGTAGA TCTTAGCCAC TTTTTAAAAG AAAAGGGGGG ACTGGAAGGG

[3876] 7741 CTAATTCACT CCCAAAGAAG ACAAGATCTG CTTTTTGCCT GTACTGGGTC TCTCTGGTTA

[3877] 7801 GACCAGATCT GAGCCTGGGA GCTCTCTGGC TAACTAGGGA ACCCACTGCT TAAGCCTCAA

[3878] 7861 TAAAGCTTGC CTTGAGTGCT TCAATGATCA TAATCAAGCC ATATCACATC TGTAGAGGTT

[3879] 7921 TACTTGCTTT AAAAAACCTC CACACCTCCC CCTGAACCTG AAACATAAAA TGAATGCAAT

[3880] 7981 TGTTGTTGTT AACTTGTTTA TTGCAGCTTA TAATGGTTAC AAATAAAGCA ATAGCATCAC

[3881] 8041 AAATTTCACA AATAAAGCAT TTTTTTCACT GCATTCTAGT TGTGGTTTGT CCAAACTCAT

[3882] 8101 CAATGTATCT TATCATGTCT GGATCTGCGT CGACACGAAG AGACGACTGA CTGACTGACT

[3883] 8161 GGAAAGAGGA AGGGCTGGAA GAGGAAGGAG CTTGATCCAG ATCCCGATCT CGATCCAGAT

[3884] 8221 CCGGATCGCA GCTTGGCGTA ATCATGGTCA TAGCTGTTTC CTGTGTGAAA TTGTTATCCG

[3885] 8281 CTCACAATTC CACACAACAT ACGAGCCGGA AGCATAAAGT GTAAAGCCTG GGGTGCCTAA

[3886] 8341 TGAGTGAGCT AACTCACATT AATTGCGTTG CGCTCACTGC CCGCTTTCCA GTCGGGAAAC

[3887] 8401 CTGTCGTGCC AGCTGCATTA ATGAATCGGC CAACGCGCGG GGAGAGGCGG TTTGCGTATT

[3888] 8461 GGGCGCTCTT CCGCTTCCTC GCTCACTGAC TCGCTGCGCT CGGTCGTTCG GCTGCGGCGA

[3889] 8521 GCGGTATCAG CTCACTCAAA GGCGGTAATA CGGTTATCCA CAGAATCAGG GGATAACGCA

[3890] 8581 GGAAAGAACA TGTGAGCAAA AGGCCAGCAA AAGGCCAGGA ACCGTAAAAA GGCCGCGTTG

[3891] 8641 CTGGCGTTTT TCCATAGGCT CCGCCCCCCT GACGAGCATC ACAAAAATCG ACGCTCAAGT

[3892] 8701 CAGAGGTGGC GAAACCCGAC AGGACTATAA AGATACCAGG CGTTTCCCCC TGGAAGCTCC

[3893] 8761 CTCGTGCGCT CTCCTGTTCC GACCCTGCCG CTTACCGGAT ACCTGTCCGC CTTTCTCCCT

[3894] 8821 TCGGGAAGCG TGGCGCTTTC TCATAGCTCA CGCTGTAGGT ATCTCAGTTC GGTGTAGGTC

[3895] 8881 GTTCGCTCCA AGCTGGGCTG TGTGCACGAA CCCCCCGTTC AGCCCGACCG CTGCGCCTTA

[3896] 8941 TCCGGTAACT ATCGTCTTGA GTCCAACCCG GTAAGACACG ACTTATCGCC ACTGGCAGCA

[3897] 9001 GCCACTGGTA ACAGGATTAG CAGAGCGAGG TATGTAGGCG GTGCTACAGA GTTCTTGAAG

[3898] 9061 TGGTGGCCTA ACTACGGCTA CACTAGAAGA ACAGTATTTG GTATCTGCGC TCTGCTGAAG

[3899] 9121 CCAGTTACCT TCGGAAAAAG AGTTGGTAGC TCTTGATCCG GCAAACAAAC CACCGCTGGT

[3900] 9181 AGCGGTGGTT TTTTTGTTTG CAAGCAGCAG ATTACGCGCA GAAAAAAAGG ATCTCAAGAA

[3901] 9241 GATCCTTTGA TCTTTTCTAC GGGGTCTGAC GCTCAGTGGA ACGAAAACTC ACGTTAAGGG

[3902] 9301 ATTTTGGTCA TGAGATTATC AAAAAGGATC TTCACCTAGA TCCTTTTAAA TTAAAAATGA

[3903] 9361 AGTTTTAAAT CAATCTAAAG TATA

[3904] pLRPO FMC63-HAP17(79-258) (서열 식별 번호:179)

[3905] 1 ATATGAGTAA ACTTGGTCTG ACAGTTACCA ATGCTTAATC AGTGAGGCAC CTATCTCAGC

[3906] 61 GATCTGTCTA TTTCGTTCAT CCATAGTTGC CTGACTCCCC GTCGTGTAGA TAACTACGAT

[3907] 121 ACGGGAGGGC TTACCATCTG GCCCCAGTGC TGCAATGATA CCGCAGCTTG GGAAACCATA

[3908] 181 AGAGCTGAAG CCAGTTACCT TCGGAAAAAG AGTTGGTAGC TCTTGATCCG GCAAACAAAC

[3909] 241 CACCGCTGGT AGCGGTGGTT TTTTTGTTTG CAAGCAGCAG ATTACGCGCA GAAAAAAAGG

[3910] 301 ATCTCAAGAA GATCCTTTGA TCTTTTCTAC GGGGTCTGAC GCTCAGTGGA ACGAAAACTC

[3911] 361 ACGTTAAGGG ATTTTGGTCA TGAGCTTGCG CCGTCCCGTC AAGTCAGCGT AATGCTCTGC

[3912] 421 CAGTGTTACA ACCAATTAAC CAATTCTGAT TAGAAAAACT CATCGAGCAT CAAATGAAAC

[3913] 481 TGCAATTTAT TCACATCAGG ATTATCAATA CCATATTTTT GAAAAAGCCG TTTCTGTAAT

[3914] 541 GAAGGAGAAA ACTCACCGAG GCAGTTCCAT AGGATGGCAA GATCCTGGTA TCGGTCTGCG

[3915] 601 ATTCCGACTC GTCCAACATC AATACAACCT ATTAATTTCC CCTCGTCAAA AATAAGGTTA

[3916] 661 TCAAGTGAGA AATCACCATG AGTGACGACT GAATCCGGTG AGAATGGCAA AAGTTTATGC

[3917] 721 ATTTCTTTCC AGACTTGTTC AACAGGCCAG CCATTACGCT CGTCATCAAA ATCACTCGCA

[3918] 781 TCAACCAAAC CGTTATTCAT TCGTGATTGC GCCTGAGCAA GACGAAATAC GCGATCGCTG

[3919] 841 TTAAAAGGAC AATTACAAAC AGGAATCGAA TGCAACCGGC GCAGGAACAC TGCCAGCGCA

[3920] 901 TCAACAATAT TTTCACCTGA ATCAGGATAT TCTTCTAATA CCTGGAATGC TGTTTTTCCG

[3921] 961 GGGATCGCAG TGGTGAGTAA CCATGCATCA TCAGGAGTAC GGATAAAATG CTTGATGGTC

[3922] 1021 GGAAGAGGCA TAAATTCCGT CAGCCAGTTT AGTCTGACCA TCTCATCTGT AACATCATTG

[3923] 1081 GCAACGCTAC CTTTGCCATG TTTCAGAAAC AACTCTGGCG CATCGGGCTT CCCATACAAG

[3924] 1141 CGATAGATTG TCGCACCTGA TTGCCCGACA TTATCGCGAG CCCATTTATA CCCATATAAA

[3925] 1201 TCAGCATCCA TGTTGGAATT TAATCGCGGC CTCGACGTTT CCCGTTGAAT ATGGCTCATA

[3926] 1261 ACACCCCTTG TATTACTGTT TATGTAAGCA GACAGTTTTA TTGTTCATGA TGATATATTT

[3927] 1321 TTATCTTGTG CAATGTAACA TCAGAGATTT TGAGACACAA CGTGGCTTTC CCCCCCCCCC

[3928] 1381 CCATGACATT AACCTATAAA AATAGGCGTA TCACGAGGCC AGCTTGGGAA ACCATAAGAC

[3929] 1441 CGAGATAGAG TTGAGTGTTG TTCCAGTTTG GAACAAGAGT CCACTATTAA AGAACGTGGA

[3930] 1501 CTCCAACGTC AAAGGGCGAA AAACCGTCTA TCAGGGCGAT GGCCCACTAC GTGAACCATC

[3931] 1561 ACCCAAATCA AGTTTTTTGG GGTCGAGGTG CCGTAAAGCA CTAAATCGGA ACCCTAAAGG

[3932] 1621 GAGCCCCCGA TTTAGAGCTT GACGGGGAAA GCCGGCGAAC GTGGCGAGAA AGGAAGGGAA

[3933] 1681 GAAAGCGAAA GGAGCGGGCG CTAAGGCGCT GGCAAGTGTA GCGGTCACGC TGCGCGTAAC

[3934] 1741 CACCACACCC GCCGCGCTTA ATGCGCCGCT ACAGGGCGCG TACTATGGTT GCTTTGACGT

[3935] 1801 ATGCGGTGTG AAATACCGCA CAGATGCGTA AGGAGAAAAT ACCGCATCAG GCGCCATTCG

[3936] 1861 CCATTCAGGC TGCGCAACTG TTGGGAAGGG CGATCGGTGC GGGCCTCTTC GCTATTACGC

[3937] 1921 CAGCTGGCGA AAGGGGGATG TGCTGCAAGG CGATTAAGTT GGGTAACGCC AGGGTTTTCC

[3938] 1981 CAGTCACGAC GTTGTAAAAC GACGGCCAGT GAATTGATCG AGATCGTGAT CCGGATCAAG

[3939] 2041 ATCCAGATCG AATTGGAGGC TACAGTCAGT GGAGAGGACT TTCACTGACT GACTGACTGC

[3940] 2101 GTCTCAACCT CCTAGGGGAC ATTGATTATT GACTAGTTAT TAATAGTAAT CAATTACGGG

[3941] 2161 GTCATTAGTT CATAGCCCAT ATATGGAGTT CCGCGTTACA TAACTTACGG TAAATGGCCC

[3942] 2221 GCCTGGCTGA CCGCCCAACG ACCCCCGCCC ATTGACGTCA ATAATGACGT ATGTTCCCAT

[3943] 2281 AGTAACGCCA ATAGGGACTT TCCATTGACG TCAATGGGTG GAGTATTTAC GGTAAACTGC

[3944] 2341 CCACTTGGCA GTACATCAAG TGTATCATAT GCCAAGTACG CCCCCTATTG ACGTCAATGA

[3945] 2401 CGGTAAATGG CCCGCCTGGC ATTATGCCCA GTACATGACC TTATGGGACT TTCCTACTTG

[3946] 2461 GCAGTACATC TACGTATTAG TCATCGCTAT TACCATGGTG ATGCGGTTTT GGCAGTACAT

[3947] 2521 CAATGGGCGT GGATAGCGGT TTGACTCACG GGGATTTCCA AGTCTCCACC CCATTGACGT

[3948] 2581 CAATGGGAGT TTGTTTTGGC ACCAAAATCA ACGGGACTTT CCAAAATGTC GTAACAACTC

[3949] 2641 CGCCCCATTG ACGCAAATGG GCGGTAGGCG TGTACGGTGG GAGGTCTATA TAAGCAGAGC

[3950] 2701 TCGTTTAGTG AACCGGGTCT CTCTGGTTAG ACCAGATCTG AGCCTGGGAG CTCTCTGGCT

[3951] 2761 AACTAGGGAA CCCACTGCTT AAGCCTCAAT AAAGCTTGCC TTGAGTGCTC AAAGTAGTGT

[3952] 2821 GTGCCCGTCT GTTGTGTGAC TCTGGTAACT AGAGATCCCT CAGACCCTTT TAGTCAGTGT

[3953] 2881 GGAAAATCTC TAGCAGTGGC GCCCGAACAG GGACTTGAAA GCGAAAGTAA AGCCAGAGGA

[3954] 2941 GATCTCTCGA CGCAGGACTC GGCTTGCTGA AGCGCGCACG GCAAGAGGCG AGGGGCGGCG

[3955] 3001 ACTGGTGAGT ACGCCAAAAA TTTTGACTAG CGGAGGCTAG AAGGAGAGAG TAGGGTGCGA

[3956] 3061 GAGCGTCGGT ATTAAGCGGG GGAGAATTAG ATAAATGGGA AAAAATTCGG TTAAGGCCAG

[3957] 3121 GGGGAAAGAA ACAATATAAA CTAAAACATA TAGTTAGGGC AAGCAGGGAG CTAGAACGAT

[3958] 3181 TCGCAGTTAA TCCTGGCCTT TTAGAGACAT CAGAAGGCTG TAGACAAATA CTGGGACAGC

[3959] 3241 TACAACCATC CCTTCAGACA GGATCAGAAG AACTTAGATC ATTATATAAT ACAATAGCAG

[3960] 3301 TCCTCTATTG TGTGCATCAA AGGATAGATG TAAAAGACAC CAAGGAAGCC TTAGATAAGA

[3961] 3361 TAGAGGAAGA GCAAAACAAA AGTAAGAAAA AGGCACAGCA AGCGATCTTC AGACCTGGAG

[3962] 3421 GAGGCAGGAG GCGATATGAG GGACAATTGG AGAAGTGAAT TATATAAATA TAAAGTAGTA

[3963] 3481 AAAATTGAAC CATTAGGAGT AGCACCCACC AAGGCAAAGA GAAGAGTGGT GCAGAGAGAA

[3964] 3541 AAAAGAGCAG TGGGAATAGG AGCTTTGTTC CTTGGGTTCT TGGGAGCAGC AGGAAGCACT

[3965] 3601 ATGGGCGCAG CGTCAATGAC GCTGACGGTA CAGGCCAGAC AATTATTGTC TGATATAGTG

[3966] 3661 CAGCAGCAGA ACAATTTGCT GAGGGCTATT GAGGCGCAAC AGCATCTGTT GCAACTCACA

[3967] 3721 GTCTGGGGCA TCAAACAGCT CCAGGCAAGA ATCCTGGCTG TGGAAAGATA CCTAAAGGAT

[3968] 3781 CAACAGCTCC TGGGGATTTG GGGTTGCTCT GGAAAACTCA TTTGCACCAC TGCTGTGCCT

[3969] 3841 TGGAATGCTA GTTGGAGTAA TAAATCTCTG GAACAGATTT GGAATAACAT GACCTGGATG

[3970] 3901 GAGTGGGACA GAGAAATTAA CAATTACACA AGCTTAATAC ACTCCTTAAT TGAAGAATCG

[3971] 3961 CAAAACCAGC AAGAAAAGAA TGAACAAGAA TTATTGGAAT TAGATAAATG GGCAAGTTTG

[3972] 4021 TGGAATTGGT TTAACATAAC AAATTGGCTG TGGTATATAA AATTATTCAT AATGATAGTA

[3973] 4081 GGAGGCTTGG TAGGTTTAAG AATAGTTTTT GCTGTACTTT CTATAGTGAA TAGAGTTAGG

[3974] 4141 CAGGGATATT CACCATTATC GTTTCAGACC CACCTCCCAA TCCCGAGGGG ACCACGCGTA

[3975] 4201 CAAATGGCAG TATTCATCCA CAATTTTAAA AGAAAAGGGG GGATTGGGGG GTACAGTGCA

[3976] 4261 GGGGAAAGAA TAGTAGACAT AATAGCAACA GACATACAAA CTAAAGAATT ACAAAAACAA

[3977] 4321 ATTACAAAAA TTCAAAATTT TCGGGTTTAT TACAGGGACA GCAGAAATCC ACTTTGGAAA

[3978] 4381 GCTGAGCATC CGGCTCCGGT GCCCGTCAGT GGGCAGAGCG CACATCGCCC ACAGTCCCCG

[3979] 4441 AGAAGTTGGG GGGAGGGGTC GGCAATTGAA CCGGTGCCTA GAGAAGGTGG CGCGGGGTAA

[3980] 4501 ACTGGGAAAG TGATGTCGTG TACTGGCTCC GCCTTTTTCC CGAGGGTGGG GGAGAACCGT

[3981] 4561 ATATAAGTGC AGTAGTCGCC GTGAACGTTC TTTTTCGCAA CGGGTTTGCC GCCAGAACAC

[3982] 4621 AGGTAAGTGC CGTGTGTGGT TCCCGCGGGC CTGGCCTCTT TACGGGTTAT GGCCCTTGCG

[3983] 4681 TGCCTTGAAT TACTTCCACG CCCCTGGCTG CAGTACGTGA TTCTTGATCC CGAGCTTCGG

[3984] 4741 GTTGGAAGTG GGTGGGAGAG TTCGAGGCCT TGCGCTTAAG GAGCCCCTTC GCCTCGTGCT

[3985] 4801 TGAGTTGAGG CCTGGCCTGG GCGCTGGGGC CGCCGCGTGC GAATCTGGTG GCACCTTCGC

[3986] 4861 GCCTGTCTCG CTGCTTTCGA TAAGTCTCTA GCCATTTAAA ATTTTTGATG ACCTGCTGCG

[3987] 4921 ACGCTTTTTT TCTGGCAAGA TAGTCTTGTA AATGCGGGCC AAGATCTGCA CACTGGTATT

[3988] 4981 TCGGTTTTTG GGGCCGCGGG CGGCGACGGG GCCCGTGCGT CCCAGCGCAC ATGTTCGGCG

[3989] 5041 AGGCGGGGCC TGCGAGCGCG GCCACCGAGA ATCGGACGGG GGTAGTCTCA AGCTGGCCGG

[3990] 5101 CCTGCTCTGG TGCCTGGCCT CGCGCCGCCG TGTATCGCCC CGCCCTGGGC GGCAAGGCTG

[3991] 5161 GCCCGGTCGG CACCAGTTGC GTGAGCGGAA AGATGGCCGC TTCCCGGCCC TGCTGCAGGG

[3992] 5221 AGCTCAAAAT GGAGGACGCG GCGCTCGGGA GAGCGGGCGG GTGAGTCACC CACACAAAGG

[3993] 5281 AAAAGGGCCT TTCCGTCCTC AGCCGTCGCT TCATGTGACT CCACGGAGTA CCGGGCGCCG

[3994] 5341 TCCAGGCACC TCGATTAGTT CTCGAGCTTT TGGAGTACGT CGTCTTTAGG TTGGGGGGAG

[3995] 5401 GGGTTTTATG CGATGGAGTT TCCCCACACT GAGTGGGTGG AGACTGAAGT TAGGCCAGCT

[3996] 5461 TGGCACTTGA TGTAATTCTC CTTGGAATTT GCCCTTTTTG AGTTTGGATC TTGGTTCATT

[3997] 5521 CTCAAGCCTC AGACAGTGGT TCAAAGTTTT TTTCTTCCAT TTCAGGTGTC GTGAAAACTA

[3998] 5581 CCCCTCTAGA GCCGCCACCA TGCTTCTCCT GGTGACAAGC CTTCTGCTCT GTGAGTTACC

[3999] 5641 ACACCCAGCA TTCCTCCTGA TCCCAGACAT CCAGATGACA CAGACTACAT CCTCCCTGTC

[4000] 5701 TGCCTCTCTG GGAGACAGAG TCACCATCAG TTGCAGGGCA AGTCAGGACA TTAGTAAATA

[4001] 5761 TTTAAATTGG TATCAGCAGA AACCAGATGG AACTGTTAAA CTCCTGATCT ACCATACATC

[4002] 5821 AAGATTACAC TCAGGAGTCC CATCAAGGTT CAGTGGCAGT GGGTCTGGAA CAGATTATTC

[4003] 5881 TCTCACCATT AGCAACCTGG AGCAAGAAGA TATTGCCACT TACTTTTGCC AACAGGGTAA

[4004] 5941 TACGCTTCCG TACACGTTCG GAGGGGGGAC TAAGTTGGAA ATAACAGGCT CCACCTCTGG

[4005] 6001 ATCCGGCAAG CCCGGATCTG GCGAGGGATC CACCAAGGGC GAGGTGAAAC TGCAGGAGTC

[4006] 6061 AGGACCTGGC CTGGTGGCGC CCTCACAGAG CCTGTCCGTC ACATGCACTG TCTCAGGGGT

[4007] 6121 CTCATTACCC GACTATGGTG TAAGCTGGAT TCGCCAGCCT CCACGAAAGG GTCTGGAGTG

[4008] 6181 GCTGGGAGTA ATATGGGGTA GTGAAACCAC ATACTATAAT TCAGCTCTCA AATCCAGACT

[4009] 6241 GACCATCATC AAGGACAACT CCAAGAGCCA AGTTTTCTTA AAAATGAACA GTCTGCAAAC

[4010] 6301 TGATGACACA GCCATTTACT ACTGTGCCAA ACATTATTAC TACGGTGGTA GCTATGCTAT

[4011] 6361 GGACTACTGG GGTCAAGGAA CCTCAGTCAC CGTCTCCTCA GCGGCCGCAG GTGGAGGAGG

[4012] 6421 TTCTGGAGGT GGTGGATCAG GTGGTGGAGG ATCTCTAGAA TACCAGAAAG TTACCTTTGG

[4013] 6481 AACTGGAACA AAGCTCCAAG TCATCCCAAA TATCCAGAAC CCTGACCCTG CCGTGTACCA

[4014] 6541 GCTGAGAGAC TCTAAATCCA GTGACAAGTC TGTCTGCCTA TTCACCGATT TTGATTCTCA

[4015] 6601 AACAAATGTG TCACAAAGTA AGGATTCTGA TGTGTATATC ACAGACAAAA CTGTGCTAGA

[4016] 6661 CATGAGGTCT ATGGACTTCA AGAGCAACAG TGCTGTGGCC TGGAGCAACA AATCTGACTT

[4017] 6721 TGCATGTGCA AACGCCTTCA ACAACAGCAT TATTCCAGAA GACACCTTCT TCCCCAGCCC

[4018] 6781 AGAAAGTTCC TGTGATGTCA AGCTGGTCGA GAAAAGCTTT GAAACAGATA CGAACCTAAA

[4019] 6841 CTTTCAAAAC CTGTCAGTGA TTGGGTTCCG AATCCTCCTC CTGAAAGTGG CCGGGTTTAA

[4020] 6901 TCTGCTCATG ACGCTGCGGC TGTGGTCCAG CTGATAAGAT ATCGAGCATC TTACCGCCAT

[4021] 6961 TTATACCCAT ATTTGTTCTG TTTTTCTTGA TTTGGGTATA CATTTAAATG TTAATAAAAC

[4022] 7021 AAAATGGTGG GGCAATCATT TACATTTTTA GGGATATGTA ATTACTAGTT CAGGTGTATT

[4023] 7081 GCCACAAGAC AAACATGTTA AGAAACTTTC CCGTTATTTA CGCTCTGTTC CTGTTAATCA

[4024] 7141 ACCTCTGGAT TACAAAATTT GTGAAAGATT GACTGATATT CTTAACTATG TTGCTCCTTT

[4025] 7201 TACGCTGTGT GGATATGCTG CTTTATAGCC TCTGTATCTA GCTATTGCTT CCCGTACGGC

[4026] 7261 TTTCGTTTTC TCCTCCTTGT ATAAATCCTG GTTGCTGTCT CTTTTAGAGG AGTTGTGGCC

[4027] 7321 CGTTGTCCGT CAACGTGGCG TGGTGTGCTC TGTGTTTGCT GACGCAACCC CCACTGGCTG

[4028] 7381 GGGCATTGCC ACCACCTGTC AACTCCTTTC TGGGACTTTC GCTTTCCCCC TCCCGATCGC

[4029] 7441 CACGGCAGAA CTCATCGCCG CCTGCCTTGC CCGCTGCTGG ACAGGGGCTA GGTTGCTGGG

[4030] 7501 CACTGATAAT TCCGTGGTGT TGTCAGTACT GGTACCTTTA AGACCAATGA CTTACAAGGC

[4031] 7561 AGCTGTAGAT CTTAGCCACT TTTTAAAAGA AAAGGGGGGA CTGGAAGGGC TAATTCACTC

[4032] 7621 CCAAAGAAGA CAAGATCTGC TTTTTGCCTG TACTGGGTCT CTCTGGTTAG ACCAGATCTG

[4033] 7681 AGCCTGGGAG CTCTCTGGCT AACTAGGGAA CCCACTGCTT AAGCCTCAAT AAAGCTTGCC

[4034] 7741 TTGAGTGCTT CAATGATCAT AATCAAGCCA TATCACATCT GTAGAGGTTT ACTTGCTTTA

[4035] 7801 AAAAACCTCC ACACCTCCCC CTGAACCTGA AACATAAAAT GAATGCAATT GTTGTTGTTA

[4036] 7861 ACTTGTTTAT TGCAGCTTAT AATGGTTACA AATAAAGCAA TAGCATCACA AATTTCACAA

[4037] 7921 ATAAAGCATT TTTTTCACTG CATTCTAGTT GTGGTTTGTC CAAACTCATC AATGTATCTT

[4038] 7981 ATCATGTCTG GATCTGCGTC GACACGAAGA GACGACTGAC TGACTGACTG GAAAGAGGAA

[4039] 8041 GGGCTGGAAG AGGAAGGAGC TTGATCCAGA TCCCGATCTC GATCCAGATC CGGATCGCAG

[4040] 8101 CTTGGCGTAA TCATGGTCAT AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTTATCCGC TCACAATTCC

[4041] 8161 ACACAACATA CGAGCCGGAA GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT GAGTGAGCTA

[4042] 8221 ACTCACATTA ATTGCGTTGC GCTCACTGCC CGCTTTCCAG TCGGGAAACC TGTCGTGCCA

[4043] 8281 GCTGCATTAA TGAATCGGCC AACGCGCGGG GAGAGGCGGT TTGCGTATTG GGCGCTCTTC

[4044] 8341 CGCTTCCTCG CTCACTGACT CGCTGCGCTC GGTCGTTCGG CTGCGGCGAG CGGTATCAGC

[4045] 8401 TCACTCAAAG GCGGTAATAC GGTTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT

[4046] 8461 GTGAGCAAAA GGCCAGCAAA AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCGCGTTGC TGGCGTTTTT

[4047] 8521 CCATAGGCTC CGCCCCCCTG ACGAGCATCA CAAAAATCGA CGCTCAAGTC AGAGGTGGCG

[4048] 8581 AAACCCGACA GGACTATAAA GATACCAGGC GTTTCCCCCT GGAAGCTCCC TCGTGCGCTC

[4049] 8641 TCCTGTTCCG ACCCTGCCGC TTACCGGATA CCTGTCCGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT

[4050] 8701 GGCGCTTTCT CATAGCTCAC GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCCAA

[4051] 8761 GCTGGGCTGT GTGCACGAAC CCCCCGTTCA GCCCGACCGC TGCGCCTTAT CCGGTAACTA

[4052] 8821 TCGTCTTGAG TCCAACCCGG TAAGACACGA CTTATCGCCA CTGGCAGCAG CCACTGGTAA

[4053] 8881 CAGGATTAGC AGAGCGAGGT ATGTAGGCGG TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCCTAA

[4054] 8941 CTACGGCTAC ACTAGAAGAA CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT

[4055] 9001 CGGAAAAAGA GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT

[4056] 9061 TTTTGTTTGC AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA TCTCAAGAAG ATCCTTTGAT

[4057] 9121 CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAACTCA CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT

[4058] 9181 GAGATTATCA AAAAGGATCT TCACCTAGAT CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC

[4059] 9241 AATCTAAAGT AT

[4060] pLRPC FMC63-TCR베타1 (CRISPR 저항성) (서열 식별 번호:180)

[4061] 1 AAAGCTGAGC ATCCGGCTCC GGTGCCCGTC AGTGGGCAGA GCGCACATCG CCCACAGTCC

[4062] 61 CCGAGAAGTT GGGGGGAGGG GTCGGCAATT GAACCGGTGC CTAGAGAAGG TGGCGCGGGG

[4063] 121 TAAACTGGGA AAGTGATGTC GTGTACTGGC TCCGCCTTTT TCCCGAGGGT GGGGGAGAAC

[4064] 181 CGTATATAAG TGCAGTAGTC GCCGTGAACG TTCTTTTTCG CAACGGGTTT GCCGCCAGAA

[4065] 241 CACAGGTAAG TGCCGTGTGT GGTTCCCGCG GGCCTGGCCT CTTTACGGGT TATGGCCCTT

[4066] 301 GCGTGCCTTG AATTACTTCC ACGCCCCTGG CTGCAGTACG TGATTCTTGA TCCCGAGCTT

[4067] 361 CGGGTTGGAA GTGGGTGGGA GAGTTCGAGG CCTTGCGCTT AAGGAGCCCC TTCGCCTCGT

[4068] 421 GCTTGAGTTG AGGCCTGGCC TGGGCGCTGG GGCCGCCGCG TGCGAATCTG GTGGCACCTT

[4069] 481 CGCGCCTGTC TCGCTGCTTT CGATAAGTCT CTAGCCATTT AAAATTTTTG ATGACCTGCT

[4070] 541 GCGACGCTTT TTTTCTGGCA AGATAGTCTT GTAAATGCGG GCCAAGATCT GCACACTGGT

[4071] 601 ATTTCGGTTT TTGGGGCCGC GGGCGGCGAC GGGGCCCGTG CGTCCCAGCG CACATGTTCG

[4072] 661 GCGAGGCGGG GCCTGCGAGC GCGGCCACCG AGAATCGGAC GGGGGTAGTC TCAAGCTGGC

[4073] 721 CGGCCTGCTC TGGTGCCTGG CCTCGCGCCG CCGTGTATCG CCCCGCCCTG GGCGGCAAGG

[4074] 781 CTGGCCCGGT CGGCACCAGT TGCGTGAGCG GAAAGATGGC CGCTTCCCGG CCCTGCTGCA

[4075] 841 GGGAGCTCAA AATGGAGGAC GCGGCGCTCG GGAGAGCGGG CGGGTGAGTC ACCCACACAA

[4076] 901 AGGAAAAGGG CCTTTCCGTC CTCAGCCGTC GCTTCATGTG ACTCCACGGA GTACCGGGCG

[4077] 961 CCGTCCAGGC ACCTCGATTA GTTCTCGAGC TTTTGGAGTA CGTCGTCTTT AGGTTGGGGG

[4078] 1021 GAGGGGTTTT ATGCGATGGA GTTTCCCCAC ACTGAGTGGG TGGAGACTGA AGTTAGGCCA

[4079] 1081 GCTTGGCACT TGATGTAATT CTCCTTGGAA TTTGCCCTTT TTGAGTTTGG ATCTTGGTTC

[4080] 1141 ATTCTCAAGC CTCAGACAGT GGTTCAAAGT TTTTTTCTTC CATTTCAGGT GTCGTGAAAA

[4081] 1201 CTACCCCTCT AGAGCCGCCA CCATGCTTCT CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT

[4082] 1261 ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAGA CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT

[4083] 1321 GTCTGCCTCT CTGGGAGACA GAGTCACCAT CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA

[4084] 1381 ATATTTAAAT TGGTATCAGC AGAAACCAGA TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC

[4085] 1441 ATCAAGATTA CACTCAGGAG TCCCATCAAG GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA

[4086] 1501 TTCTCTCACC ATTAGCAACC TGGAGCAAGA AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG

[4087] 1561 TAATACGCTT CCGTACACGT TCGGAGGGGG GACTAAGTTG GAAATAACAG GCTCCACCTC

[4088] 1621 TGGATCCGGC AAGCCCGGAT CTGGCGAGGG ATCCACCAAG GGCGAGGTGA AACTGCAGGA

[4089] 1681 GTCAGGACCT GGCCTGGTGG CGCCCTCACA GAGCCTGTCC GTCACATGCA CTGTCTCAGG

[4090] 1741 GGTCTCATTA CCCGACTATG GTGTAAGCTG GATTCGCCAG CCTCCACGAA AGGGTCTGGA

[4091] 1801 GTGGCTGGGA GTAATATGGG GTAGTGAAAC CACATACTAT AATTCAGCTC TCAAATCCAG

[4092] 1861 ACTGACCATC ATCAAGGACA ACTCCAAGAG CCAAGTTTTC TTAAAAATGA ACAGTCTGCA

[4093] 1921 AACTGATGAC ACAGCCATTT ACTACTGTGC CAAACATTAT TACTACGGTG GTAGCTATGC

[4094] 1981 TATGGACTAC TGGGGTCAAG GAACCTCAGT CACCGTCTCC TCAGCGGCCG CAGGTGGAGG

[4095] 2041 AGGTTCTGGA GGTGGAGGTT CAGGTGGAGG TGGTTCACTC GAGCTGGGAG CAGGCCCAGT

[4096] 2101 GGATTCTGGA GTCACACAAA CCCCAAAGCA CCTGATCACA GCAACTGGAC AGCGAGTGAC

[4097] 2161 GCTGAGATGC TCCCCTAGGT CTGGAGACCT CTCTGTGTCA TGGTACCAAC AGAGCCTGGA

[4098] 2221 CCAGGGCCTC CAGTTCCTCA TTCAGTATTA TAATGGAGAA GAGAGAGCAA AAGGAAACAT

[4099] 2281 TCTTGAACGA TTCTCCGCAC AACAGTTCCC TGACTTGCAC TCTGAACTAA ACCTGAGCTC

[4100] 2341 TCTGGAGCTG GGGGACTCAG CTTTGTATTT CTGTGCCAGC AGCCCCCGGA CAGGCCTGAA

[4101] 2401 CACTGAAGCT TTCTTTGGAC AAGGCACCAG ACTCACAGTT GTAGAGGACC TGAACAAGGT

[4102] 2461 GTTCCCACCC GAGGTCGCTG TGTTTGAGCC ATCAGAAGCA GAGATCTCCC ACACCCAAAA

[4103] 2521 GGCCACgCTa GTaTGtCTaG CtACAGGCTT CTTCCCCGAC CACGTGGAGC TGAGCTGGTG

[4104] 2581 GGTGAATGGG AAGGAGGTGC ACAGTGGGGT CAGCACGGAC CCGCAGCCCC TCAAGGAGCA

[4105] 2641 GCCCGCCCTC AATGACTCCA GATACTGCCT GAGCAGCCGC CTGAGGGTCT CGGCCACCTT

[4106] 2701 CTGGCAGAAC CCCCGCAACC ACTTCCGCTG TCAAGTCCAG TTCTACGGGC TCTCGGAGAA

[4107] 2761 TGACGAGTGG ACCCAGGATA GGGCCAAACC CGTCACCCAG ATCGTCAGCG CCGAGGCCTG

[4108] 2821 GGGTAGAGCA GACTGTGGCT TTACCTCGGT GTCCTACCAG CAAGGGGTCC TGTCTGCCAC

[4109] 2881 CATCCTCTAT GAGATCCTGC TAGGGAAGGC CACCCTGTAT GCTGTGCTGG TCAGCGCCCT

[4110] 2941 TGTGTTGATG GCCATGGTCA AGAGAAAGGA TTTCTGATAA GATATCGAGC ATCTTACCGC

[4111] 3001 CATTTATACC CATATTTGTT CTGTTTTTCT TGATTTGGGT ATACATTTAA ATGTTAATAA

[4112] 3061 AACAAAATGG TGGGGCAATC ATTTACATTT TTAGGGATAT GTAATTACTA GTTCAGGTGT

[4113] 3121 ATTGCCACAA GACAAACATG TTAAGAAACT TTCCCGTTAT TTACGCTCTG TTCCTGTTAA

[4114] 3181 TCAACCTCTG GATTACAAAA TTTGTGAAAG ATTGACTGAT ATTCTTAACT ATGTTGCTCC

[4115] 3241 TTTTACGCTG TGTGGATATG CTGCTTTATA GCCTCTGTAT CTAGCTATTG CTTCCCGTAC

[4116] 3301 GGCTTTCGTT TTCTCCTCCT TGTATAAATC CTGGTTGCTG TCTCTTTTAG AGGAGTTGTG

[4117] 3361 GCCCGTTGTC CGTCAACGTG GCGTGGTGTG CTCTGTGTTT GCTGACGCAA CCCCCACTGG

[4118] 3421 CTGGGGCATT GCCACCACCT GTCAACTCCT TTCTGGGACT TTCGCTTTCC CCCTCCCGAT

[4119] 3481 CGCCACGGCA GAACTCATCG CCGCCTGCCT TGCCCGCTGC TGGACAGGGG CTAGGTTGCT

[4120] 3541 GGGCACTGAT AATTCCGTGG TGTTGTCAGT ACTGGTACCT TTAAGACCAA TGACTTACAA

[4121] 3601 GGCAGCTGTA GATCTTAGCC ACTTTTTAAA AGAAAAGGGG GGACTGGAAG GGCTAATTCA

[4122] 3661 CTCCCAAAGA AGACAAGATC TGCTTTTTGC CTGTACTGGG TCTCTCTGGT TAGACCAGAT

[4123] 3721 CTGAGCCTGG GAGCTCTCTG GCTAACTAGG GAACCCACTG CTTAAGCCTC AATAAAGCTT

[4124] 3781 GCCTTGAGTG CTTCAATGAT CATAATCAAG CCATATCACA TCTGTAGAGG TTTACTTGCT

[4125] 3841 TTAAAAAACC TCCACACCTC CCCCTGAACC TGAAACATAA AATGAATGCA ATTGTTGTTG

[4126] 3901 TTAACTTGTT TATTGCAGCT TATAATGGTT ACAAATAAAG CAATAGCATC ACAAATTTCA

[4127] 3961 CAAATAAAGC ATTTTTTTCA CTGCATTCTA GTTGTGGTTT GTCCAAACTC ATCAATGTAT

[4128] 4021 CTTATCATGT CTGGATCTGC GTCGACACGA AGAGACGACT GACTGACTGA CTGGAAAGAG

[4129] 4081 GAAGGGCTGG AAGAGGAAGG AGCTTGATCC AGATCCCGAT CTCGATCCAG ATCCGGATCG

[4130] 4141 CAGCTTGGCG TAATCATGGT CATAGCTGTT TCCTGTGTGA AATTGTTATC CGCTCACAAT

[4131] 4201 TCCACACAAC ATACGAGCCG GAAGCATAAA GTGTAAAGCC TGGGGTGCCT AATGAGTGAG

[4132] 4261 CTAACTCACA TTAATTGCGT TGCGCTCACT GCCCGCTTTC CAGTCGGGAA ACCTGTCGTG

[4133] 4321 CCAGCTGCAT TAATGAATCG GCCAACGCGC GGGGAGAGGC GGTTTGCGTA TTGGGCGCTC

[4134] 4381 TTCCGCTTCC TCGCTCACTG ACTCGCTGCG CTCGGTCGTT CGGCTGCGGC GAGCGGTATC

[4135] 4441 AGCTCACTCA AAGGCGGTAA TACGGTTATC CACAGAATCA GGGGATAACG CAGGAAAGAA

[4136] 4501 CATGTGAGCA AAAGGCCAGC AAAAGGCCAG GAACCGTAAA AAGGCCGCGT TGCTGGCGTT

[4137] 4561 TTTCCATAGG CTCCGCCCCC CTGACGAGCA TCACAAAAAT CGACGCTCAA GTCAGAGGTG

[4138] 4621 GCGAAACCCG ACAGGACTAT AAAGATACCA GGCGTTTCCC CCTGGAAGCT CCCTCGTGCG

[4139] 4681 CTCTCCTGTT CCGACCCTGC CGCTTACCGG ATACCTGTCC GCCTTTCTCC CTTCGGGAAG

[4140] 4741 CGTGGCGCTT TCTCATAGCT CACGCTGTAG GTATCTCAGT TCGGTGTAGG TCGTTCGCTC

[4141] 4801 CAAGCTGGGC TGTGTGCACG AACCCCCCCG GTAAGACACG ACTTATCGCC ACTGGCAGCA

[4142] 4861 GCCACTGGTA ACAGGATTAG CAGAGCGAGG TATGTAGGCG GTGCTACAGA GTTCTTGAAG

[4143] 4921 TGGTGGCCTA ACTACGGCTA CACTAGAAGA ACAGTATTTG GTATCTGCGC TCTGCTGAAG

[4144] 4981 CCAGTTACCT TCGGAAAAAG AGTTGGTAGC TCTTGATCCG GCAAACAAAC CACCGCTGGT

[4145] 5041 AGCGGTGGTT TTTTTGTTTG CAAGCAGCAG ATTACGCGCA GAAAAAAAGG ATCTCAAGAA

[4146] 5101 GATCCTTTGA TCTTTTCTAC GGGGTCTGAC GCTCAGTGGA ACGAAAACTC ACGTTAAGGG

[4147] 5161 ATTTTGGTCA TGAGATTATC AAAAAGGATC TTCACCTAGA TCCTTTTAAA TTAAAAATGA

[4148] 5221 AGTTTTAAAT CAATCTAAAG TATATATGAG TAAACTTGGT CTGACAGTTA CCAATGCTTA

[4149] 5281 ATCAGTGAGG CACCTATCTC AGCGATCTGT CTATTTCGTT CATCCATAGT TGCCTGACTC

[4150] 5341 CCCGTCGTTG CTAGGTTACT GTCATGAGCG GATACATATT TGAATGTATT TAGAAAAATA

[4151] 5401 AACAAAAGAG TTTGTAGAAA CGCAAAAAGG CCATCCGTCA GGATGGCCTT CTGCTTAATT

[4152] 5461 TGATCGGTGG CAGTTTATGG CGGGCGTCCT GCCCGCCACC CTCCGGGCCG TTGCTTCGCA

[4153] 5521 ACGTTCAAAT CCGCTCCCGG CGGATTTGTC CTACTCAGGA GAGCGTTCAC CGACAAACAA

[4154] 5581 CAGATAAAAC GAAAGGCCCA GTCTTTCGAC TGAGCCTTTC GTTTTATTTG ATGCCTGGCA

[4155] 5641 GTTCCCTACT CTCGCATGGG TTGCGGCCGC CCGGGCCGTC GACCAATTCT CATGTTTGAC

[4156] 5701 AGCTTATCAT CGAATTTCTG CCATTCATCC GCTTATTATC ACTTATTCAG GCGTAGCAAC

[4157] 5761 CAGGCGTTTA AGGGCACCAA TAACTGCCTT AAAAAAATTA CGCCCCGCCC TGCCACTCAT

[4158] 5821 CGCAGTACTG TTGTAATTCA TTAAGCATTC TGCCGACATG GAAGCCATCA CAAACGGCAT

[4159] 5881 GATGAACCTG AATCGCCAGC GGCATCAGCA CCTTGTCGCC TTGCGTATAA TATTTGCCCA

[4160] 5941 TGGTGAAAAC GGGGGCGAAG AAGTTGTCCA TATTGGCCAC GTTTAAATCA AAACTGGTGA

[4161] 6001 AACTCACCCA GGGATTGGCT GAGACGAAAA ACATATTCTC AATAAACCCT TTAGGGAAAT

[4162] 6061 AGGCCAGGTT TTCACCGTAA CACGCCACAT CTTGCGAATA TATGTGTAGA AACTGCCGGA

[4163] 6121 AATCGTCGTG GTATTCACTC CAGAGCGATG AAAACGTTTC AGTTTGCTCA TGGAAAACGG

[4164] 6181 TGTAACAAGG GTGAACACTA TCCCATATCA CCAGCTCACC GTCTTTCATT GCCATACGAA

[4165] 6241 ATTCCGGATG AGCATTCATC AGGCGGGCAA GAATGTGAAT AAAGGCCGGA TAAAACTTGT

[4166] 6301 GCTTATTTTT CTTTACGGTC TTTAAAAAGG CCGTAATATC CAGCTGAACG GTCTGGTTAT

[4167] 6361 AGGTACATTG AGCAACTGAC TGAAATGCCT CAAAATGTTC TTTACGATGC CATTGGGATA

[4168] 6421 TATCAACGGT GGTATATCCA GTGATTTTTT TCTCCATTTT AGCTTCCTTA GCTCCTGAAA

[4169] 6481 ATCTCGATAA CTCAAAAAAT ACGCCCGGTA GTGATCTTAT TTCATTATGG TGAAAGTTGG

[4170] 6541 AACCTCTTAC GTGCCGATCA ACGTCTCATT TTCGCCAAAA GTGACATTAA CCTATAAAAA

[4171] 6601 TAGGCGTATC ACGAGGCCAG CTTGGGAAAC CATAAGACCG AGATAGAGTT GAGTGTTGTT

[4172] 6661 CCAGTTTGGA ACAAGAGTCC ACTATTAAAG AACGTGGACT CCAACGTCAA AGGGCGAAAA

[4173] 6721 ACCGTCTATC AGGGCGATGG CCCACTACGT GAACCATCAC CCAAATCAAG TTTTTTGGGG

[4174] 6781 TCGAGGTGCC GTAAAGCACT AAATCGGAAC CCTAAAGGGA GCCCCCGATT TAGAGCTTGA

[4175] 6841 CGGGGAAAGC CGGCGAACGT GGCGAGAAAG GAAGGGAAGAAAGCGAAAGGAGCGGGCGCT

[4176] 6901 AAGGCGCTGG CAAGTGTAGC GGTCACGCTG CGCGTAACCA CCACACCCGC CGCGCTTAAT

[4177] 6961 GCGCCGCTAC AGGGCGCGTA CTATGGTTGC TTTGACGTAT GCGGTGTGAA ATACCGCACA

[4178] 7021 GATGCGTAAG GAGAAAATAC CGCATCAGGC GCCATTCGCC ATTCAGGCTG CGCAACTGTT

[4179] 7081 GGGAAGGGCG ATCGGTGCGG GCCTCTTCGC TATTACGCCA GCTGGCGAAA GGGGGATGTG

[4180] 7141 CTGCAAGGCG ATTAAGTTGG GTAACGCCAG GGTTTTCCCA GTCACGACGT TGTAAAACGA

[4181] 7201 CGGCCAGTGA ATTGATCGAG ATCGTGATCC GGATCAAGAT CCAGATCGAA TTGGAGGCTA

[4182] 7261 CAGTCAGTGG AGAGGACTTT CACTGACTGA CTGACTGCGT CTCAACCTCC TAGGGGACAT

[4183] 7321 TGATTATTGA CTAGTTATTA ATAGTAATCA ATTACGGGGT CATTAGTTCA TAGCCCATAT

[4184] 7381 ATGGAGTTCC GCGTTACATA ACTTACGGTA AATGGCCCGC CTGGCTGACC GCCCAACGAC

[4185] 7441 CCCCGCCCAT TGACGTCAAT AATGACGTAT GTTCCCATAG TAACGCCAAT AGGGACTTTC

[4186] 7501 CATTGACGTC AATGGGTGGA GTATTTACGG TAAACTGCCC ACTTGGCAGT ACATCAAGTG

[4187] 7561 TATCATATGC CAAGTACGCC CCCTATTGAC GTCAATGACG GTAAATGGCC CGCCTGGCAT

[4188] 7621 TATGCCCAGT ACATGACCTT ATGGGACTTT CCTACTTGGC AGTACATCTA CGTATTAGTC

[4189] 7681 ATCGCTATTA CCATGGTGAT GCGGTTTTGG CAGTACATCA ATGGGCGTGG ATAGCGGTTT

[4190] 7741 GACTCACGGG GATTTCCAAG TCTCCACCCC ATTGACGTCA ATGGGAGTTT GTTTTGGCAC

[4191] 7801 CAAAATCAAC GGGACTTTCC AAAATGTCGT AACAACTCCG CCCCATTGAC GCAAATGGGC

[4192] 7861 GGTAGGCGTG TACGGTGGGA GGTCTATATA AGCAGAGCTC GTTTAGTGAA CCGGGTCTCT

[4193] 7921 CTGGTTAGAC CAGATCTGAG CCTGGGAGCT CTCTGGCTAA CTAGGGAACC CACTGCTTAA

[4194] 7981 GCCTCAATAA AGCTTGCCTT GAGTGCTCAA AGTAGTGTGT GCCCGTCTGT TGTGTGACTC

[4195] 8041 TGGTAACTAG AGATCCCTCA GACCCTTTTA GTCAGTGTGG AAAATCTCTA GCAGTGGCGC

[4196] 8101 CCGAACAGGG ACTTGAAAGC GAAAGTAAAG CCAGAGGAGA TCTCTCGACG CAGGACTCGG

[4197] 8161 CTTGCTGAAG CGCGCACGGC AAGAGGCGAG GGGCGGCGAC TGGTGAGTAC GCCAAAAATT

[4198] 8221 TTGACTAGCG GAGGCTAGAA GGAGAGAGTA GGGTGCGAGA GCGTCGGTAT TAAGCGGGGG

[4199] 8281 AGAATTAGAT AAATGGGAAA AAATTCGGTT AAGGCCAGGG GGAAAGAAAC AATATAAACT

[4200] 8341 AAAACATATA GTTAGGGCAA GCAGGGAGCT AGAACGATTC GCAGTTAATC CTGGCCTTTT

[4201] 8401 AGAGACATCA GAAGGCTGTA GACAAATACT GGGACAGCTA CAACCATCCC TTCAGACAGG

[4202] 8461 ATCAGAAGAA CTTAGATCAT TATATAATAC AATAGCAGTC CTCTATTGTG TGCATCAAAG

[4203] 8521 GATAGATGTA AAAGACACCA AGGAAGCCTT AGATAAGATA GAGGAAGAGC AAAACAAAAG

[4204] 8581 TAAGAAAAAG GCACAGCAAG CGATCTTCAG ACCTGGAGGA GGCAGGAGGC GATATGAGGG

[4205] 8641 ACAATTGGAG AAGTGAATTA TATAAATATA AAGTAGTAAA AATTGAACCA TTAGGAGTAG

[4206] 8701 CACCCACCAA GGCAAAGAGA AGAGTGGTGC AGAGAGAAAA AAGAGCAGTGGGAATAGGAG

[4207] 8761 CTTTGTTCCT TGGGTTCTTG GGAGCAGCAG GAAGCACTAT GGGCGCAGCG TCAATGACGC

[4208] 8821 TGACGGTACA GGCCAGACAA TTATTGTCTG ATATAGTGCA GCAGCAGAAC AATTTGCTGA

[4209] 8881 GGGCTATTGA GGCGCAACAG CATCTGTTGC AACTCACAGT CTGGGGCATC AAACAGCTCC

[4210] 8941 AGGCAAGAAT CCTGGCTGTG GAAAGATACC TAAAGGATCA ACAGCTCCTG GGGATTTGGG

[4211] 9001 GTTGCTCTGG AAAACTCATT TGCACCACTG CTGTGCCTTG GAATGCTAGT TGGAGTAATA

[4212] 9061 AATCTCTGGA ACAGATTTGG AATAACATGA CCTGGATGGA GTGGGACAGA GAAATTAACA

[4213] 9121 ATTACACAAG CTTAATACAC TCCTTAATTG AAGAATCGCA AAACCAGCAA GAAAAGAATG

[4214] 9181 AACAAGAATT ATTGGAATTA GATAAATGGG CAAGTTTGTG GAATTGGTTT AACATAACAA

[4215] 9241 ATTGGCTGTG GTATATAAAA TTATTCATAA TGATAGTAGG AGGCTTGGTA GGTTTAAGAA

[4216] 9301 TAGTTTTTGC TGTACTTTCT ATAGTGAATA GAGTTAGGCA GGGATATTCA CCATTATCGT

[4217] 9361 TTCAGACCCA CCTCCCAATC CCGAGGGGAC CACGCGTACA AATGGCAGTA TTCATCCACA

[4218] 9421 ATTTTAAAAG AAAAGGGGGG ATTGGGGGGT ACAGTGCAGG GGAAAGAATA GTAGACATAA

[4219] 9481 TAGCAACAGA CATACAAACT AAAGAATTAC AAAAACAAAT TACAAAAATT CAAAATTTTC

[4220] 9541 GGGTTTATTA CAGGGACAGC AGAAATCCAC TTTGG

[4221] pLRPO FMC63 TRDC T2AW FMC63op TRGC1 (서열 식별 번호:181)

[4222] 1 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[4223] 61 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTGTAGAT AACTACGATA

[4224] 121 CGGGAGGGCT TACCATCTGG CCCCAGTGCT GCAATGATAC CGCAGCTTGG GAAACCATAA

[4225] 181 GAGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC

[4226] 241 ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT TTTTGTTTGC AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA

[4227] 301 TCTCAAGAAG ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAACTCA

[4228] 361 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGCTTGCGC CGTCCCGTCA AGTCAGCGTA ATGCTCTGCC

[4229] 421 AGTGTTACAA CCAATTAACC AATTCTGATT AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT

[4230] 481 GCAATTTATT CACATCAGGA TTATCAATAC CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG

[4231] 541 AAGGAGAAAA CTCACCGAGG CAGTTCCATA GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA

[4232] 601 TTCCGACTCG TCCAACATCA ATACAACCTA TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT

[4233] 661 CAAGTGAGAA ATCACCATGA GTGACGACTG AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA

[4234] 721 TTTCTTTCCA GACTTGTTCA ACAGGCCAGC CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT

[4235] 781 CAACCAAACC GTTATTCATT CGTGATTGCG CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT

[4236] 841 TAAAAGGACA ATTACAAACA GGAATCGAAT GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT

[4237] 901 CAACAATATT TTCACCTGAA TCAGGATATT CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG

[4238] 961 GGATCGCAGT GGTGAGTAAC CATGCATCAT CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG

[4239] 1021 GAAGAGGCAT AAATTCCGTC AGCCAGTTTA GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG

[4240] 1081 CAACGCTACC TTTGCCATGT TTCAGAAACA ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC

[4241] 1141 GATAGATTGT CGCACCTGAT TGCCCGACAT TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT

[4242] 1201 CAGCATCCAT GTTGGAATTT AATCGCGGCC TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA

[4243] 1261 CACCCCTTGT ATTACTGTTT ATGTAAGCAG ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT

[4244] 1321 TATCTTGTGC AATGTAACAT CAGAGATTTT GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC

[4245] 1381 CATGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC

[4246] 1441 GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC

[4247] 1501 TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA

[4248] 1561 CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG

[4249] 1621 AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG

[4250] 1681 AAAGCGAAAG GAGCGGGCGC TAAGGCGCTG GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC

[4251] 1741 ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA

[4252] 1801 TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCGCATCAGG CGCCATTCGC

[4253] 1861 CATTCAGGCT GCGCAACTGT TGGGAAGGGC GATCGGTGCG GGCCTCTTCG CTATTACGCC

[4254] 1921 AGCTGGCGAA AGGGGGATGT GCTGCAAGGC GATTAAGTTG GGTAACGCCA GGGTTTTCCC

[4255] 1981 AGTCACGACG TTGTAAAACG ACGGCCAGTG AATTGATCGA GATCGTGATC CGGATCAAGA

[4256] 2041 TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG

[4257] 2101 TCTCAACCTC CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG

[4258] 2161 TCATTAGTTC ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG

[4259] 2221 CCTGGCTGAC CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA

[4260] 2281 GTAACGCCAA TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC

[4261] 2341 CACTTGGCAG TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC

[4262] 2401 GGTAAATGGC CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG

[4263] 2461 CAGTACATCT ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC

[4264] 2521 AATGGGCGTG GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC

[4265] 2581 AATGGGAGTT TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC

[4266] 2641 GCCCCATTGA CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT

[4267] 2701 CGTTTAGTGA ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA

[4268] 2761 ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG

[4269] 2821 TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG

[4270] 2881 GAAAATCTCT AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG

[4271] 2941 ATCTCTCGAC GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA

[4272] 3001 CTGGTGAGTA CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG

[4273] 3061 AGCGTCGGTA TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG

[4274] 3121 GGGAAAGAAA CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT

[4275] 3181 CGCAGTTAAT CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT

[4276] 3241 ACAACCATCC CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT

[4277] 3301 CCTCTATTGT GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT

[4278] 3361 AGAGGAAGAG CAAAACAAAA GTAAGAAAAA GGCACAGCAA GCGATCTTCAGACCTGGAGG

[4279] 3421 AGGCAGGAGG CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA

[4280] 3481 AAATTGAACC ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA

[4281] 3541 AAAGAGCAGT GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA

[4282] 3601 TGGGCGCAGC GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC

[4283] 3661 AGCAGCAGAA CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG

[4284] 3721 TCTGGGGCAT CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC

[4285] 3781 AACAGCTCCT GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT

[4286] 3841 GGAATGCTAG TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG

[4287] 3901 AGTGGGACAG AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC

[4288] 3961 AAAACCAGCA AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT

[4289] 4021 GGAATTGGTT TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG

[4290] 4081 GAGGCTTGGT AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC

[4291] 4141 AGGGATATTC ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC

[4292] 4201 AAATGGCAGT ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG

[4293] 4261 GGGAAAGAAT AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA

[4294] 4321 TTACAAAAAT TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG

[4295] 4381 CTGAGCATCC GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA

[4296] 4441 GAAGTTGGGG GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA

[4297] 4501 CTGGGAAAGT GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA

[4298] 4561 TATAAGTGCA GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA

[4299] 4621 GGTAAGTGCC GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT

[4300] 4681 GCCTTGAATT ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG

[4301] 4741 TTGGAAGTGG GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT

[4302] 4801 GAGTTGAGGC CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG

[4303] 4861 CCTGTCTCGC TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA

[4304] 4921 CGCTTTTTTT CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT

[4305] 4981 CGGTTTTTGG GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA

[4306] 5041 GGCGGGGCCT GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC

[4307] 5101 CTGCTCTGGT GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG

[4308] 5161 CCCGGTCGGC ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA

[4309] 5221 GCTCAAAATG GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA

[4310] 5281 AAAGGGCCTT TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT

[4311] 5341 CCAGGCACCT CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG

[4312] 5401 GGTTTTATGC GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT

[4313] 5461 GGCACTTGAT GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC

[4314] 5521 TCAAGCCTCA GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC

[4315] 5581 CCCTCTAGAG CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA

[4316] 5641 CACCCAGCAT TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC AGACTACATC CTCCCTGTCT

[4317] 5701 GCCTCTCTGG GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA GTCAGGACAT TAGTAAATAT

[4318] 5761 TTAAATTGGT ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC TCCTGATCTA CCATACATCA

[4319] 5821 AGATTACACT CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG GGTCTGGAAC AGATTATTCT

[4320] 5881 CTCACCATTA GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT

[4321] 5941 ACGCTTCCGT ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA TAACAGGCTC CACCTCTGGA

[4322] 6001 TCCGGCAAGC CCGGATCTGG CGAGGGATCC ACCAAGGGCG AGGTGAAACT GCAGGAGTCA

[4323] 6061 GGACCTGGCC TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA CATGCACTGT CTCAGGGGTC

[4324] 6121 TCATTACCCG ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC CACGAAAGGG TCTGGAGTGG

[4325] 6181 CTGGGAGTAA TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT CAGCTCTCAA ATCCAGACTG

[4326] 6241 ACCATCATCA AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA AAATGAACAG TCTGCAAACT

[4327] 6301 GATGACACAG CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT ACGGTGGTAG CTATGCTATG

[4328] 6361 GACTACTGGG GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG CGGCCGCAGG TGGAGGAGGT

[4329] 6421 TCTGGAGGTG GTGGATCAGG TGGTGGAGGA TCTTTAGAAA GTCAGCCTCA TACCAAACCA

[4330] 6481 TCCGTTTTTG TCATGAAAAA TGGAACAAAT GTCGCTTGTC TGGTGAAGGA ATTCTACCCC

[4331] 6541 AAGGATATAA GAATAAATCT CGTGTCATCC AAGAAGATAA CAGAGTTTGA TCCTGCTATT

[4332] 6601 GTCATCTCTC CCAGTGGGAA GTACAATGCT GTCAAGCTTG GTAAATATGA AGATTCAAAT

[4333] 6661 TCAGTGACAT GTTCAGTTCA ACACGACAAT AAAACTGTGC ACTCCACTGA CTTTGAAGTG

[4334] 6721 AAGACAGATT CTACAGATCA CGTAAAACCA AAGGAAACTG AAAACACAAA GCAACCTTCA

[4335] 6781 AAGAGCTGCC ATAAACCCAA AGCCATAGTT CATACCGAGA AGGTGAACAT GATGTCCCTC

[4336] 6841 ACAGTGCTTG GGCTACGAAT GCTGTTTGCA AAGACTGTTG CCGTCAATTT TCTCTTGACT

[4337] 6901 GCCAAGTTAT TTTTCTTGGG GTCAGGCGAG GGCAGAGGAA GTCTGCTAAC ATGCGGTGAC

[4338] 6961 GTCGAGGAGA ATCCTGGACC TATGCTACTA CTTGTGACCT CACTATTGTT ATGCGAACTC

[4339] 7021 CCTCATCCCG CATTCTTGCT GATTCCAGAC ATTCAGATGA CTCAAACAAC TTCCAGCCTC

[4340] 7081 TCCGCCTCAC TCGGCGACCG CGTAACAATA AGCTGTCGGG CCTCGCAAGA TATTAGTAAG

[4341] 7141 TACCTGAATT GGTATCAGCA AAAACCCGAT GGTACAGTCA AGCTTCTGAT CTACCATACC

[4342] 7201 AGTCGTCTGC ACAGCGGTGT CCCCAGCAGG TTCAGCGGCT CAGGATCTGG TACCGATTAT

[4343] 7261 TCACTGACGA TTTCCAACCT TGAGCAGGAG GACATCGCCA CCTACTTCTG CCAGCAGGGT

[4344] 7321 AATACTCTGC CGTACACATT CGGGGGCGGT ACCAAGCTCG AGATCACGGG TTCAACAAGC

[4345] 7381 GGTTCTGGCA AGCCAGGCAG CGGCGAGGGG AGTACAAAGG GGGAGGTGAA GTTGCAGGAA

[4346] 7441 AGTGGCCCTG GATTGGTGGC CCCGAGCCAG AGTCTGTCTG TCACCTGCAC AGTTTCCGGA

[4347] 7501 GTAAGTCTGC CTGATTACGG AGTGTCCTGG ATCAGACAGC CACCTCGAAA GGGCTTGGAG

[4348] 7561 TGGCTTGGGG TCATTTGGGG CAGTGAAACC ACATACTACA ACAGCGCTCT TAAGTCCAGG

[4349] 7621 CTCACTATCA TCAAGGACAA TTCAAAGAGC CAAGTATTCT TGAAAATGAA TTCCCTGCAG

[4350] 7681 ACTGATGACA CCGCTATTTA TTATTGCGCT AAACATTATT ACTATGGAGG TTCTTATGCC

[4351] 7741 ATGGACTACT GGGGGCAGGG TACCTCTGTG ACAGTGAGTT CAGCTGCAGC TGGAGGTGGA

[4352] 7801 GGTAGCGGAG GCGGTGGTAG TGGAGGGGGT GGTTCTCTGG AAGATAAACA ACTTGATGCA

[4353] 7861 GATGTTTCCC CCAAGCCCAC TATTTTTCTT CCTTCAATTG CTGAAACAAA GCTCCAGAAG

[4354] 7921 GCTGGAACAT ACCTTTGTCT TCTTGAGAAA TTTTTCCCTG ATGTTATTAA GATACATTGG

[4355] 7981 CAAGAAAAGA AGAGCAACAC GATTCTGGGA TCCCAGGAGG GGAACACCAT GAAGACTAAC

[4356] 8041 GACACATACA TGAAATTTAG CTGGTTAACG GTGCCAGAAA AGTCACTGGA CAAAGAACAC

[4357] 8101 AGATGTATCG TCAGACATGA GAATAATAAA AACGGAGTTG ATCAAGAAAT TATCTTTCCT

[4358] 8161 CCAATAAAGA CAGATGTCAT CACAATGGAT CCCAAAGACA ATTGTTCAAA AGATGCAAAT

[4359] 8221 GATACACTAC TGCTGCAGCT CACAAACACC TCTGCATATT ACATGTACCT CCTCCTGCTC

[4360] 8281 CTCAAGAGTG TGGTCTATTT TGCCATCATC ACCTGCTGTC TGCTTAGAAG AACGGCTTTC

[4361] 8341 TGCTGCAATG GAGAGAAATC ATAATGAGAT ATCGAGCATC TTACCGCCAT TTATACCCAT

[4362] 8401 ATTTGTTCTG TTTTTCTTGA TTTGGGTATA CATTTAAATG TTAATAAAAC AAAATGGTGG

[4363] 8461 GGCAATCATT TACATTTTTA GGGATATGTA ATTACTAGTT CAGGTGTATT GCCACAAGAC

[4364] 8521 AAACATGTTA AGAAACTTTC CCGTTATTTA CGCTCTGTTC CTGTTAATCA ACCTCTGGAT

[4365] 8581 TACAAAATTT GTGAAAGATT GACTGATATT CTTAACTATG TTGCTCCTTT TACGCTGTGT

[4366] 8641 GGATATGCTG CTTTATAGCC TCTGTATCTA GCTATTGCTT CCCGTACGGC TTTCGTTTTC

[4367] 8701 TCCTCCTTGT ATAAATCCTG GTTGCTGTCT CTTTTAGAGG AGTTGTGGCC CGTTGTCCGT

[4368] 8761 CAACGTGGCG TGGTGTGCTC TGTGTTTGCT GACGCAACCC CCACTGGCTG GGGCATTGCC

[4369] 8821 ACCACCTGTC AACTCCTTTC TGGGACTTTC GCTTTCCCCC TCCCGATCGC CACGGCAGAA

[4370] 8881 CTCATCGCCG CCTGCCTTGC CCGCTGCTGG ACAGGGGCTA GGTTGCTGGG CACTGATAAT

[4371] 8941 TCCGTGGTGT TGTCAGTACT GGTACCTTTA AGACCAATGA CTTACAAGGC AGCTGTAGAT

[4372] 9001 CTTAGCCACT TTTTAAAAGA AAAGGGGGGA CTGGAAGGGC TAATTCACTC CCAAAGAAGA

[4373] 9061 CAAGATCTGC TTTTTGCCTG TACTGGGTCT CTCTGGTTAG ACCAGATCTG AGCCTGGGAG

[4374] 9121 CTCTCTGGCT AACTAGGGAA CCCACTGCTT AAGCCTCAAT AAAGCTTGCC TTGAGTGCTT

[4375] 9181 CAATGATCAT AATCAAGCCA TATCACATCT GTAGAGGTTT ACTTGCTTTA AAAAACCTCC

[4376] 9241 ACACCTCCCC CTGAACCTGA AACATAAAAT GAATGCAATT GTTGTTGTTA ACTTGTTTAT

[4377] 9301 TGCAGCTTAT AATGGTTACA AATAAAGCAA TAGCATCACA AATTTCACAA ATAAAGCATT

[4378] 9361 TTTTTCACTG CATTCTAGTT GTGGTTTGTC CAAACTCATC AATGTATCTT ATCATGTCTG

[4379] 9421 GATCTGCGTC GACACGAAGA GACGACTGAC TGACTGACTG GAAAGAGGAA GGGCTGGAAG

[4380] 9481 AGGAAGGAGC TTGATCCAGA TCCCGATCTC GATCCAGATC CGGATCGCAG CTTGGCGTAA

[4381] 9541 TCATGGTCAT AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTTATCCGC TCACAATTCC ACACAACATA

[4382] 9601 CGAGCCGGAA GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT GAGTGAGCTA ACTCACATTA

[4383] 9661 ATTGCGTTGC GCTCACTGCC CGCTTTCCAG TCGGGAAACC TGTCGTGCCA GCTGCATTAA

[4384] 9721 TGAATCGGCC AACGCGCGGG GAGAGGCGGT TTGCGTATTG GGCGCTCTTC CGCTTCCTCG

[4385] 9781 CTCACTGACT CGCTGCGCTC GGTCGTTCGG CTGCGGCGAG CGGTATCAGC TCACTCAAAG

[4386] 9841 GCGGTAATAC GGTTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT GTGAGCAAAA

[4387] 9901 GGCCAGCAAA AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCGCGTTGC TGGCGTTTTT CCATAGGCTC

[4388] 9961 CGCCCCCCTG ACGAGCATCA CAAAAATCGA CGCTCAAGTC AGAGGTGGCG AAACCCGACA

[4389] 10021 GGACTATAAA GATACCAGGC GTTTCCCCCT GGAAGCTCCC TCGTGCGCTC TCCTGTTCCG

[4390] 10081 ACCCTGCCGC TTACCGGATA CCTGTCCGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT GGCGCTTTCT

[4391] 10141 CATAGCTCAC GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCCAA GCTGGGCTGT

[4392] 10201 GTGCACGAAC CCCCCGTTCA GCCCGACCGC TGCGCCTTAT CCGGTAACTA TCGTCTTGAG

[4393] 10261 TCCAACCCGG TAAGACACGA CTTATCGCCA CTGGCAGCAG CCACTGGTAA CAGGATTAGC

[4394] 10321 AGAGCGAGGT ATGTAGGCGG TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCCTAA CTACGGCTAC

[4395] 10381 ACTAGAAGAA CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA

[4396] 10441 GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT TTTTGTTTGC

[4397] 10501 AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA TCTCAAGAAG ATCCTTTGAT CTTTTCTACG

[4398] 10561 GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAACTCA CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGATTATCA

[4399] 10621 AAAAGGATCT TCACCTAGAT CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC AATCTAAAGT

[4400] 10681 ATA

[4401] pLKaUS FMC63 TRDC P2AW FMC63op TRGC1 (서열 식별 번호:182)

[4402] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[4403] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[4404] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[4405] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[4406] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[4407] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGTCTTCCGC

[4408] 361 TTCCTCGCTC ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA

[4409] 421 CTCAAAGGCG GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG

[4410] 481 AGCAAAAGGC CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA

[4411] 541 TAGGCTCCGC CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA

[4412] 601 CCCGACAGGA CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC

[4413] 661 TGTTCCGACC CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC

[4414] 721 GCTTTCTCAT AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT

[4415] 781 GGGCTGTGTG CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG

[4416] 841 TCTTGAGTCC AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG

[4417] 901 GATTAGCAGA GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA

[4418] 961 CGGCTACACT AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG

[4419] 1021 AAAAAGAGTT GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT

[4420] 1081 TGTTTGCAAG CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT

[4421] 1141 TTCTACGGGG TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG

[4422] 1201 TTAATTAACT TGCGCCGTCC CGTCAAGTCA GCGTAATGCT CTGCCAGTGT TACAACCAAT

[4423] 1261 TAACCAATTC TGATTAGAAA AACTCATCGA GCATCAAATG AAACTGCAAT TTATTCACAT

[4424] 1321 CAGGATTATC AATACCATAT TTTTGAAAAA GCCGTTTCTG TAATGAAGGA GAAAACTCAC

[4425] 1381 CGAGGCAGTT CCATAGGATG GCAAGATCCT GGTATCGGTC TGCGATTCCG ACTCGTCCAA

[4426] 1441 CATCAATACA ACCTATTAAT TTCCCCTCGT CAAAAATAAG GTTATCAAGT GAGAAATCAC

[4427] 1501 CATGAGTGAC GACTGAATCC GGTGAGAATG GCAAAAGTTT ATGCATTTCT TTCCAGACTT

[4428] 1561 GTTCAACAGG CCAGCCATTA CGCTCGTCAT CAAAATCACT CGCATCAACC AAACCGTTAT

[4429] 1621 TCATTCGTGA TTGCGCCTGA GCAAGACGAA ATACGCGATC GCTGTTAAAA GGACAATTAC

[4430] 1681 AAACAGGAAT CGAATGCAAC CGGCGCAGGA ACACTGCCAG CGCATCAACA ATATTTTCAC

[4431] 1741 CTGAATCAGG ATATTCTTCT AATACCTGGA ATGCTGTTTT TCCGGGGATC GCAGTGGTGA

[4432] 1801 GTAACCATGC ATCATCAGGA GTACGGATAA AATGCTTGAT GGTCGGAAGA GGCATAAATT

[4433] 1861 CCGTCAGCCA GTTTAGTCTG ACCATCTCAT CTGTAACATC ATTGGCAACG CTACCTTTGC

[4434] 1921 CATGTTTCAG AAACAACTCT GGCGCATCGG GCTTCCCATA CAAGCGATAG ATTGTCGCAC

[4435] 1981 CTGATTGCCC GACATTATCG CGAGCCCATT TATACCCATA TAAATCAGCA TCCATGTTGG

[4436] 2041 AATTTAATCG CGGCCTCGAC GTTTCCCGTT GAATATGGCT CATAACACCC CTTGTATTAC

[4437] 2101 TGTTTATGTA AGCAGACAGT TTTATTGTTC ATGATGATAT ATTTTTATCT TGTGCAATGT

[4438] 2161 AACATCAGAG ATTTTGAGAC ACAACGTGGC TTTCCCCCCC CCCCCCATGA CATTAACCTA

[4439] 2221 TAAAAATAGG CGTATCACGA GGCCAGCTTG GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT

[4440] 2281 GTTGTTCCAG TTTGGAACAA GAGTCCACTA TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG

[4441] 2341 CGAAAAACCG TCTATCAGGG CGATGGCCCA CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT

[4442] 2401 TTGGGGTCGA GGTGCCGTAA AGCACTAAAT CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA

[4443] 2461 GCTTGACGGG GAAAGCCGGC GAACGTGGCG AGAAAGGAAGGGAAGAAAGCGAAAGGAGCG

[4444] 2521 GGCGCTAAGG CGCTGGCAAG TGTAGCGGTC ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG

[4445] 2581 CTTAATGCGC CGCTACAGGG CGCGTACTAT GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC

[4446] 2641 CGCACAGATG CGTAAGGAGA AAATACATCG TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG

[4447] 2701 AGGCTACAGT CAGTGGAGAG GACTTTCACT GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG

[4448] 2761 GGACATTGAT TATTGACTAG TTATTAATAG TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC

[4449] 2821 CCATATATGG AGTTCCGCGT TACATAACTT ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC

[4450] 2881 AACGACCCCC GCCCATTGAC GTCAATAATG ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG

[4451] 2941 ACTTTCCATT GACGTCAATG GGTGGAGTAT TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT

[4452] 3001 CAAGTGTATC ATATGCCAAG TACGCCCCCT ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC

[4453] 3061 TGGCATTATG CCCAGTACAT GACCTTATGG GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA

[4454] 3121 TTAGTCATCG CTATTACCAT GGTGATGCGG TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG

[4455] 3181 CGGTTTGACT CACGGGGATT TCCAAGTCTC CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT

[4456] 3241 TGGCACCAAA ATCAACGGGA CTTTCCAAAA TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA

[4457] 3301 ATGGGCGGTA GGCGTGTACG GTGGGAGGTC TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG

[4458] 3361 GTCTCTCTGG TTAGACCAGA TCTGAGCCTG GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT

[4459] 3421 GCTTAAGCCT CAATAAAGCT TGCCTTGAGT GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG

[4460] 3481 TGACTCTGGT AACTAGAGAT CCCTCAGACC CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG

[4461] 3541 TGGCGCCCGA ACAGGGACTT GAAAGCGAAA GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG

[4462] 3601 ACTCGGCTTG CTGAAGCGCG CACGGCAAGA GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA

[4463] 3661 AAAATTTTGA CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG

[4464] 3721 CGGGGGAGAA TTAGATAAAT GGGAAAAAAT TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA

[4465] 3781 TAAACTAAAA CATATAGTTA GGGCAAGCAG GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG

[4466] 3841 CCTTTTAGAG ACATCAGAAG GCTGTAGACA AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA

[4467] 3901 GACAGGATCA GAAGAACTTA GATCATTATA TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA

[4468] 3961 TCAAAGGATA GATGTAAAAG ACACCAAGGA AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA

[4469] 4021 CAAAAGTAAG AAAAAGGCAC AGCAAGCGAT CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA

[4470] 4081 TGAGGGACAA TTGGAGAAGT GAATTATATA AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG

[4471] 4141 GAGTAGCACC CACCAAGGCA AAGAGAAGAG TGGTGCAGAG AGAAAAAAGAGCAGTGGGAA

[4472] 4201 TAGGAGCTTT GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA

[4473] 4261 TGACGCTGAC GGTACAGGCC AGACAATTAT TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT

[4474] 4321 TGCTGAGGGC TATTGAGGCG CAACAGCATC TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC

[4475] 4381 AGCTCCAGGC AAGAATCCTG GCTGTGGAAA GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA

[4476] 4441 TTTGGGGTTG CTCTGGAAAA CTCATTTGCA CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA

[4477] 4501 GTAATAAATC TCTGGAACAG ATTTGGAATA ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA

[4478] 4561 TTAACAATTA CACAAGCTTA ATACACTCCT TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA

[4479] 4621 AGAATGAACA AGAATTATTG GAATTAGATA AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA

[4480] 4681 TAACAAATTG GCTGTGGTAT ATAAAATTAT TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT

[4481] 4741 TAAGAATAGT TTTTGCTGTA CTTTCTATAG TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT

[4482] 4801 TATCGTTTCA GACCCACCTC CCAATCCCGA GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA

[4483] 4861 TCCACAATTT TAAAAGAAAA GGGGGGATTG GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG

[4484] 4921 ACATAATAGC AACAGACATA CAAACTAAAG AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA

[4485] 4981 ATTTTCGGGT TTATTACAGG GACAGCAGAA ATCCACTTTG GAAAGCTGAG CATCCGGCTC

[4486] 5041 CGGTGCCCGT CAGTGGGCAG AGCGCACATC GCCCACAGTC CCCGAGAAGT TGGGGGGAGG

[4487] 5101 GGTCGGCAAT TGAACCGGTG CCTAGAGAAG GTGGCGCGGG GTAAACTGGG AAAGTGATGT

[4488] 5161 CGTGTACTGG CTCCGCCTTT TTCCCGAGGG TGGGGGAGAA CCGTATATAA GTGCAGTAGT

[4489] 5221 CGCCGTGAAC GTTCTTTTTC GCAACGGGTT TGCCGCCAGA ACACAGGTAA GTGCCGTGTG

[4490] 5281 TGGTTCCCGC GGGCCTGGCC TCTTTACGGG TTATGGCCCT TGCGTGCCTT GAATTACTTC

[4491] 5341 CACGCCCCTG GCTGCAGTAC GTGATTCTTG ATCCCGAGCT TCGGGTTGGA AGTGGGTGGG

[4492] 5401 AGAGTTCGAG GCCTTGCGCT TAAGGAGCCC CTTCGCCTCG TGCTTGAGTT GAGGCCTGGC

[4493] 5461 CTGGGCGCTG GGGCCGCCGC GTGCGAATCT GGTGGCACCT TCGCGCCTGT CTCGCTGCTT

[4494] 5521 TCGATAAGTC TCTAGCCATT TAAAATTTTT GATGACCTGC TGCGACGCTT TTTTTCTGGC

[4495] 5581 AAGATAGTCT TGTAAATGCG GGCCAAGATC TGCACACTGG TATTTCGGTT TTTGGGGCCG

[4496] 5641 CGGGCGGCGA CGGGGCCCGT GCGTCCCAGC GCACATGTTC GGCGAGGCGG GGCCTGCGAG

[4497] 5701 CGCGGCCACC GAGAATCGGA CGGGGGTAGT CTCAAGCTGG CCGGCCTGCT CTGGTGCCTG

[4498] 5761 GCCTCGCGCC GCCGTGTATC GCCCCGCCCT GGGCGGCAAG GCTGGCCCGG TCGGCACCAG

[4499] 5821 TTGCGTGAGC GGAAAGATGG CCGCTTCCCG GCCCTGCTGC AGGGAGCTCA AAATGGAGGA

[4500] 5881 CGCGGCGCTC GGGAGAGCGG GCGGGTGAGT CACCCACACA AAGGAAAAGG GCCTTTCCGT

[4501] 5941 CCTCAGCCGT CGCTTCATGT GACTCCACGG AGTACCGGGC GCCGTCCAGG CACCTCGATT

[4502] 6001 AGTTCTCGAG CTTTTGGAGT ACGTCGTCTT TAGGTTGGGG GGAGGGGTTT TATGCGATGG

[4503] 6061 AGTTTCCCCA CACTGAGTGG GTGGAGACTG AAGTTAGGCC AGCTTGGCAC TTGATGTAAT

[4504] 6121 TCTCCTTGGA ATTTGCCCTT TTTGAGTTTG GATCTTGGTT CATTCTCAAG CCTCAGACAG

[4505] 6181 TGGTTCAAAG TTTTTTTCTT CCATTTCAGG TGTCGTGAAA ACTACCCCTC AGAGCCGCCA

[4506] 6241 CCATGCTTCT CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT ACCACACCCA GCATTCCTCC

[4507] 6301 TGATCCCAGA CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT GTCTGCCTCT CTGGGAGACA

[4508] 6361 GAGTCACCAT CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA ATATTTAAAT TGGTATCAGC

[4509] 6421 AGAAACCAGA TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC ATCAAGATTA CACTCAGGAG

[4510] 6481 TCCCATCAAG GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA TTCTCTCACC ATTAGCAACC

[4511] 6541 TGGAGCAAGA AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG TAATACGCTT CCGTACACGT

[4512] 6601 TCGGAGGGGG GACTAAGTTG GAAATAACAG GCTCCACCTC TGGATCCGGC AAGCCCGGAT

[4513] 6661 CTGGCGAGGG ATCCACCAAG GGCGAGGTGA AACTGCAGGA GTCAGGACCT GGCCTGGTGG

[4514] 6721 CGCCCTCACA GAGCCTGTCC GTCACATGCA CTGTCTCAGG GGTCTCATTA CCCGACTATG

[4515] 6781 GTGTAAGCTG GATTCGCCAG CCTCCACGAA AGGGTCTGGA GTGGCTGGGA GTAATATGGG

[4516] 6841 GTAGTGAAAC CACATACTAT AATTCAGCTC TCAAATCCAG ACTGACCATC ATCAAGGACA

[4517] 6901 ACTCCAAGAG CCAAGTTTTC TTAAAAATGA ACAGTCTGCA AACTGATGAC ACAGCCATTT

[4518] 6961 ACTACTGTGC CAAACATTAT TACTACGGTG GTAGCTATGC TATGGACTAC TGGGGTCAAG

[4519] 7021 GAACCTCAGT CACCGTCTCC TCAGCGGCCG CAGGTGGAGG AGGTTCTGGA GGTGGTGGAT

[4520] 7081 CAGGTGGTGG AGGATCTTTA GAAAGTCAGC CTCATACCAA ACCATCCGTT TTTGTCATGA

[4521] 7141 AAAATGGAAC AAATGTCGCT TGTCTGGTGA AGGAATTCTA CCCCAAGGAT ATAAGAATAA

[4522] 7201 ATCTCGTGTC ATCCAAGAAG ATAACAGAGT TTGATCCTGC TATTGTCATC TCTCCCAGTG

[4523] 7261 GGAAGTACAA TGCTGTCAAG CTTGGTAAAT ATGAAGATTC AAATTCAGTG ACATGTTCAG

[4524] 7321 TTCAACACGA CAATAAAACT GTGCACTCCA CTGACTTTGA AGTGAAGACA GATTCTACAG

[4525] 7381 ATCACGTAAA ACCAAAGGAA ACTGAAAACA CAAAGCAACC TTCAAAGAGC TGCCATAAAC

[4526] 7441 CCAAAGCCAT AGTTCATACC GAGAAGGTGA ACATGATGTC CCTCACAGTG CTTGGGCTAC

[4527] 7501 GAATGCTGTT TGCAAAGACT GTTGCCGTCA ATTTTCTCTT GACTGCCAAG TTATTTTTCT

[4528] 7561 TGGGGTCAGG CGCTACTAAC TTCAGCCTGC TGAAGCAGGC TGGAGACGTG GAGGAGAACC

[4529] 7621 CTGGACCTAT GCTACTACTT GTGACCTCAC TATTGTTATG CGAACTCCCT CATCCCGCAT

[4530] 7681 TCTTGCTGAT TCCAGACATT CAGATGACTC AAACAACTTC CAGCCTCTCC GCCTCACTCG

[4531] 7741 GCGACCGCGT AACAATAAGC TGTCGGGCCT CGCAAGATAT TAGTAAGTAC CTGAATTGGT

[4532] 7801 ATCAGCAAAA ACCCGATGGT ACAGTCAAGC TTCTGATCTA CCATACCAGT CGTCTGCACA

[4533] 7861 GCGGTGTCCC CAGCAGGTTC AGCGGCTCAG GATCTGGTAC CGATTATTCA CTGACGATTT

[4534] 7921 CCAACCTTGA GCAaGAGGAC ATCGCCACCT ACTTCTGCCA GCAGGGTAAT ACTCTGCCGT

[4535] 7981 ACACATTCGG GGGCGGTACC AAGCTCGAGA TCACGGGTTC AACAAGCGGT TCTGGCAAGC

[4536] 8041 CAGGCAGCGG CGAGGGGAGT ACAAAGGGGG AGGTGAAGTT GCAGGAAAGT GGCCCTGGAT

[4537] 8101 TGGTGGCCCC GAGCCAGAGT CTGTCTGTCA CCTGCACAGT TTCCGGAGTA AGTCTGCCTG

[4538] 8161 ATTACGGAGT GTCCTGGATC AGACAGCCAC CTCGAAAGGG CTTGGAGTGG CTTGGGGTCA

[4539] 8221 TTTGGGGCAG TGAAACCACA TACTACAACA GCGCTCTTAA GTCCAGGCTC ACTATCATCA

[4540] 8281 AGGACAATTC AAAGAGCCAA GTATTCTTGA AAATGAATTC CCTGCAGACT GATGACACCG

[4541] 8341 CTATTTATTA TTGCGCTAAA CATTATTACT ATGGAGGTTC TTATGCCATG GACTACTGGG

[4542] 8401 GGCAGGGTAC CTCTGTGACA GTGAGTTCAG CTGCAGCTGG AGGTGGAGGT AGCGGAGGCG

[4543] 8461 GTGGTAGTGG AGGGGGTGGT TCTCTGGAAG ATAAACAACT TGATGCAGAT GTTTCCCCCA

[4544] 8521 AGCCCACTAT TTTTCTTCCT TCAATTGCTG AAACAAAGCT CCAGAAGGCT GGAACATACC

[4545] 8581 TTTGTCTTCT TGAGAAATTT TTCCCTGATG TTATTAAGAT ACATTGGCAA GAAAAGAAGA

[4546] 8641 GCAACACGAT TCTGGGATCC CAGGAGGGGA ACACCATGAA GACTAACGAC ACATACATGA

[4547] 8701 AATTTAGCTG GTTAACGGTG CCAGAAAAGT CACTGGACAA AGAACACAGA TGTATCGTCA

[4548] 8761 GACATGAGAA TAATAAAAAC GGAGTTGATC AAGAAATTAT CTTTCCTCCA ATAAAGACAG

[4549] 8821 ATGTCATCAC AATGGATCCC AAAGACAATT GTTCAAAAGA TGCAAATGAT ACACTACTGC

[4550] 8881 TGCAGCTCAC AAACACCTCT GCATATTACA TGTACCTCCT CCTGCTCCTC AAGAGTGTGG

[4551] 8941 TCTATTTTGC CATCATCACC TGCTGTCTGC TTAGAAGAAC GGCTTTCTGC TGCAATGGAG

[4552] 9001 AGAAATCATA ATGAGATATC GAGCATCTTA CCGCCATTTA TACCCATATT TGTTCTGTTT

[4553] 9061 TTCTTGATTT GGGTATACAT TTAAATGTTA ATAAAACAAA ATGGTGGGGC AATCATTTAC

[4554] 9121 ATTTTTAGGG ATATGTAATT ACTAGTTCAG GTGTATTGCC ACAAGACAAA CATGTTAAGA

[4555] 9181 AACTTTCCCG TTATTTACGC TCTGTTCCTG TTAATCAACC TCTGGATTAC AAAATTTGTG

[4556] 9241 AAAGATTGAC TGATATTCTT AACTATGTTG CTCCTTTTAC GCTGTGTGGA TATGCTGCTT

[4557] 9301 TATAGCCTCT GTATCTAGCT ATTGCTTCCC GTACGGCTTT CGTTTTCTCC TCCTTGTATA

[4558] 9361 AATCCTGGTT GCTGTCTCTT TTAGAGGAGT TGTGGCCCGT TGTCCGTCAA CGTGGCGTGG

[4559] 9421 TGTGCTCTGT GTTTGCTGAC GCAACCCCCA CTGGCTGGGG CATTGCCACC ACCTGTCAAC

[4560] 9481 TCCTTTCTGG GACTTTCGCT TTCCCCCTCC CGATCGCCAC GGCAGAACTC ATCGCCGCCT

[4561] 9541 GCCTTGCCCG CTGCTGGACA GGGGCTAGGT TGCTGGGCAC TGATAATTCC GTGGTGTTGT

[4562] 9601 CAGTACTGGT ACCTTTAAGA CCAATGACTT ACAAGGCAGC TGTAGATCTT AGCCACTTTT

[4563] 9661 TAAAAGAAAA GGGGGGACTG GAAGGGCTAA TTCACTCCCA AAGAAGACAA GATCTGCTTT

[4564] 9721 TTGCCTGTAC TGGGTCTCTC TGGTTAGACC AGATCTGAGC CTGGGAGCTC TCTGGCTAAC

[4565] 9781 TAGGGAACCC ACTGCTTAAG CCTCAATAAA GCTTGCCTTG AGTGCTTCAA GTAGTGTGTG

[4566] 9841 CCCGTCTGTT GTGTGACTCT GGTAACTAGA GATCCCTCAG ACCCTTTTAG TCAGTGTGGA

[4567] 9901 AAATCTCTAG CA

[4568] pLRPC TRDC T2AW FMC63op TRGC1 (서열 식별 번호:183)

[4569] 1 AAAGCTGAGC ATCCGGCTCC GGTGCCCGTC AGTGGGCAGA GCGCACATCG CCCACAGTCC

[4570] 61 CCGAGAAGTT GGGGGGAGGG GTCGGCAATT GAACCGGTGC CTAGAGAAGG TGGCGCGGGG

[4571] 121 TAAACTGGGA AAGTGATGTC GTGTACTGGC TCCGCCTTTT TCCCGAGGGT GGGGGAGAAC

[4572] 181 CGTATATAAG TGCAGTAGTC GCCGTGAACG TTCTTTTTCG CAACGGGTTT GCCGCCAGAA

[4573] 241 CACAGGTAAG TGCCGTGTGT GGTTCCCGCG GGCCTGGCCT CTTTACGGGT TATGGCCCTT

[4574] 301 GCGTGCCTTG AATTACTTCC ACGCCCCTGG CTGCAGTACG TGATTCTTGA TCCCGAGCTT

[4575] 361 CGGGTTGGAA GTGGGTGGGA GAGTTCGAGG CCTTGCGCTT AAGGAGCCCC TTCGCCTCGT

[4576] 421 GCTTGAGTTG AGGCCTGGCC TGGGCGCTGG GGCCGCCGCG TGCGAATCTG GTGGCACCTT

[4577] 481 CGCGCCTGTC TCGCTGCTTT CGATAAGTCT CTAGCCATTT AAAATTTTTG ATGACCTGCT

[4578] 541 GCGACGCTTT TTTTCTGGCA AGATAGTCTT GTAAATGCGG GCCAAGATCT GCACACTGGT

[4579] 601 ATTTCGGTTT TTGGGGCCGC GGGCGGCGAC GGGGCCCGTG CGTCCCAGCG CACATGTTCG

[4580] 661 GCGAGGCGGG GCCTGCGAGC GCGGCCACCG AGAATCGGAC GGGGGTAGTC TCAAGCTGGC

[4581] 721 CGGCCTGCTC TGGTGCCTGG CCTCGCGCCG CCGTGTATCG CCCCGCCCTG GGCGGCAAGG

[4582] 781 CTGGCCCGGT CGGCACCAGT TGCGTGAGCG GAAAGATGGC CGCTTCCCGG CCCTGCTGCA

[4583] 841 GGGAGCTCAA AATGGAGGAC GCGGCGCTCG GGAGAGCGGG CGGGTGAGTC ACCCACACAA

[4584] 901 AGGAAAAGGG CCTTTCCGTC CTCAGCCGTC GCTTCATGTG ACTCCACGGA GTACCGGGCG

[4585] 961 CCGTCCAGGC ACCTCGATTA GTTCTCGAGC TTTTGGAGTA CGTCGTCTTT AGGTTGGGGG

[4586] 1021 GAGGGGTTTT ATGCGATGGA GTTTCCCCAC ACTGAGTGGG TGGAGACTGA AGTTAGGCCA

[4587] 1081 GCTTGGCACT TGATGTAATT CTCCTTGGAA TTTGCCCTTT TTGAGTTTGG ATCTTGGTTC

[4588] 1141 ATTCTCAAGC CTCAGACAGT GGTTCAAAGT TTTTTTCTTC CATTTCAGGT GTCGTGAAAA

[4589] 1201 CTACCCCTCT AGAGCCGCCA CCATGCTTCT CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT

[4590] 1261 ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAAG TCAGCCTCAT ACCAAACCAT CCGTTTTTGT

[4591] 1321 CATGAAAAAT GGAACAAATG TCGCTTGTCT GGTGAAGGAA TTCTACCCCA AGGATATAAG

[4592] 1381 AATAAATCTC GTGTCATCCA AGAAGATAAC AGAGTTTGAT CCTGCTATTG TCATCTCTCC

[4593] 1441 CAGTGGGAAG TACAATGCTG TCAAGCTTGG TAAATATGAA GATTCAAATT CAGTGACATG

[4594] 1501 TTCAGTTCAA CACGACAATA AAACTGTGCA CTCCACTGAC TTTGAAGTGA AGACAGATTC

[4595] 1561 TACAGATCAC GTAAAACCAA AGGAAACTGA AAACACAAAG CAACCTTCAA AGAGCTGCCA

[4596] 1621 TAAACCCAAA GCCATAGTTC ATACCGAGAA GGTGAACATG ATGTCCCTCA CAGTGCTTGG

[4597] 1681 GCTACGAATG CTGTTTGCAA AGACTGTTGC CGTCAATTTT CTCTTGACTG CCAAGTTATT

[4598] 1741 TTTCTTGGGG TCAGGCGAGG GCAGAGGAAG TCTGCTAACA TGCGGTGACG TCGAGGAGAA

[4599] 1801 TCCTGGACCT ATGCTACTAC TTGTGACCTC ACTATTGTTA TGCGAACTCC CTCATCCCGC

[4600] 1861 ATTCTTGCTG ATTCCAGACA TTCAGATGAC TCAAACAACT TCCAGCCTCT CCGCCTCACT

[4601] 1921 CGGCGACCGC GTAACAATAA GCTGTCGGGC CTCGCAAGAT ATTAGTAAGT ACCTGAATTG

[4602] 1981 GTATCAGCAA AAACCCGATG GTACAGTCAA GCTTCTGATC TACCATACCA GTCGTCTGCA

[4603] 2041 CAGCGGTGTC CCCAGCAGGT TCAGCGGCTC AGGATCTGGT ACCGATTATT CACTGACGAT

[4604] 2101 TTCCAACCTT GAGCAGGAGG ACATCGCCAC CTACTTCTGC CAGCAGGGTA ATACTCTGCC

[4605] 2161 GTACACATTC GGGGGCGGTA CCAAGCTCGA GATCACGGGT TCAACAAGCG GTTCTGGCAA

[4606] 2221 GCCAGGCAGC GGCGAGGGGA GTACAAAGGG GGAGGTGAAG TTGCAGGAAA GTGGCCCTGG

[4607] 2281 ATTGGTGGCC CCGAGCCAGA GTCTGTCTGT CACCTGCACA GTTTCCGGAG TAAGTCTGCC

[4608] 2341 TGATTACGGA GTGTCCTGGA TCAGACAGCC ACCTCGAAAG GGCTTGGAGT GGCTTGGGGT

[4609] 2401 CATTTGGGGC AGTGAAACCA CATACTACAA CAGCGCTCTT AAGTCCAGGC TCACTATCAT

[4610] 2461 CAAGGACAAT TCAAAGAGCC AAGTATTCTT GAAAATGAAT TCCCTGCAGA CTGATGACAC

[4611] 2521 CGCTATTTAT TATTGCGCTA AACATTATTA CTATGGAGGT TCTTATGCCA TGGACTACTG

[4612] 2581 GGGGCAGGGT ACCTCTGTGA CAGTGAGTTC AGCTGCAGCT GGAGGTGGAG GTAGCGGAGG

[4613] 2641 CGGTGGTAGT GGAGGGGGTG GTTCTCTGGA AGATAAACAA CTTGATGCAG ATGTTTCCCC

[4614] 2701 CAAGCCCACT ATTTTTCTTC CTTCAATTGC TGAAACAAAG CTCCAGAAGG CTGGAACATA

[4615] 2761 CCTTTGTCTT CTTGAGAAAT TTTTCCCTGA TGTTATTAAG ATACATTGGC AAGAAAAGAA

[4616] 2821 GAGCAACACG ATTCTGGGAT CCCAGGAGGG GAACACCATG AAGACTAACG ACACATACAT

[4617] 2881 GAAATTTAGC TGGTTAACGG TGCCAGAAAA GTCACTGGAC AAAGAACACA GATGTATCGT

[4618] 2941 CAGACATGAG AATAATAAAA ACGGAGTTGA TCAAGAAATT ATCTTTCCTC CAATAAAGAC

[4619] 3001 AGATGTCATC ACAATGGATC CCAAAGACAA TTGTTCAAAA GATGCAAATG ATACACTACT

[4620] 3061 GCTGCAGCTC ACAAACACCT CTGCATATTA CATGTACCTC CTCCTGCTCC TCAAGAGTGT

[4621] 3121 GGTCTATTTT GCCATCATCA CCTGCTGTCT GCTTAGAAGA ACGGCTTTCT GCTGCAATGG

[4622] 3181 AGAGAAATCA TAATGAGATA TCGAGCATCT TACCGCCATT TATACCCATA TTTGTTCTGT

[4623] 3241 TTTTCTTGAT TTGGGTATAC ATTTAAATGT TAATAAAACA AAATGGTGGG GCAATCATTT

[4624] 3301 ACATTTTTAG GGATATGTAA TTACTAGTTC AGGTGTATTG CCACAAGACA AACATGTTAA

[4625] 3361 GAAACTTTCC CGTTATTTAC GCTCTGTTCC TGTTAATCAA CCTCTGGATT ACAAAATTTG

[4626] 3421 TGAAAGATTG ACTGATATTC TTAACTATGT TGCTCCTTTT ACGCTGTGTG GATATGCTGC

[4627] 3481 TTTATAGCCT CTGTATCTAG CTATTGCTTC CCGTACGGCT TTCGTTTTCT CCTCCTTGTA

[4628] 3541 TAAATCCTGG TTGCTGTCTC TTTTAGAGGA GTTGTGGCCC GTTGTCCGTC AACGTGGCGT

[4629] 3601 GGTGTGCTCT GTGTTTGCTG ACGCAACCCC CACTGGCTGG GGCATTGCCA CCACCTGTCA

[4630] 3661 ACTCCTTTCT GGGACTTTCG CTTTCCCCCT CCCGATCGCC ACGGCAGAAC TCATCGCCGC

[4631] 3721 CTGCCTTGCC CGCTGCTGGA CAGGGGCTAG GTTGCTGGGC ACTGATAATT CCGTGGTGTT

[4632] 3781 GTCAGTACTG GTACCTTTAA GACCAATGAC TTACAAGGCA GCTGTAGATC TTAGCCACTT

[4633] 3841 TTTAAAAGAA AAGGGGGGAC TGGAAGGGCT AATTCACTCC CAAAGAAGAC AAGATCTGCT

[4634] 3901 TTTTGCCTGT ACTGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA

[4635] 3961 ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTTC AATGATCATA

[4636] 4021 ATCAAGCCAT ATCACATCTG TAGAGGTTTA CTTGCTTTAA AAAACCTCCA CACCTCCCCC

[4637] 4081 TGAACCTGAA ACATAAAATG AATGCAATTG TTGTTGTTAA CTTGTTTATT GCAGCTTATA

[4638] 4141 ATGGTTACAA ATAAAGCAAT AGCATCACAA ATTTCACAAA TAAAGCATTT TTTTCACTGC

[4639] 4201 ATTCTAGTTG TGGTTTGTCC AAACTCATCA ATGTATCTTA TCATGTCTGG ATCTGCGTCG

[4640] 4261 ACACGAAGAG ACGACTGACT GACTGACTGG AAAGAGGAAG GGCTGGAAGA GGAAGGAGCT

[4641] 4321 TGATCCAGAT CCCGATCTCG ATCCAGATCC GGATCGCAGC TTGGCGTAAT CATGGTCATA

[4642] 4381 GCTGTTTCCT GTGTGAAATT GTTATCCGCT CACAATTCCA CACAACATAC GAGCCGGAAG

[4643] 4441 CATAAAGTGT AAAGCCTGGG GTGCCTAATG AGTGAGCTAA CTCACATTAA TTGCGTTGCG

[4644] 4501 CTCACTGCCC GCTTTCCAGT CGGGAAACCT GTCGTGCCAG CTGCATTAAT GAATCGGCCA

[4645] 4561 ACGCGCGGGG AGAGGCGGTT TGCGTATTGG GCGCTCTTCC GCTTCCTCGC TCACTGACTC

[4646] 4621 GCTGCGCTCG GTCGTTCGGC TGCGGCGAGC GGTATCAGCT CACTCAAAGG CGGTAATACG

[4647] 4681 GTTATCCACA GAATCAGGGG ATAACGCAGG AAAGAACATG TGAGCAAAAG GCCAGCAAAA

[4648] 4741 GGCCAGGAAC CGTAAAAAGG CCGCGTTGCT GGCGTTTTTC CATAGGCTCC GCCCCCCTGA

[4649] 4801 CGAGCATCAC AAAAATCGAC GCTCAAGTCA GAGGTGGCGA AACCCGACAG GACTATAAAG

[4650] 4861 ATACCAGGCG TTTCCCCCTG GAAGCTCCCT CGTGCGCTCT CCTGTTCCGA CCCTGCCGCT

[4651] 4921 TACCGGATAC CTGTCCGCCT TTCTCCCTTC GGGAAGCGTG GCGCTTTCTC ATAGCTCACG

[4652] 4981 CTGTAGGTAT CTCAGTTCGG TGTAGGTCGT TCGCTCCAAG CTGGGCTGTG TGCACGAACC

[4653] 5041 CCCCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG GATTAGCAGA

[4654] 5101 GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA CGGCTACACT

[4655] 5161 AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG AAAAAGAGTT

[4656] 5221 GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG

[4657] 5281 CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT TTCTACGGGG

[4658] 5341 TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG ATTATCAAAA

[4659] 5401 AGGATCTTCA CCTAGATCCT TTTAAATTAA AAATGAAGTT TTAAATCAAT CTAAAGTATA

[4660] 5461 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[4661] 5521 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTTGCTAG GTTACTGTCA

[4662] 5581 TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA AAAGAGTTTG TAGAAACGCA

[4663] 5641 AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT CGGTGGCAGT TTATGGCGGG

[4664] 5701 CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT TCAAATCCGC TCCCGGCGGA

[4665] 5761 TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA TAAAACGAAA GGCCCAGTCT

[4666] 5821 TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC CCTACTCTCG CATGGGTTGC

[4667] 5881 GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT TATCATCGAA TTTCTGCCAT

[4668] 5941 TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG CGTTTAAGGG CACCAATAAC

[4669] 6001 TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA GTACTGTTGT AATTCATTAA

[4670] 6061 GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG AACCTGAATC GCCAGCGGCA

[4671] 6121 TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT GAAAACGGGG GCGAAGAAGT

[4672] 6181 TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT CACCCAGGGA TTGGCTGAGA

[4673] 6241 CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC CAGGTTTTCA CCGTAACACG

[4674] 6301 CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC GTCGTGGTAT TCACTCCAGA

[4675] 6361 GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA ACAAGGGTGA ACACTATCCC

[4676] 6421 ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC CGGATGAGCA TTCATCAGGC

[4677] 6481 GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA

[4678] 6541 AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT ACATTGAGCA ACTGACTGAA

[4679] 6601 ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC AACGGTGGTA TATCCAGTGA

[4680] 6661 TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT CGATAACTCA AAAAATACGC

[4681] 6721 CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC TCTTACGTGC CGATCAACGT

[4682] 6781 CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG CGTATCACGA GGCCAGCTTG

[4683] 6841 GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG TTTGGAACAA GAGTCCACTA

[4684] 6901 TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG TCTATCAGGG CGATGGCCCA

[4685] 6961 CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA GGTGCCGTAA AGCACTAAAT

[4686] 7021 CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG GAAAGCCGGC GAACGTGGCG

[4687] 7081 AGAAAGGAAG GGAAGAAAGC GAAAGGAGCG GGCGCTAAGG CGCTGGCAAGTGTAGCGGTC

[4688] 7141 ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC CGCTACAGGG CGCGTACTAT

[4689] 7201 GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG CGTAAGGAGA AAATACCGCA

[4690] 7261 TCAGGCGCCA TTCGCCATTC AGGCTGCGCA ACTGTTGGGA AGGGCGATCG GTGCGGGCCT

[4691] 7321 CTTCGCTATT ACGCCAGCTG GCGAAAGGGG GATGTGCTGC AAGGCGATTA AGTTGGGTAA

[4692] 7381 CGCCAGGGTT TTCCCAGTCA CGACGTTGTA AAACGACGGC CAGTGAATTG ATCGAGATCG

[4693] 7441 TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT CAGTGGAGAG GACTTTCACT

[4694] 7501 GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT TATTGACTAG TTATTAATAG

[4695] 7561 TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG AGTTCCGCGT TACATAACTT

[4696] 7621 ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC GCCCATTGAC GTCAATAATG

[4697] 7681 ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT GACGTCAATG GGTGGAGTAT

[4698] 7741 TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC ATATGCCAAG TACGCCCCCT

[4699] 7801 ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG CCCAGTACAT GACCTTATGG

[4700] 7861 GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG CTATTACCAT GGTGATGCGG

[4701] 7921 TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT CACGGGGATT TCCAAGTCTC

[4702] 7981 CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA ATCAACGGGA CTTTCCAAAA

[4703] 8041 TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA GGCGTGTACG GTGGGAGGTC

[4704] 8101 TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG TTAGACCAGA TCTGAGCCTG

[4705] 8161 GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT CAATAAAGCT TGCCTTGAGT

[4706] 8221 GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT AACTAGAGAT CCCTCAGACC

[4707] 8281 CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA ACAGGGACTT GAAAGCGAAA

[4708] 8341 GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG CTGAAGCGCG CACGGCAAGA

[4709] 8401 GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG

[4710] 8461 AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA TTAGATAAAT GGGAAAAAAT

[4711] 8521 TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA CATATAGTTA GGGCAAGCAG

[4712] 8581 GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG ACATCAGAAG GCTGTAGACA

[4713] 8641 AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA GAAGAACTTA GATCATTATA

[4714] 8701 TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA GATGTAAAAG ACACCAAGGA

[4715] 8761 AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG AAAAAGGCACAGCAAGCGAT

[4716] 8821 CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA TTGGAGAAGT GAATTATATA

[4717] 8881 AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC CACCAAGGCA AAGAGAAGAG

[4718] 8941 TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG

[4719] 9001 CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC GGTACAGGCC AGACAATTAT

[4720] 9061 TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC TATTGAGGCG CAACAGCATC

[4721] 9121 TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC AAGAATCCTG GCTGTGGAAA

[4722] 9181 GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG CTCTGGAAAA CTCATTTGCA

[4723] 9241 CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC TCTGGAACAG ATTTGGAATA

[4724] 9301 ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA CACAAGCTTA ATACACTCCT

[4725] 9361 TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA AGAATTATTG GAATTAGATA

[4726] 9421 AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG GCTGTGGTAT ATAAAATTAT

[4727] 9481 TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT TTTTGCTGTA CTTTCTATAG

[4728] 9541 TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA GACCCACCTC CCAATCCCGA

[4729] 9601 GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT TAAAAGAAAA GGGGGGATTG

[4730] 9661 GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC AACAGACATA CAAACTAAAG

[4731] 9721 AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT TTATTACAGG GACAGCAGAA

[4732] 9781 ATCCACTTTG G

[4733] pLRPC FMC63 TRDC T2AW TRGC1 (서열 식별 번호:184)

[4734] 1 AAAGCTGAGC ATCCGGCTCC GGTGCCCGTC AGTGGGCAGA GCGCACATCG CCCACAGTCC

[4735] 61 CCGAGAAGTT GGGGGGAGGG GTCGGCAATT GAACCGGTGC CTAGAGAAGG TGGCGCGGGG

[4736] 121 TAAACTGGGA AAGTGATGTC GTGTACTGGC TCCGCCTTTT TCCCGAGGGT GGGGGAGAAC

[4737] 181 CGTATATAAG TGCAGTAGTC GCCGTGAACG TTCTTTTTCG CAACGGGTTT GCCGCCAGAA

[4738] 241 CACAGGTAAG TGCCGTGTGT GGTTCCCGCG GGCCTGGCCT CTTTACGGGT TATGGCCCTT

[4739] 301 GCGTGCCTTG AATTACTTCC ACGCCCCTGG CTGCAGTACG TGATTCTTGA TCCCGAGCTT

[4740] 361 CGGGTTGGAA GTGGGTGGGA GAGTTCGAGG CCTTGCGCTT AAGGAGCCCC TTCGCCTCGT

[4741] 421 GCTTGAGTTG AGGCCTGGCC TGGGCGCTGG GGCCGCCGCG TGCGAATCTG GTGGCACCTT

[4742] 481 CGCGCCTGTC TCGCTGCTTT CGATAAGTCT CTAGCCATTT AAAATTTTTG ATGACCTGCT

[4743] 541 GCGACGCTTT TTTTCTGGCA AGATAGTCTT GTAAATGCGG GCCAAGATCT GCACACTGGT

[4744] 601 ATTTCGGTTT TTGGGGCCGC GGGCGGCGAC GGGGCCCGTG CGTCCCAGCG CACATGTTCG

[4745] 661 GCGAGGCGGG GCCTGCGAGC GCGGCCACCG AGAATCGGAC GGGGGTAGTC TCAAGCTGGC

[4746] 721 CGGCCTGCTC TGGTGCCTGG CCTCGCGCCG CCGTGTATCG CCCCGCCCTG GGCGGCAAGG

[4747] 781 CTGGCCCGGT CGGCACCAGT TGCGTGAGCG GAAAGATGGC CGCTTCCCGG CCCTGCTGCA

[4748] 841 GGGAGCTCAA AATGGAGGAC GCGGCGCTCG GGAGAGCGGG CGGGTGAGTC ACCCACACAA

[4749] 901 AGGAAAAGGG CCTTTCCGTC CTCAGCCGTC GCTTCATGTG ACTCCACGGA GTACCGGGCG

[4750] 961 CCGTCCAGGC ACCTCGATTA GTTCTCGAGC TTTTGGAGTA CGTCGTCTTT AGGTTGGGGG

[4751] 1021 GAGGGGTTTT ATGCGATGGA GTTTCCCCAC ACTGAGTGGG TGGAGACTGA AGTTAGGCCA

[4752] 1081 GCTTGGCACT TGATGTAATT CTCCTTGGAA TTTGCCCTTT TTGAGTTTGG ATCTTGGTTC

[4753] 1141 ATTCTCAAGC CTCAGACAGT GGTTCAAAGT TTTTTTCTTC CATTTCAGGT GTCGTGAAAA

[4754] 1201 CTACCCCTCT AGAGCCGCCA CCATGCTTCT CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT

[4755] 1261 ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAGA CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT

[4756] 1321 GTCTGCCTCT CTGGGAGACA GAGTCACCAT CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA

[4757] 1381 ATATTTAAAT TGGTATCAGC AGAAACCAGA TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC

[4758] 1441 ATCAAGATTA CACTCAGGAG TCCCATCAAG GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA

[4759] 1501 TTCTCTCACC ATTAGCAACC TGGAGCAAGA AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG

[4760] 1561 TAATACGCTT CCGTACACGT TCGGAGGGGG GACTAAGTTG GAAATAACAG GCTCCACCTC

[4761] 1621 TGGATCCGGC AAGCCCGGAT CTGGCGAGGG ATCCACCAAG GGCGAGGTGA AACTGCAGGA

[4762] 1681 GTCAGGACCT GGCCTGGTGG CGCCCTCACA GAGCCTGTCC GTCACATGCA CTGTCTCAGG

[4763] 1741 GGTCTCATTA CCCGACTATG GTGTAAGCTG GATTCGCCAG CCTCCACGAA AGGGTCTGGA

[4764] 1801 GTGGCTGGGA GTAATATGGG GTAGTGAAAC CACATACTAT AATTCAGCTC TCAAATCCAG

[4765] 1861 ACTGACCATC ATCAAGGACA ACTCCAAGAG CCAAGTTTTC TTAAAAATGA ACAGTCTGCA

[4766] 1921 AACTGATGAC ACAGCCATTT ACTACTGTGC CAAACATTAT TACTACGGTG GTAGCTATGC

[4767] 1981 TATGGACTAC TGGGGTCAAG GAACCTCAGT CACCGTCTCC TCAGCGGCCG CAGGTGGAGG

[4768] 2041 AGGTTCTGGA GGTGGTGGAT CAGGTGGTGG AGGATCTTTA GAAAGTCAGC CTCATACCAA

[4769] 2101 ACCATCCGTT TTTGTCATGA AAAATGGAAC AAATGTCGCT TGTCTGGTGA AGGAATTCTA

[4770] 2161 CCCCAAGGAT ATAAGAATAA ATCTCGTGTC ATCCAAGAAG ATAACAGAGT TTGATCCTGC

[4771] 2221 TATTGTCATC TCTCCCAGTG GGAAGTACAA TGCTGTCAAG CTTGGTAAAT ATGAAGATTC

[4772] 2281 AAATTCAGTG ACATGTTCAG TTCAACACGA CAATAAAACT GTGCACTCCA CTGACTTTGA

[4773] 2341 AGTGAAGACA GATTCTACAG ATCACGTAAA ACCAAAGGAA ACTGAAAACA CAAAGCAACC

[4774] 2401 TTCAAAGAGC TGCCATAAAC CCAAAGCCAT AGTTCATACC GAGAAGGTGA ACATGATGTC

[4775] 2461 CCTCACAGTG CTTGGGCTAC GAATGCTGTT TGCAAAGACT GTTGCCGTCA ATTTTCTCTT

[4776] 2521 GACTGCCAAG TTATTTTTCT TGGGGTCAGG CGAGGGCAGA GGAAGTCTGC TAACATGCGG

[4777] 2581 TGACGTCGAG GAGAATCCTG GACCTATGCT ACTACTTGTG ACCTCACTAT TGTTATGCGA

[4778] 2641 ACTCCCTCAT CCCGCATTCT TGCTGATTCC AGATAAACAA CTTGATGCAG ATGTTTCCCC

[4779] 2701 CAAGCCCACT ATTTTTCTTC CTTCAATTGC TGAAACAAAG CTCCAGAAGG CTGGAACATA

[4780] 2761 CCTTTGTCTT CTTGAGAAAT TTTTCCCTGA TGTTATTAAG ATACATTGGC AAGAAAAGAA

[4781] 2821 GAGCAACACG ATTCTGGGAT CCCAGGAGGG GAACACCATG AAGACTAACG ACACATACAT

[4782] 2881 GAAATTTAGC TGGTTAACGG TGCCAGAAAA GTCACTGGAC AAAGAACACA GATGTATCGT

[4783] 2941 CAGACATGAG AATAATAAAA ACGGAGTTGA TCAAGAAATT ATCTTTCCTC CAATAAAGAC

[4784] 3001 AGATGTCATC ACAATGGATC CCAAAGACAA TTGTTCAAAA GATGCAAATG ATACACTACT

[4785] 3061 GCTGCAGCTC ACAAACACCT CTGCATATTA CATGTACCTC CTCCTGCTCC TCAAGAGTGT

[4786] 3121 GGTCTATTTT GCCATCATCA CCTGCTGTCT GCTTAGAAGA ACGGCTTTCT GCTGCAATGG

[4787] 3181 AGAGAAATCA TAATGAGATA TCGAGCATCT TACCGCCATT TATACCCATA TTTGTTCTGT

[4788] 3241 TTTTCTTGAT TTGGGTATAC ATTTAAATGT TAATAAAACA AAATGGTGGG GCAATCATTT

[4789] 3301 ACATTTTTAG GGATATGTAA TTACTAGTTC AGGTGTATTG CCACAAGACA AACATGTTAA

[4790] 3361 GAAACTTTCC CGTTATTTAC GCTCTGTTCC TGTTAATCAA CCTCTGGATT ACAAAATTTG

[4791] 3421 TGAAAGATTG ACTGATATTC TTAACTATGT TGCTCCTTTT ACGCTGTGTG GATATGCTGC

[4792] 3481 TTTATAGCCT CTGTATCTAG CTATTGCTTC CCGTACGGCT TTCGTTTTCT CCTCCTTGTA

[4793] 3541 TAAATCCTGG TTGCTGTCTC TTTTAGAGGA GTTGTGGCCC GTTGTCCGTC AACGTGGCGT

[4794] 3601 GGTGTGCTCT GTGTTTGCTG ACGCAACCCC CACTGGCTGG GGCATTGCCA CCACCTGTCA

[4795] 3661 ACTCCTTTCT GGGACTTTCG CTTTCCCCCT CCCGATCGCC ACGGCAGAAC TCATCGCCGC

[4796] 3721 CTGCCTTGCC CGCTGCTGGA CAGGGGCTAG GTTGCTGGGC ACTGATAATT CCGTGGTGTT

[4797] 3781 GTCAGTACTG GTACCTTTAA GACCAATGAC TTACAAGGCA GCTGTAGATC TTAGCCACTT

[4798] 3841 TTTAAAAGAA AAGGGGGGAC TGGAAGGGCT AATTCACTCC CAAAGAAGAC AAGATCTGCT

[4799] 3901 TTTTGCCTGT ACTGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA

[4800] 3961 ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTTC AATGATCATA

[4801] 4021 ATCAAGCCAT ATCACATCTG TAGAGGTTTA CTTGCTTTAA AAAACCTCCA CACCTCCCCC

[4802] 4081 TGAACCTGAA ACATAAAATG AATGCAATTG TTGTTGTTAA CTTGTTTATT GCAGCTTATA

[4803] 4141 ATGGTTACAA ATAAAGCAAT AGCATCACAA ATTTCACAAA TAAAGCATTT TTTTCACTGC

[4804] 4201 ATTCTAGTTG TGGTTTGTCC AAACTCATCA ATGTATCTTA TCATGTCTGG ATCTGCGTCG

[4805] 4261 ACACGAAGAG ACGACTGACT GACTGACTGG AAAGAGGAAG GGCTGGAAGA GGAAGGAGCT

[4806] 4321 TGATCCAGAT CCCGATCTCG ATCCAGATCC GGATCGCAGC TTGGCGTAAT CATGGTCATA

[4807] 4381 GCTGTTTCCT GTGTGAAATT GTTATCCGCT CACAATTCCA CACAACATAC GAGCCGGAAG

[4808] 4441 CATAAAGTGT AAAGCCTGGG GTGCCTAATG AGTGAGCTAA CTCACATTAA TTGCGTTGCG

[4809] 4501 CTCACTGCCC GCTTTCCAGT CGGGAAACCT GTCGTGCCAG CTGCATTAAT GAATCGGCCA

[4810] 4561 ACGCGCGGGG AGAGGCGGTT TGCGTATTGG GCGCTCTTCC GCTTCCTCGC TCACTGACTC

[4811] 4621 GCTGCGCTCG GTCGTTCGGC TGCGGCGAGC GGTATCAGCT CACTCAAAGG CGGTAATACG

[4812] 4681 GTTATCCACA GAATCAGGGG ATAACGCAGG AAAGAACATG TGAGCAAAAG GCCAGCAAAA

[4813] 4741 GGCCAGGAAC CGTAAAAAGG CCGCGTTGCT GGCGTTTTTC CATAGGCTCC GCCCCCCTGA

[4814] 4801 CGAGCATCAC AAAAATCGAC GCTCAAGTCA GAGGTGGCGA AACCCGACAG GACTATAAAG

[4815] 4861 ATACCAGGCG TTTCCCCCTG GAAGCTCCCT CGTGCGCTCT CCTGTTCCGA CCCTGCCGCT

[4816] 4921 TACCGGATAC CTGTCCGCCT TTCTCCCTTC GGGAAGCGTG GCGCTTTCTC ATAGCTCACG

[4817] 4981 CTGTAGGTAT CTCAGTTCGG TGTAGGTCGT TCGCTCCAAG CTGGGCTGTG TGCACGAACC

[4818] 5041 CCCCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG GATTAGCAGA

[4819] 5101 GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA CGGCTACACT

[4820] 5161 AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG AAAAAGAGTT

[4821] 5221 GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG

[4822] 5281 CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT TTCTACGGGG

[4823] 5341 TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG ATTATCAAAA

[4824] 5401 AGGATCTTCA CCTAGATCCT TTTAAATTAA AAATGAAGTT TTAAATCAAT CTAAAGTATA

[4825] 5461 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[4826] 5521 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTTGCTAG GTTACTGTCA

[4827] 5581 TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA AAAGAGTTTG TAGAAACGCA

[4828] 5641 AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT CGGTGGCAGT TTATGGCGGG

[4829] 5701 CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT TCAAATCCGC TCCCGGCGGA

[4830] 5761 TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA TAAAACGAAA GGCCCAGTCT

[4831] 5821 TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC CCTACTCTCG CATGGGTTGC

[4832] 5881 GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT TATCATCGAA TTTCTGCCAT

[4833] 5941 TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG CGTTTAAGGG CACCAATAAC

[4834] 6001 TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA GTACTGTTGT AATTCATTAA

[4835] 6061 GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG AACCTGAATC GCCAGCGGCA

[4836] 6121 TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT GAAAACGGGG GCGAAGAAGT

[4837] 6181 TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT CACCCAGGGA TTGGCTGAGA

[4838] 6241 CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC CAGGTTTTCA CCGTAACACG

[4839] 6301 CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC GTCGTGGTAT TCACTCCAGA

[4840] 6361 GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA ACAAGGGTGA ACACTATCCC

[4841] 6421 ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC CGGATGAGCA TTCATCAGGC

[4842] 6481 GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA

[4843] 6541 AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT ACATTGAGCA ACTGACTGAA

[4844] 6601 ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC AACGGTGGTA TATCCAGTGA

[4845] 6661 TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT CGATAACTCA AAAAATACGC

[4846] 6721 CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC TCTTACGTGC CGATCAACGT

[4847] 6781 CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG CGTATCACGA GGCCAGCTTG

[4848] 6841 GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG TTTGGAACAA GAGTCCACTA

[4849] 6901 TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG TCTATCAGGG CGATGGCCCA

[4850] 6961 CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA GGTGCCGTAA AGCACTAAAT

[4851] 7021 CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG GAAAGCCGGC GAACGTGGCG

[4852] 7081 AGAAAGGAAG GGAAGAAAGC GAAAGGAGCG GGCGCTAAGG CGCTGGCAAGTGTAGCGGTC

[4853] 7141 ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC CGCTACAGGG CGCGTACTAT

[4854] 7201 GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG CGTAAGGAGA AAATACCGCA

[4855] 7261 TCAGGCGCCA TTCGCCATTC AGGCTGCGCA ACTGTTGGGA AGGGCGATCG GTGCGGGCCT

[4856] 7321 CTTCGCTATT ACGCCAGCTG GCGAAAGGGG GATGTGCTGC AAGGCGATTA AGTTGGGTAA

[4857] 7381 CGCCAGGGTT TTCCCAGTCA CGACGTTGTA AAACGACGGC CAGTGAATTG ATCGAGATCG

[4858] 7441 TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT CAGTGGAGAG GACTTTCACT

[4859] 7501 GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT TATTGACTAG TTATTAATAG

[4860] 7561 TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG AGTTCCGCGT TACATAACTT

[4861] 7621 ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC GCCCATTGAC GTCAATAATG

[4862] 7681 ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT GACGTCAATG GGTGGAGTAT

[4863] 7741 TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC ATATGCCAAG TACGCCCCCT

[4864] 7801 ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG CCCAGTACAT GACCTTATGG

[4865] 7861 GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG CTATTACCAT GGTGATGCGG

[4866] 7921 TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT CACGGGGATT TCCAAGTCTC

[4867] 7981 CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA ATCAACGGGA CTTTCCAAAA

[4868] 8041 TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA GGCGTGTACG GTGGGAGGTC

[4869] 8101 TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG TTAGACCAGA TCTGAGCCTG

[4870] 8161 GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT CAATAAAGCT TGCCTTGAGT

[4871] 8221 GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT AACTAGAGAT CCCTCAGACC

[4872] 8281 CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA ACAGGGACTT GAAAGCGAAA

[4873] 8341 GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG CTGAAGCGCG CACGGCAAGA

[4874] 8401 GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG

[4875] 8461 AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA TTAGATAAAT GGGAAAAAAT

[4876] 8521 TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA CATATAGTTA GGGCAAGCAG

[4877] 8581 GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG ACATCAGAAG GCTGTAGACA

[4878] 8641 AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA GAAGAACTTA GATCATTATA

[4879] 8701 TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA GATGTAAAAG ACACCAAGGA

[4880] 8761 AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG AAAAAGGCACAGCAAGCGAT

[4881] 8821 CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA TTGGAGAAGT GAATTATATA

[4882] 8881 AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC CACCAAGGCA AAGAGAAGAG

[4883] 8941 TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG

[4884] 9001 CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC GGTACAGGCC AGACAATTAT

[4885] 9061 TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC TATTGAGGCG CAACAGCATC

[4886] 9121 TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC AAGAATCCTG GCTGTGGAAA

[4887] 9181 GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG CTCTGGAAAA CTCATTTGCA

[4888] 9241 CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC TCTGGAACAG ATTTGGAATA

[4889] 9301 ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA CACAAGCTTA ATACACTCCT

[4890] 9361 TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA AGAATTATTG GAATTAGATA

[4891] 9421 AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG GCTGTGGTAT ATAAAATTAT

[4892] 9481 TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT TTTTGCTGTA CTTTCTATAG

[4893] 9541 TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA GACCCACCTC CCAATCCCGA

[4894] 9601 GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT TAAAAGAAAA GGGGGGATTG

[4895] 9661 GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC AACAGACATA CAAACTAAAG

[4896] 9721 AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT TTATTACAGG GACAGCAGAA

[4897] 9781 ATCCACTTTG G

[4898] pLRPCU TRDC T2AW FMC63op TRGC1 (서열 식별 번호:185)

[4899] 1 GACATTGATT ATTGACTAGT TATTAATAGT AATCAATTAC GGGGTCATTA GTTCATAGCC

[4900] 61 CATATATGGA GTTCCGCGTT ACATAACTTA CGGTAAATGG CCCGCCTGGC TGACCGCCCA

[4901] 121 ACGACCCCCG CCCATTGACG TCAATAATGA CGTATGTTCC CATAGTAACG CCAATAGGGA

[4902] 181 CTTTCCATTG ACGTCAATGG GTGGAGTATT TACGGTAAAC TGCCCACTTG GCAGTACATC

[4903] 241 AAGTGTATCA TATGCCAAGT ACGCCCCCTA TTGACGTCAA TGACGGTAAA TGGCCCGCCT

[4904] 301 GGCATTATGC CCAGTACATG ACCTTATGGG ACTTTCCTAC TTGGCAGTAC ATCTACGTAT

[4905] 361 TAGTCATCGC TATTACCATG GTGATGCGGT TTTGGCAGTA CATCAATGGG CGTGGATAGC

[4906] 421 GGTTTGACTC ACGGGGATTT CCAAGTCTCC ACCCCATTGA CGTCAATGGG AGTTTGTTTT

[4907] 481 GGCACCAAAA TCAACGGGAC TTTCCAAAAT GTCGTAACAA CTCCGCCCCA TTGACGCAAA

[4908] 541 TGGGCGGTAG GCGTGTACGG TGGGAGGTCT ATATAAGCAG AGCTCGTTTA GTGAACCGGG

[4909] 601 TCTCTCTGGT TAGACCAGAT CTGAGCCTGG GAGCTCTCTG GCTAACTAGG GAACCCACTG

[4910] 661 CTTAAGCCTC AATAAAGCTT GCCTTGAGTG CTCAAAGTAG TGTGTGCCCG TCTGTTGTGT

[4911] 721 GACTCTGGTA ACTAGAGATC CCTCAGACCC TTTTAGTCAG TGTGGAAAAT CTCTAGCAGT

[4912] 781 GGCGCCCGAA CAGGGACTTG AAAGCGAAAG TAAAGCCAGA GGAGATCTCT CGACGCAGGA

[4913] 841 CTCGGCTTGC TGAAGCGCGC ACGGCAAGAG GCGAGGGGCG GCGACTGGTG AGTACGCCAA

[4914] 901 AAATTTTGAC TAGCGGAGGC TAGAAGGAGA GAGTAGGGTG CGAGAGCGTC GGTATTAAGC

[4915] 961 GGGGGAGAAT TAGATAAATG GGAAAAAATT CGGTTAAGGC CAGGGGGAAA GAAACAATAT

[4916] 1021 AAACTAAAAC ATATAGTTAG GGCAAGCAGG GAGCTAGAAC GATTCGCAGT TAATCCTGGC

[4917] 1081 CTTTTAGAGA CATCAGAAGG CTGTAGACAA ATACTGGGAC AGCTACAACC ATCCCTTCAG

[4918] 1141 ACAGGATCAG AAGAACTTAG ATCATTATAT AATACAATAG CAGTCCTCTA TTGTGTGCAT

[4919] 1201 CAAAGGATAG ATGTAAAAGA CACCAAGGAA GCCTTAGATA AGATAGAGGA AGAGCAAAAC

[4920] 1261 AAAAGTAAGA AAAAGGCACA GCAAGCGATC TTCAGACCTG GAGGAGGCAG GAGGCGATAT

[4921] 1321 GAGGGACAAT TGGAGAAGTG AATTATATAA ATATAAAGTA GTAAAAATTG AACCATTAGG

[4922] 1381 AGTAGCACCC ACCAAGGCAA AGAGAAGAGT GGTGCAGAGA GAAAAAAGAGCAGTGGGAAT

[4923] 1441 AGGAGCTTTG TTCCTTGGGT TCTTGGGAGC AGCAGGAAGC ACTATGGGCG CAGCGTCAAT

[4924] 1501 GACGCTGACG GTACAGGCCA GACAATTATT GTCTGATATA GTGCAGCAGC AGAACAATTT

[4925] 1561 GCTGAGGGCT ATTGAGGCGC AACAGCATCT GTTGCAACTC ACAGTCTGGG GCATCAAACA

[4926] 1621 GCTCCAGGCA AGAATCCTGG CTGTGGAAAG ATACCTAAAG GATCAACAGC TCCTGGGGAT

[4927] 1681 TTGGGGTTGC TCTGGAAAAC TCATTTGCAC CACTGCTGTG CCTTGGAATG CTAGTTGGAG

[4928] 1741 TAATAAATCT CTGGAACAGA TTTGGAATAA CATGACCTGG ATGGAGTGGG ACAGAGAAAT

[4929] 1801 TAACAATTAC ACAAGCTTAA TACACTCCTT AATTGAAGAA TCGCAAAACC AGCAAGAAAA

[4930] 1861 GAATGAACAA GAATTATTGG AATTAGATAA ATGGGCAAGT TTGTGGAATT GGTTTAACAT

[4931] 1921 AACAAATTGG CTGTGGTATA TAAAATTATT CATAATGATA GTAGGAGGCT TGGTAGGTTT

[4932] 1981 AAGAATAGTT TTTGCTGTAC TTTCTATAGT GAATAGAGTT AGGCAGGGAT ATTCACCATT

[4933] 2041 ATCGTTTCAG ACCCACCTCC CAATCCCGAG GGGACCACGC GTACAAATGG CAGTATTCAT

[4934] 2101 CCACAATTTT AAAAGAAAAG GGGGGATTGG GGGGTACAGT GCAGGGGAAA GAATAGTAGA

[4935] 2161 CATAATAGCA ACAGACATAC AAACTAAAGA ATTACAAAAA CAAATTACAA AAATTCAAAA

[4936] 2221 TTTTCGGGTT TATTACAGGG ACAGCAGAAA TCCACTTTGG AAAGCTGAGC ATCCGGCTCC

[4937] 2281 GGTGCCCGTC AGTGGGCAGA GCGCACATCG CCCACAGTCC CCGAGAAGTT GGGGGGAGGG

[4938] 2341 GTCGGCAATT GAACCGGTGC CTAGAGAAGG TGGCGCGGGG TAAACTGGGA AAGTGATGTC

[4939] 2401 GTGTACTGGC TCCGCCTTTT TCCCGAGGGT GGGGGAGAAC CGTATATAAG TGCAGTAGTC

[4940] 2461 GCCGTGAACG TTCTTTTTCG CAACGGGTTT GCCGCCAGAA CACAGGTAAG TGCCGTGTGT

[4941] 2521 GGTTCCCGCG GGCCTGGCCT CTTTACGGGT TATGGCCCTT GCGTGCCTTG AATTACTTCC

[4942] 2581 ACGCCCCTGG CTGCAGTACG TGATTCTTGA TCCCGAGCTT CGGGTTGGAA GTGGGTGGGA

[4943] 2641 GAGTTCGAGG CCTTGCGCTT AAGGAGCCCC TTCGCCTCGT GCTTGAGTTG AGGCCTGGCC

[4944] 2701 TGGGCGCTGG GGCCGCCGCG TGCGAATCTG GTGGCACCTT CGCGCCTGTC TCGCTGCTTT

[4945] 2761 CGATAAGTCT CTAGCCATTT AAAATTTTTG ATGACCTGCT GCGACGCTTT TTTTCTGGCA

[4946] 2821 AGATAGTCTT GTAAATGCGG GCCAAGATCT GCACACTGGT ATTTCGGTTT TTGGGGCCGC

[4947] 2881 GGGCGGCGAC GGGGCCCGTG CGTCCCAGCG CACATGTTCG GCGAGGCGGG GCCTGCGAGC

[4948] 2941 GCGGCCACCG AGAATCGGAC GGGGGTAGTC TCAAGCTGGC CGGCCTGCTC TGGTGCCTGG

[4949] 3001 CCTCGCGCCG CCGTGTATCG CCCCGCCCTG GGCGGCAAGG CTGGCCCGGT CGGCACCAGT

[4950] 3061 TGCGTGAGCG GAAAGATGGC CGCTTCCCGG CCCTGCTGCA GGGAGCTCAA AATGGAGGAC

[4951] 3121 GCGGCGCTCG GGAGAGCGGG CGGGTGAGTC ACCCACACAA AGGAAAAGGG CCTTTCCGTC

[4952] 3181 CTCAGCCGTC GCTTCATGTG ACTCCACGGA GTACCGGGCG CCGTCCAGGC ACCTCGATTA

[4953] 3241 GTTCTCGAGC TTTTGGAGTA CGTCGTCTTT AGGTTGGGGG GAGGGGTTTT ATGCGATGGA

[4954] 3301 GTTTCCCCAC ACTGAGTGGG TGGAGACTGA AGTTAGGCCA GCTTGGCACT TGATGTAATT

[4955] 3361 CTCCTTGGAA TTTGCCCTTT TTGAGTTTGG ATCTTGGTTC ATTCTCAAGC CTCAGACAGT

[4956] 3421 GGTTCAAAGT TTTTTTCTTC CATTTCAGGT GTCGTGAAAA CTACCCCTCA GAGCCGCCAC

[4957] 3481 CATGCTTCTC CTGGTGACAA GCCTTCTGCT CTGTGAGTTA CCACACCCAG CATTCCTCCT

[4958] 3541 GATCCCAAGT CAGCCTCATA CCAAACCATC CGTTTTTGTC ATGAAAAATG GAACAAATGT

[4959] 3601 CGCTTGTCTG GTGAAGGAAT TCTACCCCAA GGATATAAGA ATAAATCTCG TGTCATCCAA

[4960] 3661 GAAGATAACA GAGTTTGATC CTGCTATTGT CATCTCTCCC AGTGGGAAGT ACAATGCTGT

[4961] 3721 CAAGCTTGGT AAATATGAAG ATTCAAATTC AGTGACATGT TCAGTTCAAC ACGACAATAA

[4962] 3781 AACTGTGCAC TCCACTGACT TTGAAGTGAA GACAGATTCT ACAGATCACG TAAAACCAAA

[4963] 3841 GGAAACTGAA AACACAAAGC AACCTTCAAA GAGCTGCCAT AAACCCAAAG CCATAGTTCA

[4964] 3901 TACCGAGAAG GTGAACATGA TGTCCCTCAC AGTGCTTGGG CTACGAATGC TGTTTGCAAA

[4965] 3961 GACTGTTGCC GTCAATTTTC TCTTGACTGC CAAGTTATTT TTCTTGGGGT CAGGCGAGGG

[4966] 4021 CAGAGGAAGT CTGCTAACAT GCGGTGACGT CGAGGAGAAT CCTGGACCTA TGCTACTACT

[4967] 4081 TGTGACCTCA CTATTGTTAT GCGAACTCCC TCATCCCGCA TTCTTGCTGA TTCCAGACAT

[4968] 4141 TCAGATGACT CAAACAACTT CCAGCCTCTC CGCCTCACTC GGCGACCGCG TAACAATAAG

[4969] 4201 CTGTCGGGCC TCGCAAGATA TTAGTAAGTA CCTGAATTGG TATCAGCAAA AACCCGATGG

[4970] 4261 TACAGTCAAG CTTCTGATCT ACCATACCAG TCGTCTGCAC AGCGGTGTCC CCAGCAGGTT

[4971] 4321 CAGCGGCTCA GGATCTGGTA CCGATTATTC ACTGACGATT TCCAACCTTG AGCAGGAGGA

[4972] 4381 CATCGCCACC TACTTCTGCC AGCAGGGTAA TACTCTGCCG TACACATTCG GGGGCGGTAC

[4973] 4441 CAAGCTCGAG ATCACGGGTT CAACAAGCGG TTCTGGCAAG CCAGGCAGCG GCGAGGGGAG

[4974] 4501 TACAAAGGGG GAGGTGAAGT TGCAGGAAAG TGGCCCTGGA TTGGTGGCCC CGAGCCAGAG

[4975] 4561 TCTGTCTGTC ACCTGCACAG TTTCCGGAGT AAGTCTGCCT GATTACGGAG TGTCCTGGAT

[4976] 4621 CAGACAGCCA CCTCGAAAGG GCTTGGAGTG GCTTGGGGTC ATTTGGGGCA GTGAAACCAC

[4977] 4681 ATACTACAAC AGCGCTCTTA AGTCCAGGCT CACTATCATC AAGGACAATT CAAAGAGCCA

[4978] 4741 AGTATTCTTG AAAATGAATT CCCTGCAGAC TGATGACACC GCTATTTATT ATTGCGCTAA

[4979] 4801 ACATTATTAC TATGGAGGTT CTTATGCCAT GGACTACTGG GGGCAGGGTA CCTCTGTGAC

[4980] 4861 AGTGAGTTCA GCTGCAGCTG GAGGTGGAGG TAGCGGAGGC GGTGGTAGTG GAGGGGGTGG

[4981] 4921 TTCTCTGGAA GATAAACAAC TTGATGCAGA TGTTTCCCCC AAGCCCACTA TTTTTCTTCC

[4982] 4981 TTCAATTGCT GAAACAAAGC TCCAGAAGGC TGGAACATAC CTTTGTCTTC TTGAGAAATT

[4983] 5041 TTTCCCTGAT GTTATTAAGA TACATTGGCA AGAAAAGAAG AGCAACACGA TTCTGGGATC

[4984] 5101 CCAGGAGGGG AACACCATGA AGACTAACGA CACATACATG AAATTTAGCT GGTTAACGGT

[4985] 5161 GCCAGAAAAG TCACTGGACA AAGAACACAG ATGTATCGTC AGACATGAGA ATAATAAAAA

[4986] 5221 CGGAGTTGAT CAAGAAATTA TCTTTCCTCC AATAAAGACA GATGTCATCA CAATGGATCC

[4987] 5281 CAAAGACAAT TGTTCAAAAG ATGCAAATGA TACACTACTG CTGCAGCTCA CAAACACCTC

[4988] 5341 TGCATATTAC ATGTACCTCC TCCTGCTCCT CAAGAGTGTG GTCTATTTTG CCATCATCAC

[4989] 5401 CTGCTGTCTG CTTAGAAGAA CGGCTTTCTG CTGCAATGGA GAGAAATCAT AATGAGATAT

[4990] 5461 CGAGCATCTT ACCGCCATTT ATACCCATAT TTGTTCTGTT TTTCTTGATT TGGGTATACA

[4991] 5521 TTTAAATGTT AATAAAACAA AATGGTGGGG CAATCATTTA CATTTTTAGG GATATGTAAT

[4992] 5581 TACTAGTTCA GGTGTATTGC CACAAGACAA ACATGTTAAG AAACTTTCCC GTTATTTACG

[4993] 5641 CTCTGTTCCT GTTAATCAAC CTCTGGATTA CAAAATTTGT GAAAGATTGA CTGATATTCT

[4994] 5701 TAACTATGTT GCTCCTTTTA CGCTGTGTGG ATATGCTGCT TTATAGCCTC TGTATCTAGC

[4995] 5761 TATTGCTTCC CGTACGGCTT TCGTTTTCTC CTCCTTGTAT AAATCCTGGT TGCTGTCTCT

[4996] 5821 TTTAGAGGAG TTGTGGCCCG TTGTCCGTCA ACGTGGCGTG GTGTGCTCTG TGTTTGCTGA

[4997] 5881 CGCAACCCCC ACTGGCTGGG GCATTGCCAC CACCTGTCAA CTCCTTTCTG GGACTTTCGC

[4998] 5941 TTTCCCCCTC CCGATCGCCA CGGCAGAACT CATCGCCGCC TGCCTTGCCC GCTGCTGGAC

[4999] 6001 AGGGGCTAGG TTGCTGGGCA CTGATAATTC CGTGGTGTTG TCAGTACTGG TACCTTTAAG

[5000] 6061 ACCAATGACT TACAAGGCAG CTGTAGATCT TAGCCACTTT TTAAAAGAAA AGGGGGGACT

[5001] 6121 GGAAGGGCTA ATTCACTCCC AAAGAAGACA AGATCTGCTT TTTGCCTGTA CTGGGTCTCT

[5002] 6181 CTGGTTAGAC CAGATCTGAG CCTGGGAGCT CTCTGGCTAA CTAGGGAACC CACTGCTTAA

[5003] 6241 GCCTCAATAA AGCTTGCCTT GAGTGCTTCA AGTAGTGTGT GCCCGTCTGT TGTGTGACTC

[5004] 6301 TGGTAACTAG AGATCCCTCA GACCCTTTTA GTCAGTGTGG AAAATCTCTA GCATGATCAT

[5005] 6361 AATCAAGCCA TATCACATCT GTAGAGGTTT ACTTGCTTTA AAAAACCTCC ACACCTCCCC

[5006] 6421 CTGAACCTGA AACATAAAAT GAATGCAATT GTTGTTGTTA ACTTGTTTAT TGCAGCTTAT

[5007] 6481 AATGGTTACA AATAAAGCAA TAGCATCACA AATTTCACAA ATAAAGCATT TTTTTCACTG

[5008] 6541 CATTCTAGTT GTGGTTTGTC CAAACTCATC AATGTATCTT ATCATGTCTG GATCTGCGTC

[5009] 6601 GACACGAAGA GACGACTGAC TGACTGACTG GAAAGAGGAA GGGCTGGAAGAGGAAGGAGC

[5010] 6661 TTGATCCAGA TCCCGATCTC GATCCAGATC CGGATCGCAG CTTGGCGTAA TCATGGTCAT

[5011] 6721 AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTTATCCGC TCACAATTCC ACACAACATA CGAGCCGGAA

[5012] 6781 GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT GAGTGAGCTA ACTCACATTA ATTGCGTTGC

[5013] 6841 GCTCACTGCC CGCTTTCCAG TCGGGAAACC TGTCGTGCCA GCTGCATTAA TGAATCGGCC

[5014] 6901 AACGCGCGGG GAGAGGCGGT TTGCGTATTG GGCGCTCTTC CGCTTCCTCG CTCACTGACT

[5015] 6961 CGCTGCGCTC GGTCGTTCGG CTGCGGCGAG CGGTATCAGC TCACTCAAAG GCGGTAATAC

[5016] 7021 GGTTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT GTGAGCAAAA GGCCAGCAAA

[5017] 7081 AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCGCGTTGC TGGCGTTTTT CCATAGGCTC CGCCCCCCTG

[5018] 7141 ACGAGCATCA CAAAAATCGA CGCTCAAGTC AGAGGTGGCG AAACCCGACA GGACTATAAA

[5019] 7201 GATACCAGGC GTTTCCCCCT GGAAGCTCCC TCGTGCGCTC TCCTGTTCCG ACCCTGCCGC

[5020] 7261 TTACCGGATA CCTGTCCGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT GGCGCTTTCT CATAGCTCAC

[5021] 7321 GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCCAA GCTGGGCTGT GTGCACGAAC

[5022] 7381 CCCCCGTTCA GCCCGACCGC TGCGCCTTAT CCGGTAACTA TCGTCTTGAG TCCAACCCGG

[5023] 7441 TAAGACACGA CTTATCGCCA CTGGCAGCAG CCACTGGTAA CAGGATTAGC AGAGCGAGGT

[5024] 7501 ATGTAGGCGG TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCCTAA CTACGGCTAC ACTAGAAGAA

[5025] 7561 CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA GTTGGTAGCT

[5026] 7621 CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT TTTTGTTTGC AAGCAGCAGA

[5027] 7681 TTACGCGCAG AAAAAAAGGA TCTCAAGAAG ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG

[5028] 7741 CTCAGTGGAA CGAAAACTCA CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGATTATCA AAAAGGATCT

[5029] 7801 TCACCTAGAT CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC AATCTAAAGT ATATATGAGT

[5030] 7861 AAACTTGGTC TGACAGTTAC CAATGCTTAA TCAGTGAGGC ACCTATCTCA GCGATCTGTC

[5031] 7921 TATTTCGTTC ATCCATAGTT GCCTGACTCC CCGTCGTTGC TAGGTTACTG TCATGAGCGG

[5032] 7981 ATACATATTT GAATGTATTT AGAAAAATAA ACAAAAGAGT TTGTAGAAAC GCAAAAAGGC

[5033] 8041 CATCCGTCAG GATGGCCTTC TGCTTAATTT GATCGGTGGC AGTTTATGGC GGGCGTCCTG

[5034] 8101 CCCGCCACCC TCCGGGCCGT TGCTTCGCAA CGTTCAAATC CGCTCCCGGC GGATTTGTCC

[5035] 8161 TACTCAGGAG AGCGTTCACC GACAAACAAC AGATAAAACG AAAGGCCCAG TCTTTCGACT

[5036] 8221 GAGCCTTTCG TTTTATTTGA TGCCTGGCAG TTCCCTACTC TCGCATGGGT TGCGGCCGCC

[5037] 8281 CGGGCCGTCG ACCAATTCTC ATGTTTGACA GCTTATCATC GAATTTCTGC CATTCATCCG

[5038] 8341 CTTATTATCA CTTATTCAGG CGTAGCAACC AGGCGTTTAA GGGCACCAAT AACTGCCTTA

[5039] 8401 AAAAAATTAC GCCCCGCCCT GCCACTCATC GCAGTACTGT TGTAATTCAT TAAGCATTCT

[5040] 8461 GCCGACATGG AAGCCATCAC AAACGGCATG ATGAACCTGA ATCGCCAGCG GCATCAGCAC

[5041] 8521 CTTGTCGCCT TGCGTATAAT ATTTGCCCAT GGTGAAAACG GGGGCGAAGA AGTTGTCCAT

[5042] 8581 ATTGGCCACG TTTAAATCAA AACTGGTGAA ACTCACCCAG GGATTGGCTG AGACGAAAAA

[5043] 8641 CATATTCTCA ATAAACCCTT TAGGGAAATA GGCCAGGTTT TCACCGTAAC ACGCCACATC

[5044] 8701 TTGCGAATAT ATGTGTAGAA ACTGCCGGAA ATCGTCGTGG TATTCACTCC AGAGCGATGA

[5045] 8761 AAACGTTTCA GTTTGCTCAT GGAAAACGGT GTAACAAGGG TGAACACTAT CCCATATCAC

[5046] 8821 CAGCTCACCG TCTTTCATTG CCATACGAAA TTCCGGATGA GCATTCATCA GGCGGGCAAG

[5047] 8881 AATGTGAATA AAGGCCGGAT AAAACTTGTG CTTATTTTTC TTTACGGTCT TTAAAAAGGC

[5048] 8941 CGTAATATCC AGCTGAACGG TCTGGTTATA GGTACATTGA GCAACTGACT GAAATGCCTC

[5049] 9001 AAAATGTTCT TTACGATGCC ATTGGGATAT ATCAACGGTG GTATATCCAG TGATTTTTTT

[5050] 9061 CTCCATTTTA GCTTCCTTAG CTCCTGAAAA TCTCGATAAC TCAAAAAATA CGCCCGGTAG

[5051] 9121 TGATCTTATT TCATTATGGT GAAAGTTGGA ACCTCTTACG TGCCGATCAA CGTCTCATTT

[5052] 9181 TCGCCAAAAG TGACATTAAC CTATAAAAAT AGGCGTATCA CGAGGCCAGC TTGGGAAACC

[5053] 9241 ATAAGACCGA GATAGAGTTG AGTGTTGTTC CAGTTTGGAA CAAGAGTCCA CTATTAAAGA

[5054] 9301 ACGTGGACTC CAACGTCAAA GGGCGAAAAA CCGTCTATCA GGGCGATGGC CCACTACGTG

[5055] 9361 AACCATCACC CAAATCAAGT TTTTTGGGGT CGAGGTGCCG TAAAGCACTA AATCGGAACC

[5056] 9421 CTAAAGGGAG CCCCCGATTT AGAGCTTGAC GGGGAAAGCC GGCGAACGTG GCGAGAAAGG

[5057] 9481 AAGGGAAGAA AGCGAAAGGA GCGGGCGCTA AGGCGCTGGC AAGTGTAGCG GTCACGCTGC

[5058] 9541 GCGTAACCAC CACACCCGCC GCGCTTAATG CGCCGCTACA GGGCGCGTAC TATGGTTGCT

[5059] 9601 TTGACGTATG CGGTGTGAAA TACCGCACAG ATGCGTAAGG AGAAAATACC GCATCAGGCG

[5060] 9661 CCATTCGCCA TTCAGGCTGC GCAACTGTTG GGAAGGGCGA TCGGTGCGGG CCTCTTCGCT

[5061] 9721 ATTACGCCAG CTGGCGAAAG GGGGATGTGC TGCAAGGCGA TTAAGTTGGG TAACGCCAGG

[5062] 9781 GTTTTCCCAG TCACGACGTT GTAAAACGAC GGCCAGTGAA TTGATCGAGA TCGTGATCCG

[5063] 9841 GATCAAGATC CAGATCGAAT TGGAGGCTAC AGTCAGTGGA GAGGACTTTC ACTGACTGAC

[5064] 9901 TGACTGCGTC TCAACCTCCT AGGG

[5065] pLRPC_TRDC P2AW FMC63op TRGC1 (서열 식별 번호:186)

[5066] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[5067] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[5068] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[5069] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[5070] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[5071] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGCGTAATCA

[5072] 361 TGGTCATAGC TGTTTCCTGT GTGAAATTGT TATCCGCTCA CAATTCCACA CAACATACGA

[5073] 421 GCCGGAAGCA TAAAGTGTAA AGCCTGGGGT GCCTAATGAG TGAGCTAACT CACATTAATT

[5074] 481 GCGTTGCGCT CACTGCCCGC TTTCCAGTCG GGAAACCTGT CGTGCCAGCT GCATTAATGA

[5075] 541 ATCGGCCAAC GCGCGGGGAG AGGCGGTTTG CGTATTGGGC GCTCTTCCGC TTCCTCGCTC

[5076] 601 ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA CTCAAAGGCG

[5077] 661 GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG AGCAAAAGGC

[5078] 721 CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA TAGGCTCCGC

[5079] 781 CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA CCCGACAGGA

[5080] 841 CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC TGTTCCGACC

[5081] 901 CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC GCTTTCTCAT

[5082] 961 AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT GGGCTGTGTG

[5083] 1021 CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG TCTTGAGTCC

[5084] 1081 AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG GATTAGCAGA

[5085] 1141 GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA CGGCTACACT

[5086] 1201 AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG AAAAAGAGTT

[5087] 1261 GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG

[5088] 1321 CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT TTCTACGGGG

[5089] 1381 TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG ATTATCAAAA

[5090] 1441 AGGATCTTCA CCTAGATCCT TTTAAATTAA AAATGAAGTT TTAAATCAAT CTAAAGTATA

[5091] 1501 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[5092] 1561 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTTGCTAG GTTACTGTCA

[5093] 1621 TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA AAAGAGTTTG TAGAAACGCA

[5094] 1681 AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT CGGTGGCAGT TTATGGCGGG

[5095] 1741 CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT TCAAATCCGC TCCCGGCGGA

[5096] 1801 TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA TAAAACGAAA GGCCCAGTCT

[5097] 1861 TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC CCTACTCTCG CATGGGTTGC

[5098] 1921 GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT TATCATCGAA TTTCTGCCAT

[5099] 1981 TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG CGTTTAAGGG CACCAATAAC

[5100] 2041 TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA GTACTGTTGT AATTCATTAA

[5101] 2101 GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG AACCTGAATC GCCAGCGGCA

[5102] 2161 TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT GAAAACGGGG GCGAAGAAGT

[5103] 2221 TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT CACCCAGGGA TTGGCTGAGA

[5104] 2281 CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC CAGGTTTTCA CCGTAACACG

[5105] 2341 CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC GTCGTGGTAT TCACTCCAGA

[5106] 2401 GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA ACAAGGGTGA ACACTATCCC

[5107] 2461 ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC CGGATGAGCA TTCATCAGGC

[5108] 2521 GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA

[5109] 2581 AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT ACATTGAGCA ACTGACTGAA

[5110] 2641 ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC AACGGTGGTA TATCCAGTGA

[5111] 2701 TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT CGATAACTCA AAAAATACGC

[5112] 2761 CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC TCTTACGTGC CGATCAACGT

[5113] 2821 CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG CGTATCACGA GGCCAGCTTG

[5114] 2881 GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG TTTGGAACAA GAGTCCACTA

[5115] 2941 TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG TCTATCAGGG CGATGGCCCA

[5116] 3001 CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA GGTGCCGTAA AGCACTAAAT

[5117] 3061 CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG GAAAGCCGGC GAACGTGGCG

[5118] 3121 AGAAAGGAAG GGAAGAAAGC GAAAGGAGCG GGCGCTAAGG CGCTGGCAAGTGTAGCGGTC

[5119] 3181 ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC CGCTACAGGG CGCGTACTAT

[5120] 3241 GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG CGTAAGGAGA AAATACCGCA

[5121] 3301 TCAGGCGCCA TTCGCCATTC AGGCTGCGCA ACTGTTGGGA AGGGCGATCG GTGCGGGCCT

[5122] 3361 CTTCGCTATT ACGCCAGCTG GCGAAAGGGG GATGTGCTGC AAGGCGATTA AGTTGGGTAA

[5123] 3421 CGCCAGGGTT TTCCCAGTCA CGACGTTGTA AAACGACGGC CAGTGAATTG ATCGAGATCG

[5124] 3481 TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT CAGTGGAGAG GACTTTCACT

[5125] 3541 GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT TATTGACTAG TTATTAATAG

[5126] 3601 TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG AGTTCCGCGT TACATAACTT

[5127] 3661 ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC GCCCATTGAC GTCAATAATG

[5128] 3721 ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT GACGTCAATG GGTGGAGTAT

[5129] 3781 TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC ATATGCCAAG TACGCCCCCT

[5130] 3841 ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG CCCAGTACAT GACCTTATGG

[5131] 3901 GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG CTATTACCAT GGTGATGCGG

[5132] 3961 TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT CACGGGGATT TCCAAGTCTC

[5133] 4021 CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA ATCAACGGGA CTTTCCAAAA

[5134] 4081 TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA GGCGTGTACG GTGGGAGGTC

[5135] 4141 TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG TTAGACCAGA TCTGAGCCTG

[5136] 4201 GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT CAATAAAGCT TGCCTTGAGT

[5137] 4261 GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT AACTAGAGAT CCCTCAGACC

[5138] 4321 CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA ACAGGGACTT GAAAGCGAAA

[5139] 4381 GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG CTGAAGCGCG CACGGCAAGA

[5140] 4441 GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG

[5141] 4501 AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA TTAGATAAAT GGGAAAAAAT

[5142] 4561 TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA CATATAGTTA GGGCAAGCAG

[5143] 4621 GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG ACATCAGAAG GCTGTAGACA

[5144] 4681 AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA GAAGAACTTA GATCATTATA

[5145] 4741 TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA GATGTAAAAG ACACCAAGGA

[5146] 4801 AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG AAAAAGGCACAGCAAGCGAT

[5147] 4861 CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA TTGGAGAAGT GAATTATATA

[5148] 4921 AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC CACCAAGGCA AAGAGAAGAG

[5149] 4981 TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG

[5150] 5041 CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC GGTACAGGCC AGACAATTAT

[5151] 5101 TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC TATTGAGGCG CAACAGCATC

[5152] 5161 TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC AAGAATCCTG GCTGTGGAAA

[5153] 5221 GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG CTCTGGAAAA CTCATTTGCA

[5154] 5281 CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC TCTGGAACAG ATTTGGAATA

[5155] 5341 ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA CACAAGCTTA ATACACTCCT

[5156] 5401 TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA AGAATTATTG GAATTAGATA

[5157] 5461 AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG GCTGTGGTAT ATAAAATTAT

[5158] 5521 TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT TTTTGCTGTA CTTTCTATAG

[5159] 5581 TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA GACCCACCTC CCAATCCCGA

[5160] 5641 GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT TAAAAGAAAA GGGGGGATTG

[5161] 5701 GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC AACAGACATA CAAACTAAAG

[5162] 5761 AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT TTATTACAGG GACAGCAGAA

[5163] 5821 ATCCACTTTG GAAAGCTGAG CATCCGGCTC CGGTGCCCGT CAGTGGGCAG AGCGCACATC

[5164] 5881 GCCCACAGTC CCCGAGAAGT TGGGGGGAGG GGTCGGCAAT TGAACCGGTG CCTAGAGAAG

[5165] 5941 GTGGCGCGGG GTAAACTGGG AAAGTGATGT CGTGTACTGG CTCCGCCTTT TTCCCGAGGG

[5166] 6001 TGGGGGAGAA CCGTATATAA GTGCAGTAGT CGCCGTGAAC GTTCTTTTTC GCAACGGGTT

[5167] 6061 TGCCGCCAGA ACACAGGTAA GTGCCGTGTG TGGTTCCCGC GGGCCTGGCC TCTTTACGGG

[5168] 6121 TTATGGCCCT TGCGTGCCTT GAATTACTTC CACGCCCCTG GCTGCAGTAC GTGATTCTTG

[5169] 6181 ATCCCGAGCT TCGGGTTGGA AGTGGGTGGG AGAGTTCGAG GCCTTGCGCT TAAGGAGCCC

[5170] 6241 CTTCGCCTCG TGCTTGAGTT GAGGCCTGGC CTGGGCGCTG GGGCCGCCGC GTGCGAATCT

[5171] 6301 GGTGGCACCT TCGCGCCTGT CTCGCTGCTT TCGATAAGTC TCTAGCCATT TAAAATTTTT

[5172] 6361 GATGACCTGC TGCGACGCTT TTTTTCTGGC AAGATAGTCT TGTAAATGCG GGCCAAGATC

[5173] 6421 TGCACACTGG TATTTCGGTT TTTGGGGCCG CGGGCGGCGA CGGGGCCCGT GCGTCCCAGC

[5174] 6481 GCACATGTTC GGCGAGGCGG GGCCTGCGAG CGCGGCCACC GAGAATCGGA CGGGGGTAGT

[5175] 6541 CTCAAGCTGG CCGGCCTGCT CTGGTGCCTG GCCTCGCGCC GCCGTGTATC GCCCCGCCCT

[5176] 6601 GGGCGGCAAG GCTGGCCCGG TCGGCACCAG TTGCGTGAGC GGAAAGATGG CCGCTTCCCG

[5177] 6661 GCCCTGCTGC AGGGAGCTCA AAATGGAGGA CGCGGCGCTC GGGAGAGCGG GCGGGTGAGT

[5178] 6721 CACCCACACA AAGGAAAAGG GCCTTTCCGT CCTCAGCCGT CGCTTCATGT GACTCCACGG

[5179] 6781 AGTACCGGGC GCCGTCCAGG CACCTCGATT AGTTCTCGAG CTTTTGGAGT ACGTCGTCTT

[5180] 6841 TAGGTTGGGG GGAGGGGTTT TATGCGATGG AGTTTCCCCA CACTGAGTGG GTGGAGACTG

[5181] 6901 AAGTTAGGCC AGCTTGGCAC TTGATGTAAT TCTCCTTGGA ATTTGCCCTT TTTGAGTTTG

[5182] 6961 GATCTTGGTT CATTCTCAAG CCTCAGACAG TGGTTCAAAG TTTTTTTCTT CCATTTCAGG

[5183] 7021 TGTCGTGAAA ACTACCCCTC AGAGCCGCCA CCATGCTTCT CCTGGTGACA AGCCTTCTGC

[5184] 7081 TCTGTGAGTT ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAAG TCAGCCTCAT ACCAAACCAT

[5185] 7141 CCGTTTTTGT CATGAAAAAT GGAACAAATG TCGCTTGTCT GGTGAAGGAA TTCTACCCCA

[5186] 7201 AGGATATAAG AATAAATCTC GTGTCATCCA AGAAGATAAC AGAGTTTGAT CCTGCTATTG

[5187] 7261 TCATCTCTCC CAGTGGGAAG TACAATGCTG TCAAGCTTGG TAAATATGAA GATTCAAATT

[5188] 7321 CAGTGACATG TTCAGTTCAA CACGACAATA AAACTGTGCA CTCCACTGAC TTTGAAGTGA

[5189] 7381 AGACAGATTC TACAGATCAC GTAAAACCAA AGGAAACTGA AAACACAAAG CAACCTTCAA

[5190] 7441 AGAGCTGCCA TAAACCCAAA GCCATAGTTC ATACCGAGAA GGTGAACATG ATGTCCCTCA

[5191] 7501 CAGTGCTTGG GCTACGAATG CTGTTTGCAA AGACTGTTGC CGTCAATTTT CTCTTGACTG

[5192] 7561 CCAAGTTATT TTTCTTGGGG TCAGGCGCTA CTAACTTCAG CCTGCTGAAG CAGGCTGGAG

[5193] 7621 ACGTGGAGGA GAACCCTGGA CCTATGCTAC TACTTGTGAC CTCACTATTG TTATGCGAAC

[5194] 7681 TCCCTCATCC CGCATTCTTG CTGATTCCAG ACATTCAGAT GACTCAAACA ACTTCCAGCC

[5195] 7741 TCTCCGCCTC ACTCGGCGAC CGCGTAACAA TAAGCTGTCG GGCCTCGCAA GATATTAGTA

[5196] 7801 AGTACCTGAA TTGGTATCAG CAAAAACCCG ATGGTACAGT CAAGCTTCTG ATCTACCATA

[5197] 7861 CCAGTCGTCT GCACAGCGGT GTCCCCAGCA GGTTCAGCGG CTCAGGATCT GGTACCGATT

[5198] 7921 ATTCACTGAC GATTTCCAAC CTTGAGCAGG AGGACATCGC CACCTACTTC TGCCAGCAGG

[5199] 7981 GTAATACTCT GCCGTACACA TTCGGGGGCG GTACCAAGCT CGAGATCACG GGTTCAACAA

[5200] 8041 GCGGTTCTGG CAAGCCAGGC AGCGGCGAGG GGAGTACAAA GGGGGAGGTG AAGTTGCAGG

[5201] 8101 AAAGTGGCCC TGGATTGGTG GCCCCGAGCC AGAGTCTGTC TGTCACCTGC ACAGTTTCCG

[5202] 8161 GAGTAAGTCT GCCTGATTAC GGAGTGTCCT GGATCAGACA GCCACCTCGA AAGGGCTTGG

[5203] 8221 AGTGGCTTGG GGTCATTTGG GGCAGTGAAA CCACATACTA CAACAGCGCT CTTAAGTCCA

[5204] 8281 GGCTCACTAT CATCAAGGAC AATTCAAAGA GCCAAGTATT CTTGAAAATG AATTCCCTGC

[5205] 8341 AGACTGATGA CACCGCTATT TATTATTGCG CTAAACATTA TTACTATGGA GGTTCTTATG

[5206] 8401 CCATGGACTA CTGGGGGCAG GGTACCTCTG TGACAGTGAG TTCAGCTGCA GCTGGAGGTG

[5207] 8461 GAGGTAGCGG AGGCGGTGGT AGTGGAGGGG GTGGTTCTCT GGAAGATAAA CAACTTGATG

[5208] 8521 CAGATGTTTC CCCCAAGCCC ACTATTTTTC TTCCTTCAAT TGCTGAAACA AAGCTCCAGA

[5209] 8581 AGGCTGGAAC ATACCTTTGT CTTCTTGAGA AATTTTTCCC TGATGTTATT AAGATACATT

[5210] 8641 GGCAAGAAAA GAAGAGCAAC ACGATTCTGG GATCCCAGGA GGGGAACACC ATGAAGACTA

[5211] 8701 ACGACACATA CATGAAATTT AGCTGGTTAA CGGTGCCAGA AAAGTCACTG GACAAAGAAC

[5212] 8761 ACAGATGTAT CGTCAGACAT GAGAATAATA AAAACGGAGT TGATCAAGAA ATTATCTTTC

[5213] 8821 CTCCAATAAA GACAGATGTC ATCACAATGG ATCCCAAAGA CAATTGTTCA AAAGATGCAA

[5214] 8881 ATGATACACT ACTGCTGCAG CTCACAAACA CCTCTGCATA TTACATGTAC CTCCTCCTGC

[5215] 8941 TCCTCAAGAG TGTGGTCTAT TTTGCCATCA TCACCTGCTG TCTGCTTAGA AGAACGGCTT

[5216] 9001 TCTGCTGCAA TGGAGAGAAA TCATAATGAG ATATCGAGCA TCTTACCGCC ATTTATACCC

[5217] 9061 ATATTTGTTC TGTTTTTCTT GATTTGGGTA TACATTTAAA TGTTAATAAA ACAAAATGGT

[5218] 9121 GGGGCAATCA TTTACATTTT TAGGGATATG TAATTACTAG TTCAGGTGTA TTGCCACAAG

[5219] 9181 ACAAACATGT TAAGAAACTT TCCCGTTATT TACGCTCTGT TCCTGTTAAT CAACCTCTGG

[5220] 9241 ATTACAAAAT TTGTGAAAGA TTGACTGATA TTCTTAACTA TGTTGCTCCT TTTACGCTGT

[5221] 9301 GTGGATATGC TGCTTTATAG CCTCTGTATC TAGCTATTGC TTCCCGTACG GCTTTCGTTT

[5222] 9361 TCTCCTCCTT GTATAAATCC TGGTTGCTGT CTCTTTTAGA GGAGTTGTGG CCCGTTGTCC

[5223] 9421 GTCAACGTGG CGTGGTGTGC TCTGTGTTTG CTGACGCAAC CCCCACTGGC TGGGGCATTG

[5224] 9481 CCACCACCTG TCAACTCCTT TCTGGGACTT TCGCTTTCCC CCTCCCGATC GCCACGGCAG

[5225] 9541 AACTCATCGC CGCCTGCCTT GCCCGCTGCT GGACAGGGGC TAGGTTGCTG GGCACTGATA

[5226] 9601 ATTCCGTGGT GTTGTCAGTA CTGGTACCTT TAAGACCAAT GACTTACAAG GCAGCTGTAG

[5227] 9661 ATCTTAGCCA CTTTTTAAAA GAAAAGGGGG GACTGGAAGG GCTAATTCAC TCCCAAAGAA

[5228] 9721 GACAAGATCT GCTTTTTGCC TGTACTGGGT CTCTCTGGTT AGACCAGATC TGAGCCTGGG

[5229] 9781 AGCTCTCTGG CTAACTAGGG AACCCACTGC TTAAGCCTCA ATAAAGCTTG CCTTGAGTGC

[5230] 9841 TTCAA

[5231] pLRPCU TRDC P2AW FMC63op TRGC1 (서열 식별 번호:187)

[5232] 1 GACATTGATT ATTGACTAGT TATTAATAGT AATCAATTAC GGGGTCATTA GTTCATAGCC

[5233] 61 CATATATGGA GTTCCGCGTT ACATAACTTA CGGTAAATGG CCCGCCTGGC TGACCGCCCA

[5234] 121 ACGACCCCCG CCCATTGACG TCAATAATGA CGTATGTTCC CATAGTAACG CCAATAGGGA

[5235] 181 CTTTCCATTG ACGTCAATGG GTGGAGTATT TACGGTAAAC TGCCCACTTG GCAGTACATC

[5236] 241 AAGTGTATCA TATGCCAAGT ACGCCCCCTA TTGACGTCAA TGACGGTAAA TGGCCCGCCT

[5237] 301 GGCATTATGC CCAGTACATG ACCTTATGGG ACTTTCCTAC TTGGCAGTAC ATCTACGTAT

[5238] 361 TAGTCATCGC TATTACCATG GTGATGCGGT TTTGGCAGTA CATCAATGGG CGTGGATAGC

[5239] 421 GGTTTGACTC ACGGGGATTT CCAAGTCTCC ACCCCATTGA CGTCAATGGG AGTTTGTTTT

[5240] 481 GGCACCAAAA TCAACGGGAC TTTCCAAAAT GTCGTAACAA CTCCGCCCCA TTGACGCAAA

[5241] 541 TGGGCGGTAG GCGTGTACGG TGGGAGGTCT ATATAAGCAG AGCTCGTTTA GTGAACCGGG

[5242] 601 TCTCTCTGGT TAGACCAGAT CTGAGCCTGG GAGCTCTCTG GCTAACTAGG GAACCCACTG

[5243] 661 CTTAAGCCTC AATAAAGCTT GCCTTGAGTG CTCAAAGTAG TGTGTGCCCG TCTGTTGTGT

[5244] 721 GACTCTGGTA ACTAGAGATC CCTCAGACCC TTTTAGTCAG TGTGGAAAAT CTCTAGCAGT

[5245] 781 GGCGCCCGAA CAGGGACTTG AAAGCGAAAG TAAAGCCAGA GGAGATCTCT CGACGCAGGA

[5246] 841 CTCGGCTTGC TGAAGCGCGC ACGGCAAGAG GCGAGGGGCG GCGACTGGTG AGTACGCCAA

[5247] 901 AAATTTTGAC TAGCGGAGGC TAGAAGGAGA GAGTAGGGTG CGAGAGCGTC GGTATTAAGC

[5248] 961 GGGGGAGAAT TAGATAAATG GGAAAAAATT CGGTTAAGGC CAGGGGGAAA GAAACAATAT

[5249] 1021 AAACTAAAAC ATATAGTTAG GGCAAGCAGG GAGCTAGAAC GATTCGCAGT TAATCCTGGC

[5250] 1081 CTTTTAGAGA CATCAGAAGG CTGTAGACAA ATACTGGGAC AGCTACAACC ATCCCTTCAG

[5251] 1141 ACAGGATCAG AAGAACTTAG ATCATTATAT AATACAATAG CAGTCCTCTA TTGTGTGCAT

[5252] 1201 CAAAGGATAG ATGTAAAAGA CACCAAGGAA GCCTTAGATA AGATAGAGGA AGAGCAAAAC

[5253] 1261 AAAAGTAAGA AAAAGGCACA GCAAGCGATC TTCAGACCTG GAGGAGGCAG GAGGCGATAT

[5254] 1321 GAGGGACAAT TGGAGAAGTG AATTATATAA ATATAAAGTA GTAAAAATTG AACCATTAGG

[5255] 1381 AGTAGCACCC ACCAAGGCAA AGAGAAGAGT GGTGCAGAGA GAAAAAAGAGCAGTGGGAAT

[5256] 1441 AGGAGCTTTG TTCCTTGGGT TCTTGGGAGC AGCAGGAAGC ACTATGGGCG CAGCGTCAAT

[5257] 1501 GACGCTGACG GTACAGGCCA GACAATTATT GTCTGATATA GTGCAGCAGC AGAACAATTT

[5258] 1561 GCTGAGGGCT ATTGAGGCGC AACAGCATCT GTTGCAACTC ACAGTCTGGG GCATCAAACA

[5259] 1621 GCTCCAGGCA AGAATCCTGG CTGTGGAAAG ATACCTAAAG GATCAACAGC TCCTGGGGAT

[5260] 1681 TTGGGGTTGC TCTGGAAAAC TCATTTGCAC CACTGCTGTG CCTTGGAATG CTAGTTGGAG

[5261] 1741 TAATAAATCT CTGGAACAGA TTTGGAATAA CATGACCTGG ATGGAGTGGG ACAGAGAAAT

[5262] 1801 TAACAATTAC ACAAGCTTAA TACACTCCTT AATTGAAGAA TCGCAAAACC AGCAAGAAAA

[5263] 1861 GAATGAACAA GAATTATTGG AATTAGATAA ATGGGCAAGT TTGTGGAATT GGTTTAACAT

[5264] 1921 AACAAATTGG CTGTGGTATA TAAAATTATT CATAATGATA GTAGGAGGCT TGGTAGGTTT

[5265] 1981 AAGAATAGTT TTTGCTGTAC TTTCTATAGT GAATAGAGTT AGGCAGGGAT ATTCACCATT

[5266] 2041 ATCGTTTCAG ACCCACCTCC CAATCCCGAG GGGACCACGC GTACAAATGG CAGTATTCAT

[5267] 2101 CCACAATTTT AAAAGAAAAG GGGGGATTGG GGGGTACAGT GCAGGGGAAA GAATAGTAGA

[5268] 2161 CATAATAGCA ACAGACATAC AAACTAAAGA ATTACAAAAA CAAATTACAA AAATTCAAAA

[5269] 2221 TTTTCGGGTT TATTACAGGG ACAGCAGAAA TCCACTTTGG AAAGCTGAGC ATCCGGCTCC

[5270] 2281 GGTGCCCGTC AGTGGGCAGA GCGCACATCG CCCACAGTCC CCGAGAAGTT GGGGGGAGGG

[5271] 2341 GTCGGCAATT GAACCGGTGC CTAGAGAAGG TGGCGCGGGG TAAACTGGGA AAGTGATGTC

[5272] 2401 GTGTACTGGC TCCGCCTTTT TCCCGAGGGT GGGGGAGAAC CGTATATAAG TGCAGTAGTC

[5273] 2461 GCCGTGAACG TTCTTTTTCG CAACGGGTTT GCCGCCAGAA CACAGGTAAG TGCCGTGTGT

[5274] 2521 GGTTCCCGCG GGCCTGGCCT CTTTACGGGT TATGGCCCTT GCGTGCCTTG AATTACTTCC

[5275] 2581 ACGCCCCTGG CTGCAGTACG TGATTCTTGA TCCCGAGCTT CGGGTTGGAA GTGGGTGGGA

[5276] 2641 GAGTTCGAGG CCTTGCGCTT AAGGAGCCCC TTCGCCTCGT GCTTGAGTTG AGGCCTGGCC

[5277] 2701 TGGGCGCTGG GGCCGCCGCG TGCGAATCTG GTGGCACCTT CGCGCCTGTC TCGCTGCTTT

[5278] 2761 CGATAAGTCT CTAGCCATTT AAAATTTTTG ATGACCTGCT GCGACGCTTT TTTTCTGGCA

[5279] 2821 AGATAGTCTT GTAAATGCGG GCCAAGATCT GCACACTGGT ATTTCGGTTT TTGGGGCCGC

[5280] 2881 GGGCGGCGAC GGGGCCCGTG CGTCCCAGCG CACATGTTCG GCGAGGCGGG GCCTGCGAGC

[5281] 2941 GCGGCCACCG AGAATCGGAC GGGGGTAGTC TCAAGCTGGC CGGCCTGCTC TGGTGCCTGG

[5282] 3001 CCTCGCGCCG CCGTGTATCG CCCCGCCCTG GGCGGCAAGG CTGGCCCGGT CGGCACCAGT

[5283] 3061 TGCGTGAGCG GAAAGATGGC CGCTTCCCGG CCCTGCTGCA GGGAGCTCAA AATGGAGGAC

[5284] 3121 GCGGCGCTCG GGAGAGCGGG CGGGTGAGTC ACCCACACAA AGGAAAAGGG CCTTTCCGTC

[5285] 3181 CTCAGCCGTC GCTTCATGTG ACTCCACGGA GTACCGGGCG CCGTCCAGGC ACCTCGATTA

[5286] 3241 GTTCTCGAGC TTTTGGAGTA CGTCGTCTTT AGGTTGGGGG GAGGGGTTTT ATGCGATGGA

[5287] 3301 GTTTCCCCAC ACTGAGTGGG TGGAGACTGA AGTTAGGCCA GCTTGGCACT TGATGTAATT

[5288] 3361 CTCCTTGGAA TTTGCCCTTT TTGAGTTTGG ATCTTGGTTC ATTCTCAAGC CTCAGACAGT

[5289] 3421 GGTTCAAAGT TTTTTTCTTC CATTTCAGGT GTCGTGAAAA CTACCCCTCA GAGCCGCCAC

[5290] 3481 CATGCTTCTC CTGGTGACAA GCCTTCTGCT CTGTGAGTTA CCACACCCAG CATTCCTCCT

[5291] 3541 GATCCCAAGT CAGCCTCATA CCAAACCATC CGTTTTTGTC ATGAAAAATG GAACAAATGT

[5292] 3601 CGCTTGTCTG GTGAAGGAAT TCTACCCCAA GGATATAAGA ATAAATCTCG TGTCATCCAA

[5293] 3661 GAAGATAACA GAGTTTGATC CTGCTATTGT CATCTCTCCC AGTGGGAAGT ACAATGCTGT

[5294] 3721 CAAGCTTGGT AAATATGAAG ATTCAAATTC AGTGACATGT TCAGTTCAAC ACGACAATAA

[5295] 3781 AACTGTGCAC TCCACTGACT TTGAAGTGAA GACAGATTCT ACAGATCACG TAAAACCAAA

[5296] 3841 GGAAACTGAA AACACAAAGC AACCTTCAAA GAGCTGCCAT AAACCCAAAG CCATAGTTCA

[5297] 3901 TACCGAGAAG GTGAACATGA TGTCCCTCAC AGTGCTTGGG CTACGAATGC TGTTTGCAAA

[5298] 3961 GACTGTTGCC GTCAATTTTC TCTTGACTGC CAAGTTATTT TTCTTGGGGT CAGGCGCTAC

[5299] 4021 TAACTTCAGC CTGCTGAAGC AGGCTGGAGA CGTGGAGGAG AACCCTGGAC CTATGCTACT

[5300] 4081 ACTTGTGACC TCACTATTGT TATGCGAACT CCCTCATCCC GCATTCTTGC TGATTCCAGA

[5301] 4141 CATTCAGATG ACTCAAACAA CTTCCAGCCT CTCCGCCTCA CTCGGCGACC GCGTAACAAT

[5302] 4201 AAGCTGTCGG GCCTCGCAAG ATATTAGTAA GTACCTGAAT TGGTATCAGC AAAAACCCGA

[5303] 4261 TGGTACAGTC AAGCTTCTGA TCTACCATAC CAGTCGTCTG CACAGCGGTG TCCCCAGCAG

[5304] 4321 GTTCAGCGGC TCAGGATCTG GTACCGATTA TTCACTGACG ATTTCCAACC TTGAGCAGGA

[5305] 4381 GGACATCGCC ACCTACTTCT GCCAGCAGGG TAATACTCTG CCGTACACAT TCGGGGGCGG

[5306] 4441 TACCAAGCTC GAGATCACGG GTTCAACAAG CGGTTCTGGC AAGCCAGGCA GCGGCGAGGG

[5307] 4501 GAGTACAAAG GGGGAGGTGA AGTTGCAGGA AAGTGGCCCT GGATTGGTGG CCCCGAGCCA

[5308] 4561 GAGTCTGTCT GTCACCTGCA CAGTTTCCGG AGTAAGTCTG CCTGATTACG GAGTGTCCTG

[5309] 4621 GATCAGACAG CCACCTCGAA AGGGCTTGGA GTGGCTTGGG GTCATTTGGG GCAGTGAAAC

[5310] 4681 CACATACTAC AACAGCGCTC TTAAGTCCAG GCTCACTATC ATCAAGGACA ATTCAAAGAG

[5311] 4741 CCAAGTATTC TTGAAAATGA ATTCCCTGCA GACTGATGAC ACCGCTATTT ATTATTGCGC

[5312] 4801 TAAACATTAT TACTATGGAG GTTCTTATGC CATGGACTAC TGGGGGCAGG GTACCTCTGT

[5313] 4861 GACAGTGAGT TCAGCTGCAG CTGGAGGTGG AGGTAGCGGA GGCGGTGGTA GTGGAGGGGG

[5314] 4921 TGGTTCTCTG GAAGATAAAC AACTTGATGC AGATGTTTCC CCCAAGCCCA CTATTTTTCT

[5315] 4981 TCCTTCAATT GCTGAAACAA AGCTCCAGAA GGCTGGAACA TACCTTTGTC TTCTTGAGAA

[5316] 5041 ATTTTTCCCT GATGTTATTA AGATACATTG GCAAGAAAAG AAGAGCAACA CGATTCTGGG

[5317] 5101 ATCCCAGGAG GGGAACACCA TGAAGACTAA CGACACATAC ATGAAATTTA GCTGGTTAAC

[5318] 5161 GGTGCCAGAA AAGTCACTGG ACAAAGAACA CAGATGTATC GTCAGACATG AGAATAATAA

[5319] 5221 AAACGGAGTT GATCAAGAAA TTATCTTTCC TCCAATAAAG ACAGATGTCA TCACAATGGA

[5320] 5281 TCCCAAAGAC AATTGTTCAA AAGATGCAAA TGATACACTA CTGCTGCAGC TCACAAACAC

[5321] 5341 CTCTGCATAT TACATGTACC TCCTCCTGCT CCTCAAGAGT GTGGTCTATT TTGCCATCAT

[5322] 5401 CACCTGCTGT CTGCTTAGAA GAACGGCTTT CTGCTGCAAT GGAGAGAAAT CATAATGAGA

[5323] 5461 TATCGAGCAT CTTACCGCCA TTTATACCCA TATTTGTTCT GTTTTTCTTG ATTTGGGTAT

[5324] 5521 ACATTTAAAT GTTAATAAAA CAAAATGGTG GGGCAATCAT TTACATTTTT AGGGATATGT

[5325] 5581 AATTACTAGT TCAGGTGTAT TGCCACAAGA CAAACATGTT AAGAAACTTT CCCGTTATTT

[5326] 5641 ACGCTCTGTT CCTGTTAATC AACCTCTGGA TTACAAAATT TGTGAAAGAT TGACTGATAT

[5327] 5701 TCTTAACTAT GTTGCTCCTT TTACGCTGTG TGGATATGCT GCTTTATAGC CTCTGTATCT

[5328] 5761 AGCTATTGCT TCCCGTACGG CTTTCGTTTT CTCCTCCTTG TATAAATCCT GGTTGCTGTC

[5329] 5821 TCTTTTAGAG GAGTTGTGGC CCGTTGTCCG TCAACGTGGC GTGGTGTGCT CTGTGTTTGC

[5330] 5881 TGACGCAACC CCCACTGGCT GGGGCATTGC CACCACCTGT CAACTCCTTT CTGGGACTTT

[5331] 5941 CGCTTTCCCC CTCCCGATCG CCACGGCAGA ACTCATCGCC GCCTGCCTTG CCCGCTGCTG

[5332] 6001 GACAGGGGCT AGGTTGCTGG GCACTGATAA TTCCGTGGTG TTGTCAGTAC TGGTACCTTT

[5333] 6061 AAGACCAATG ACTTACAAGG CAGCTGTAGA TCTTAGCCAC TTTTTAAAAG AAAAGGGGGG

[5334] 6121 ACTGGAAGGG CTAATTCACT CCCAAAGAAG ACAAGATCTG CTTTTTGCCT GTACTGGGTC

[5335] 6181 TCTCTGGTTA GACCAGATCT GAGCCTGGGA GCTCTCTGGC TAACTAGGGA ACCCACTGCT

[5336] 6241 TAAGCCTCAA TAAAGCTTGC CTTGAGTGCT TCAAGTAGTG TGTGCCCGTC TGTTGTGTGA

[5337] 6301 CTCTGGTAAC TAGAGATCCC TCAGACCCTT TTAGTCAGTG TGGAAAATCT CTAGCATGAT

[5338] 6361 CATAATCAAG CCATATCACA TCTGTAGAGG TTTACTTGCT TTAAAAAACC TCCACACCTC

[5339] 6421 CCCCTGAACC TGAAACATAA AATGAATGCA ATTGTTGTTG TTAACTTGTT TATTGCAGCT

[5340] 6481 TATAATGGTT ACAAATAAAG CAATAGCATC ACAAATTTCA CAAATAAAGC ATTTTTTTCA

[5341] 6541 CTGCATTCTA GTTGTGGTTT GTCCAAACTC ATCAATGTAT CTTATCATGT CTGGATCTGC

[5342] 6601 GTCGACACGA AGAGACGACT GACTGACTGA CTGGAAAGAG GAAGGGCTGG AAGAGGAAGG

[5343] 6661 AGCTTGATCC AGATCCCGAT CTCGATCCAG ATCCGGATCG CAGCTTGGCG TAATCATGGT

[5344] 6721 CATAGCTGTT TCCTGTGTGA AATTGTTATC CGCTCACAAT TCCACACAAC ATACGAGCCG

[5345] 6781 GAAGCATAAA GTGTAAAGCC TGGGGTGCCT AATGAGTGAG CTAACTCACA TTAATTGCGT

[5346] 6841 TGCGCTCACT GCCCGCTTTC CAGTCGGGAA ACCTGTCGTG CCAGCTGCAT TAATGAATCG

[5347] 6901 GCCAACGCGC GGGGAGAGGC GGTTTGCGTA TTGGGCGCTC TTCCGCTTCC TCGCTCACTG

[5348] 6961 ACTCGCTGCG CTCGGTCGTT CGGCTGCGGC GAGCGGTATC AGCTCACTCA AAGGCGGTAA

[5349] 7021 TACGGTTATC CACAGAATCA GGGGATAACG CAGGAAAGAA CATGTGAGCA AAAGGCCAGC

[5350] 7081 AAAAGGCCAG GAACCGTAAA AAGGCCGCGT TGCTGGCGTT TTTCCATAGG CTCCGCCCCC

[5351] 7141 CTGACGAGCA TCACAAAAAT CGACGCTCAA GTCAGAGGTG GCGAAACCCG ACAGGACTAT

[5352] 7201 AAAGATACCA GGCGTTTCCC CCTGGAAGCT CCCTCGTGCG CTCTCCTGTT CCGACCCTGC

[5353] 7261 CGCTTACCGG ATACCTGTCC GCCTTTCTCC CTTCGGGAAG CGTGGCGCTT TCTCATAGCT

[5354] 7321 CACGCTGTAG GTATCTCAGT TCGGTGTAGG TCGTTCGCTC CAAGCTGGGC TGTGTGCACG

[5355] 7381 AACCCCCCGT TCAGCCCGAC CGCTGCGCCT TATCCGGTAA CTATCGTCTT GAGTCCAACC

[5356] 7441 CGGTAAGACA CGACTTATCG CCACTGGCAG CAGCCACTGG TAACAGGATT AGCAGAGCGA

[5357] 7501 GGTATGTAGG CGGTGCTACA GAGTTCTTGA AGTGGTGGCC TAACTACGGC TACACTAGAA

[5358] 7561 GAACAGTATT TGGTATCTGC GCTCTGCTGA AGCCAGTTAC CTTCGGAAAA AGAGTTGGTA

[5359] 7621 GCTCTTGATC CGGCAAACAA ACCACCGCTG GTAGCGGTGG TTTTTTTGTT TGCAAGCAGC

[5360] 7681 AGATTACGCG CAGAAAAAAA GGATCTCAAG AAGATCCTTT GATCTTTTCT ACGGGGTCTG

[5361] 7741 ACGCTCAGTG GAACGAAAAC TCACGTTAAG GGATTTTGGT CATGAGATTA TCAAAAAGGA

[5362] 7801 TCTTCACCTA GATCCTTTTA AATTAAAAAT GAAGTTTTAA ATCAATCTAA AGTATATATG

[5363] 7861 AGTAAACTTG GTCTGACAGT TACCAATGCT TAATCAGTGA GGCACCTATC TCAGCGATCT

[5364] 7921 GTCTATTTCG TTCATCCATA GTTGCCTGAC TCCCCGTCGT TGCTAGGTTA CTGTCATGAG

[5365] 7981 CGGATACATA TTTGAATGTA TTTAGAAAAA TAAACAAAAG AGTTTGTAGA AACGCAAAAA

[5366] 8041 GGCCATCCGT CAGGATGGCC TTCTGCTTAA TTTGATCGGT GGCAGTTTAT GGCGGGCGTC

[5367] 8101 CTGCCCGCCA CCCTCCGGGC CGTTGCTTCG CAACGTTCAA ATCCGCTCCC GGCGGATTTG

[5368] 8161 TCCTACTCAG GAGAGCGTTC ACCGACAAAC AACAGATAAA ACGAAAGGCC CAGTCTTTCG

[5369] 8221 ACTGAGCCTT TCGTTTTATT TGATGCCTGG CAGTTCCCTA CTCTCGCATG GGTTGCGGCC

[5370] 8281 GCCCGGGCCG TCGACCAATT CTCATGTTTG ACAGCTTATC ATCGAATTTC TGCCATTCAT

[5371] 8341 CCGCTTATTA TCACTTATTC AGGCGTAGCA ACCAGGCGTT TAAGGGCACC AATAACTGCC

[5372] 8401 TTAAAAAAAT TACGCCCCGC CCTGCCACTC ATCGCAGTAC TGTTGTAATT CATTAAGCAT

[5373] 8461 TCTGCCGACA TGGAAGCCAT CACAAACGGC ATGATGAACC TGAATCGCCA GCGGCATCAG

[5374] 8521 CACCTTGTCG CCTTGCGTAT AATATTTGCC CATGGTGAAA ACGGGGGCGA AGAAGTTGTC

[5375] 8581 CATATTGGCC ACGTTTAAAT CAAAACTGGT GAAACTCACC CAGGGATTGG CTGAGACGAA

[5376] 8641 AAACATATTC TCAATAAACC CTTTAGGGAA ATAGGCCAGG TTTTCACCGT AACACGCCAC

[5377] 8701 ATCTTGCGAA TATATGTGTA GAAACTGCCG GAAATCGTCG TGGTATTCAC TCCAGAGCGA

[5378] 8761 TGAAAACGTT TCAGTTTGCT CATGGAAAAC GGTGTAACAA GGGTGAACAC TATCCCATAT

[5379] 8821 CACCAGCTCA CCGTCTTTCA TTGCCATACG AAATTCCGGA TGAGCATTCA TCAGGCGGGC

[5380] 8881 AAGAATGTGA ATAAAGGCCG GATAAAACTT GTGCTTATTT TTCTTTACGG TCTTTAAAAA

[5381] 8941 GGCCGTAATA TCCAGCTGAA CGGTCTGGTT ATAGGTACAT TGAGCAACTG ACTGAAATGC

[5382] 9001 CTCAAAATGT TCTTTACGAT GCCATTGGGA TATATCAACG GTGGTATATC CAGTGATTTT

[5383] 9061 TTTCTCCATT TTAGCTTCCT TAGCTCCTGA AAATCTCGAT AACTCAAAAA ATACGCCCGG

[5384] 9121 TAGTGATCTT ATTTCATTAT GGTGAAAGTT GGAACCTCTT ACGTGCCGAT CAACGTCTCA

[5385] 9181 TTTTCGCCAA AAGTGACATT AACCTATAAA AATAGGCGTA TCACGAGGCC AGCTTGGGAA

[5386] 9241 ACCATAAGAC CGAGATAGAG TTGAGTGTTG TTCCAGTTTG GAACAAGAGT CCACTATTAA

[5387] 9301 AGAACGTGGA CTCCAACGTC AAAGGGCGAA AAACCGTCTA TCAGGGCGAT GGCCCACTAC

[5388] 9361 GTGAACCATC ACCCAAATCA AGTTTTTTGG GGTCGAGGTG CCGTAAAGCA CTAAATCGGA

[5389] 9421 ACCCTAAAGG GAGCCCCCGA TTTAGAGCTT GACGGGGAAA GCCGGCGAAC GTGGCGAGAA

[5390] 9481 AGGAAGGGAA GAAAGCGAAA GGAGCGGGCG CTAAGGCGCT GGCAAGTGTA GCGGTCACGC

[5391] 9541 TGCGCGTAAC CACCACACCC GCCGCGCTTA ATGCGCCGCT ACAGGGCGCG TACTATGGTT

[5392] 9601 GCTTTGACGT ATGCGGTGTG AAATACCGCA CAGATGCGTA AGGAGAAAAT ACCGCATCAG

[5393] 9661 GCGCCATTCG CCATTCAGGC TGCGCAACTG TTGGGAAGGG CGATCGGTGC GGGCCTCTTC

[5394] 9721 GCTATTACGC CAGCTGGCGA AAGGGGGATG TGCTGCAAGG CGATTAAGTT GGGTAACGCC

[5395] 9781 AGGGTTTTCC CAGTCACGAC GTTGTAAAAC GACGGCCAGT GAATTGATCG AGATCGTGAT

[5396] 9841 CCGGATCAAG ATCCAGATCG AATTGGAGGC TACAGTCAGT GGAGAGGACT TTCACTGACT

[5397] 9901 GACTGACTGC GTCTCAACCT CCTAGGG

[5398] pLCUS FMC63 TRDC P2AW TRGC1 (서열 식별 번호:188)

[5399] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[5400] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[5401] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[5402] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[5403] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[5404] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGTCTTCCGC

[5405] 361 TTCCTCGCTC ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA

[5406] 421 CTCAAAGGCG GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG

[5407] 481 AGCAAAAGGC CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA

[5408] 541 TAGGCTCCGC CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA

[5409] 601 CCCGACAGGA CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC

[5410] 661 TGTTCCGACC CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC

[5411] 721 GCTTTCTCAT AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT

[5412] 781 GGGCTGTGTG CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG

[5413] 841 TCTTGAGTCC AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG

[5414] 901 GATTAGCAGA GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA

[5415] 961 CGGCTACACT AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG

[5416] 1021 AAAAAGAGTT GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT

[5417] 1081 TGTTTGCAAG CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT

[5418] 1141 TTCTACGGGG TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG

[5419] 1201 GTGAGGCACC TATCTCAGCG ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG

[5420] 1261 TCGTTGCTAG GTTACTGTCA TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA

[5421] 1321 AAAGAGTTTG TAGAAACGCA AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT

[5422] 1381 CGGTGGCAGT TTATGGCGGG CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT

[5423] 1441 TCAAATCCGC TCCCGGCGGA TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA

[5424] 1501 TAAAACGAAA GGCCCAGTCT TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC

[5425] 1561 CCTACTCTCG CATGGGTTGC GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT

[5426] 1621 TATCATCGAA TTTCTGCCAT TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG

[5427] 1681 CGTTTAAGGG CACCAATAAC TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA

[5428] 1741 GTACTGTTGT AATTCATTAA GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG

[5429] 1801 AACCTGAATC GCCAGCGGCA TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT

[5430] 1861 GAAAACGGGG GCGAAGAAGT TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT

[5431] 1921 CACCCAGGGA TTGGCTGAGA CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC

[5432] 1981 CAGGTTTTCA CCGTAACACG CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC

[5433] 2041 GTCGTGGTAT TCACTCCAGA GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA

[5434] 2101 ACAAGGGTGA ACACTATCCC ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC

[5435] 2161 CGGATGAGCA TTCATCAGGC GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT

[5436] 2221 ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT

[5437] 2281 ACATTGAGCA ACTGACTGAA ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC

[5438] 2341 AACGGTGGTA TATCCAGTGA TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT

[5439] 2401 CGATAACTCA AAAAATACGC CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC

[5440] 2461 TCTTACGTGC CGATCAACGT CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG

[5441] 2521 CGTATCACGA GGCCAGCTTG GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG

[5442] 2581 TTTGGAACAA GAGTCCACTA TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG

[5443] 2641 TCTATCAGGG CGATGGCCCA CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA

[5444] 2701 GGTGCCGTAA AGCACTAAAT CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG

[5445] 2761 GAAAGCCGGC GAACGTGGCG AGAAAGGAAG GGAAGAAAGCGAAAGGAGCGGGCGCTAAGG

[5446] 2821 CGCTGGCAAG TGTAGCGGTC ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC

[5447] 2881 CGCTACAGGG CGCGTACTAT GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG

[5448] 2941 CGTAAGGAGA AAATACATCG TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT

[5449] 3001 CAGTGGAGAG GACTTTCACT GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT

[5450] 3061 TATTGACTAG TTATTAATAG TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG

[5451] 3121 AGTTCCGCGT TACATAACTT ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC

[5452] 3181 GCCCATTGAC GTCAATAATG ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT

[5453] 3241 GACGTCAATG GGTGGAGTAT TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC

[5454] 3301 ATATGCCAAG TACGCCCCCT ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG

[5455] 3361 CCCAGTACAT GACCTTATGG GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG

[5456] 3421 CTATTACCAT GGTGATGCGG TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT

[5457] 3481 CACGGGGATT TCCAAGTCTC CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA

[5458] 3541 ATCAACGGGA CTTTCCAAAA TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA

[5459] 3601 GGCGTGTACG GTGGGAGGTC TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG

[5460] 3661 TTAGACCAGA TCTGAGCCTG GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT

[5461] 3721 CAATAAAGCT TGCCTTGAGT GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT

[5462] 3781 AACTAGAGAT CCCTCAGACC CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA

[5463] 3841 ACAGGGACTT GAAAGCGAAA GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG

[5464] 3901 CTGAAGCGCG CACGGCAAGA GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA

[5465] 3961 CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA

[5466] 4021 TTAGATAAAT GGGAAAAAAT TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA

[5467] 4081 CATATAGTTA GGGCAAGCAG GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG

[5468] 4141 ACATCAGAAG GCTGTAGACA AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA

[5469] 4201 GAAGAACTTA GATCATTATA TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA

[5470] 4261 GATGTAAAAG ACACCAAGGA AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG

[5471] 4321 AAAAAGGCAC AGCAAGCGAT CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA

[5472] 4381 TTGGAGAAGT GAATTATATA AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC

[5473] 4441 CACCAAGGCA AAGAGAAGAG TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT

[5474] 4501 GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC

[5475] 4561 GGTACAGGCC AGACAATTAT TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC

[5476] 4621 TATTGAGGCG CAACAGCATC TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC

[5477] 4681 AAGAATCCTG GCTGTGGAAA GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG

[5478] 4741 CTCTGGAAAA CTCATTTGCA CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC

[5479] 4801 TCTGGAACAG ATTTGGAATA ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA

[5480] 4861 CACAAGCTTA ATACACTCCT TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA

[5481] 4921 AGAATTATTG GAATTAGATA AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG

[5482] 4981 GCTGTGGTAT ATAAAATTAT TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT

[5483] 5041 TTTTGCTGTA CTTTCTATAG TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA

[5484] 5101 GACCCACCTC CCAATCCCGA GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT

[5485] 5161 TAAAAGAAAA GGGGGGATTG GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC

[5486] 5221 AACAGACATA CAAACTAAAG AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT

[5487] 5281 TTATTACAGG GACAGCAGAA ATCCACTTTG GAAAGCTGAG CATCCGGCTC CGGTGCCCGT

[5488] 5341 CAGTGGGCAG AGCGCACATC GCCCACAGTC CCCGAGAAGT TGGGGGGAGG GGTCGGCAAT

[5489] 5401 TGAACCGGTG CCTAGAGAAG GTGGCGCGGG GTAAACTGGG AAAGTGATGT CGTGTACTGG

[5490] 5461 CTCCGCCTTT TTCCCGAGGG TGGGGGAGAA CCGTATATAA GTGCAGTAGT CGCCGTGAAC

[5491] 5521 GTTCTTTTTC GCAACGGGTT TGCCGCCAGA ACACAGGTAA GTGCCGTGTG TGGTTCCCGC

[5492] 5581 GGGCCTGGCC TCTTTACGGG TTATGGCCCT TGCGTGCCTT GAATTACTTC CACGCCCCTG

[5493] 5641 GCTGCAGTAC GTGATTCTTG ATCCCGAGCT TCGGGTTGGA AGTGGGTGGG AGAGTTCGAG

[5494] 5701 GCCTTGCGCT TAAGGAGCCC CTTCGCCTCG TGCTTGAGTT GAGGCCTGGC CTGGGCGCTG

[5495] 5761 GGGCCGCCGC GTGCGAATCT GGTGGCACCT TCGCGCCTGT CTCGCTGCTT TCGATAAGTC

[5496] 5821 TCTAGCCATT TAAAATTTTT GATGACCTGC TGCGACGCTT TTTTTCTGGC AAGATAGTCT

[5497] 5881 TGTAAATGCG GGCCAAGATC TGCACACTGG TATTTCGGTT TTTGGGGCCG CGGGCGGCGA

[5498] 5941 CGGGGCCCGT GCGTCCCAGC GCACATGTTC GGCGAGGCGG GGCCTGCGAG CGCGGCCACC

[5499] 6001 GAGAATCGGA CGGGGGTAGT CTCAAGCTGG CCGGCCTGCT CTGGTGCCTG GCCTCGCGCC

[5500] 6061 GCCGTGTATC GCCCCGCCCT GGGCGGCAAG GCTGGCCCGG TCGGCACCAG TTGCGTGAGC

[5501] 6121 GGAAAGATGG CCGCTTCCCG GCCCTGCTGC AGGGAGCTCA AAATGGAGGA CGCGGCGCTC

[5502] 6181 GGGAGAGCGG GCGGGTGAGT CACCCACACA AAGGAAAAGG GCCTTTCCGT CCTCAGCCGT

[5503] 6241 CGCTTCATGT GACTCCACGG AGTACCGGGC GCCGTCCAGG CACCTCGATT AGTTCTCGAG

[5504] 6301 CTTTTGGAGT ACGTCGTCTT TAGGTTGGGG GGAGGGGTTT TATGCGATGG AGTTTCCCCA

[5505] 6361 CACTGAGTGG GTGGAGACTG AAGTTAGGCC AGCTTGGCAC TTGATGTAAT TCTCCTTGGA

[5506] 6421 ATTTGCCCTT TTTGAGTTTG GATCTTGGTT CATTCTCAAG CCTCAGACAG TGGTTCAAAG

[5507] 6481 TTTTTTTCTT CCATTTCAGG TGTCGTGAAA ACTACCCCTC AGAGCCGCCA CCATGCTTCT

[5508] 6541 CCTGGTGACA AGCCTTCTGC TCTGTGAGTT ACCACACCCA GCATTCCTCC TGATCCCAGA

[5509] 6601 CATCCAGATG ACACAGACTA CATCCTCCCT GTCTGCCTCT CTGGGAGACA GAGTCACCAT

[5510] 6661 CAGTTGCAGG GCAAGTCAGG ACATTAGTAA ATATTTAAAT TGGTATCAGC AGAAACCAGA

[5511] 6721 TGGAACTGTT AAACTCCTGA TCTACCATAC ATCAAGATTA CACTCAGGAG TCCCATCAAG

[5512] 6781 GTTCAGTGGC AGTGGGTCTG GAACAGATTA TTCTCTCACC ATTAGCAACC TGGAGCAAGA

[5513] 6841 AGATATTGCC ACTTACTTTT GCCAACAGGG TAATACGCTT CCGTACACGT TCGGAGGGGG

[5514] 6901 GACTAAGTTG GAAATAACAG GCTCCACCTC TGGATCCGGC AAGCCCGGAT CTGGCGAGGG

[5515] 6961 ATCCACCAAG GGCGAGGTGA AACTGCAGGA GTCAGGACCT GGCCTGGTGG CGCCCTCACA

[5516] 7021 GAGCCTGTCC GTCACATGCA CTGTCTCAGG GGTCTCATTA CCCGACTATG GTGTAAGCTG

[5517] 7081 GATTCGCCAG CCTCCACGAA AGGGTCTGGA GTGGCTGGGA GTAATATGGG GTAGTGAAAC

[5518] 7141 CACATACTAT AATTCAGCTC TCAAATCCAG ACTGACCATC ATCAAGGACA ACTCCAAGAG

[5519] 7201 CCAAGTTTTC TTAAAAATGA ACAGTCTGCA AACTGATGAC ACAGCCATTT ACTACTGTGC

[5520] 7261 CAAACATTAT TACTACGGTG GTAGCTATGC TATGGACTAC TGGGGTCAAG GAACCTCAGT

[5521] 7321 CACCGTCTCC TCAGCGGCCG CAGGTGGAGG AGGTTCTGGA GGTGGTGGAT CAGGTGGTGG

[5522] 7381 AGGATCTTTA GAAAGTCAGC CTCATACCAA ACCATCCGTT TTTGTCATGA AAAATGGAAC

[5523] 7441 AAATGTCGCT TGTCTGGTGA AGGAATTCTA CCCCAAGGAT ATAAGAATAA ATCTCGTGTC

[5524] 7501 ATCCAAGAAG ATAACAGAGT TTGATCCTGC TATTGTCATC TCTCCCAGTG GGAAGTACAA

[5525] 7561 TGCTGTCAAG CTTGGTAAAT ATGAAGATTC AAATTCAGTG ACATGTTCAG TTCAACACGA

[5526] 7621 CAATAAAACT GTGCACTCCA CTGACTTTGA AGTGAAGACA GATTCTACAG ATCACGTAAA

[5527] 7681 ACCAAAGGAA ACTGAAAACA CAAAGCAACC TTCAAAGAGC TGCCATAAAC CCAAAGCCAT

[5528] 7741 AGTTCATACC GAGAAGGTGA ACATGATGTC CCTCACAGTG CTTGGGCTAC GAATGCTGTT

[5529] 7801 TGCAAAGACT GTTGCCGTCA ATTTTCTCTT GACTGCCAAG TTATTTTTCT TGGGGTCAGG

[5530] 7861 CGCTACTAAC TTCAGCCTGC TGAAGCAGGC TGGAGACGTG GAGGAGAACC CTGGACCTAT

[5531] 7921 GCTACTACTT GTGACCTCAC TATTGTTATG CGAACTCCCT CATCCCGCAT TCTTGCTGAT

[5532] 7981 TCCAGATAAA CAACTTGATG CAGATGTTTC CCCCAAGCCC ACTATTTTTC TTCCTTCAAT

[5533] 8041 TGCTGAAACA AAGCTCCAGA AGGCTGGAAC ATACCTTTGT CTTCTTGAGA AATTTTTCCC

[5534] 8101 TGATGTTATT AAGATACATT GGCAAGAAAA GAAGAGCAAC ACGATTCTGG GATCCCAGGA

[5535] 8161 GGGGAACACC ATGAAGACTA ACGACACATA CATGAAATTT AGCTGGTTAA CGGTGCCAGA

[5536] 8221 AAAGTCACTG GACAAAGAAC ACAGATGTAT CGTCAGACAT GAGAATAATA AAAACGGAGT

[5537] 8281 TGATCAAGAA ATTATCTTTC CTCCAATAAA GACAGATGTC ATCACAATGG ATCCCAAAGA

[5538] 8341 CAATTGTTCA AAAGATGCAA ATGATACACT ACTGCTGCAG CTCACAAACA CCTCTGCATA

[5539] 8401 TTACATGTAC CTCCTCCTGC TCCTCAAGAG TGTGGTCTAT TTTGCCATCA TCACCTGCTG

[5540] 8461 TCTGCTTAGA AGAACGGCTT TCTGCTGCAA TGGAGAGAAA TCATAATGAG ATATCGAGCA

[5541] 8521 TCTTACCGCC ATTTATACCC ATATTTGTTC TGTTTTTCTT GATTTGGGTA TACATTTAAA

[5542] 8581 TGTTAATAAA ACAAAATGGT GGGGCAATCA TTTACATTTT TAGGGATATG TAATTACTAG

[5543] 8641 TTCAGGTGTA TTGCCACAAG ACAAACATGT TAAGAAACTT TCCCGTTATT TACGCTCTGT

[5544] 8701 TCCTGTTAAT CAACCTCTGG ATTACAAAAT TTGTGAAAGA TTGACTGATA TTCTTAACTA

[5545] 8761 TGTTGCTCCT TTTACGCTGT GTGGATATGC TGCTTTATAG CCTCTGTATC TAGCTATTGC

[5546] 8821 TTCCCGTACG GCTTTCGTTT TCTCCTCCTT GTATAAATCC TGGTTGCTGT CTCTTTTAGA

[5547] 8881 GGAGTTGTGG CCCGTTGTCC GTCAACGTGG CGTGGTGTGC TCTGTGTTTG CTGACGCAAC

[5548] 8941 CCCCACTGGC TGGGGCATTG CCACCACCTG TCAACTCCTT TCTGGGACTT TCGCTTTCCC

[5549] 9001 CCTCCCGATC GCCACGGCAG AACTCATCGC CGCCTGCCTT GCCCGCTGCT GGACAGGGGC

[5550] 9061 TAGGTTGCTG GGCACTGATA ATTCCGTGGT GTTGTCAGTA CTGGTACCTT TAAGACCAAT

[5551] 9121 GACTTACAAG GCAGCTGTAG ATCTTAGCCA CTTTTTAAAA GAAAAGGGGG GACTGGAAGG

[5552] 9181 GCTAATTCAC TCCCAAAGAA GACAAGATCT GCTTTTTGCC TGTACTGGGT CTCTCTGGTT

[5553] 9241 AGACCAGATC TGAGCCTGGG AGCTCTCTGG CTAACTAGGG AACCCACTGC TTAAGCCTCA

[5554] 9301 ATAAAGCTTG CCTTGAGTGC TTCAAGTAGT GTGTGCCCGT CTGTTGTGTG ACTCTGGTAA

[5555] 9361 CTAGAGATCC CTCAGACCCT TTTAGTCAGT GTGGAAAATC TCTAGCA

[5556] pLCUS FMC63 TRDC P2AW FMC63op TRGC1 (서열 식별 번호:189)

[5557] 1 CTCGCTGCGC TCGGTCGTTC GGCTGCGGCG AGCGGTATCA GCTCACTCAA AGGCGGTAAT

[5558] 61 ACGGTTATCC ACAGAATCAG GGGATAACGC AGGAAAGAAC ATGTGAGCAA AAGGCCAGCA

[5559] 121 AAAGGCCAGG AACCGTAAAA AGGCCGCGTT GCTGGCGTTT TTCCATAGGC TCCGCCCCCC

[5560] 181 TGACGAGCAT CACAAAAATC GACGCTCAAG TCAGAGGTGG CGAAACCCGA CAGGACTATA

[5561] 241 AAGATACCAG GCGTTTCCCC CTGGAAGCTC CCTCGTGCGC TCTCCTGTTC CGACCCTGCC

[5562] 301 GCTTACCGGA TACCTGTCCG CCTTTCTCCC TTCGGGAAGC GTGGCGCTTT CTCATAGCTC

[5563] 361 ACGCTGTAGG TATCTCAGTT CGGTGTAGGT CGTTCGCTCC AAGCTGGGCT GTGTGCACGA

[5564] 421 ACCCCCCGTT CAGCCCGACC GCTGCGCCTT ATCCGGTAAC TATCGTCTTG AGTCCAACCC

[5565] 481 GGTAAGACAC GACTTATCGC CACTGGCAGC AGCCACTGGT AACAGGATTA GCAGAGCGAG

[5566] 541 GTATGTAGGC GGTGCTACAG AGTTCTTGAA GTGGTGGCCT AACTACGGCT ACACTAGAAG

[5567] 601 AACAGTATTT GGTATCTGCG CTCTGCTGAA GCCAGTTACC TTCGGAAAAA GAGTTGGTAG

[5568] 661 CTCTTGATCC GGCAAACAAA CCACCGCTGG TAGCGGTGGT TTTTTTGTTT GCAAGCAGCA

[5569] 721 GATTACGCGC AGAAAAAAAG GATCTCAAGA AGATCCTTTG ATCTTTTCTA CGGGGTCTGA

[5570] 781 CGCTCAGTGG AACGAAAACT CACGTTAAGG GATTTTGGTC ATGAGGTGAG GCACCTATCT

[5571] 841 CAGCGATCTG TCTATTTCGT TCATCCATAG TTGCCTGACT CCCCGTCGTT GCTAGGTTAC

[5572] 901 TGTCATGAGC GGATACATAT TTGAATGTAT TTAGAAAAAT AAACAAAAGA GTTTGTAGAA

[5573] 961 ACGCAAAAAG GCCATCCGTC AGGATGGCCT TCTGCTTAAT TTGATCGGTG GCAGTTTATG

[5574] 1021 GCGGGCGTCC TGCCCGCCAC CCTCCGGGCC GTTGCTTCGC AACGTTCAAA TCCGCTCCCG

[5575] 1081 GCGGATTTGT CCTACTCAGG AGAGCGTTCA CCGACAAACA ACAGATAAAA CGAAAGGCCC

[5576] 1141 AGTCTTTCGA CTGAGCCTTT CGTTTTATTT GATGCCTGGC AGTTCCCTAC TCTCGCATGG

[5577] 1201 GTTGCGGCCG CCCGGGCCGT CGACCAATTC TCATGTTTGA CAGCTTATCA TCGAATTTCT

[5578] 1261 GCCATTCATC CGCTTATTAT CACTTATTCA GGCGTAGCAA CCAGGCGTTT AAGGGCACCA

[5579] 1321 ATAACTGCCT TAAAAAAATT ACGCCCCGCC CTGCCACTCA TCGCAGTACT GTTGTAATTC

[5580] 1381 ATTAAGCATT CTGCCGACAT GGAAGCCATC ACAAACGGCA TGATGAACCT GAATCGCCAG

[5581] 1441 CGGCATCAGC ACCTTGTCGC CTTGCGTATA ATATTTGCCC ATGGTGAAAA CGGGGGCGAA

[5582] 1501 GAAGTTGTCC ATATTGGCCA CGTTTAAATC AAAACTGGTG AAACTCACCC AGGGATTGGC

[5583] 1561 TGAGACGAAA AACATATTCT CAATAAACCC TTTAGGGAAA TAGGCCAGGT TTTCACCGTA

[5584] 1621 ACACGCCACA TCTTGCGAAT ATATGTGTAG AAACTGCCGG AAATCGTCGT GGTATTCACT

[5585] 1681 CCAGAGCGAT GAAAACGTTT CAGTTTGCTC ATGGAAAACG GTGTAACAAG GGTGAACACT

[5586] 1741 ATCCCATATC ACCAGCTCAC CGTCTTTCAT TGCCATACGA AATTCCGGAT GAGCATTCAT

[5587] 1801 CAGGCGGGCA AGAATGTGAA TAAAGGCCGG ATAAAACTTG TGCTTATTTT TCTTTACGGT

[5588] 1861 CTTTAAAAAG GCCGTAATAT CCAGCTGAAC GGTCTGGTTA TAGGTACATT GAGCAACTGA

[5589] 1921 CTGAAATGCC TCAAAATGTT CTTTACGATG CCATTGGGAT ATATCAACGG TGGTATATCC

[5590] 1981 AGTGATTTTT TTCTCCATTT TAGCTTCCTT AGCTCCTGAA AATCTCGATA ACTCAAAAAA

[5591] 2041 TACGCCCGGT AGTGATCTTA TTTCATTATG GTGAAAGTTG GAACCTCTTA CGTGCCGATC

[5592] 2101 AACGTCTCAT TTTCGCCAAA AGTGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT CACGAGGCCA

[5593] 2161 GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG AACAAGAGTC

[5594] 2221 CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT CAGGGCGATG

[5595] 2281 GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC CGTAAAGCAC

[5596] 2341 TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG CCGGCGAACG

[5597] 2401 TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG AAAGCGAAAG GAGCGGGCGC TAAGGCGCTGGCAAGTGTAG

[5598] 2461 CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA CAGGGCGCGT

[5599] 2521 ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA

[5600] 2581 CATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG GAGAGGACTT

[5601] 2641 TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC CTAGGGGACA TTGATTATTG ACTAGTTATT

[5602] 2701 AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC ATAGCCCATA TATGGAGTTC CGCGTTACAT

[5603] 2761 AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC CGCCCAACGA CCCCCGCCCA TTGACGTCAA

[5604] 2821 TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA TAGGGACTTT CCATTGACGT CAATGGGTGG

[5605] 2881 AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG TACATCAAGT GTATCATATG CCAAGTACGC

[5606] 2941 CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC CCGCCTGGCA TTATGCCCAG TACATGACCT

[5607] 3001 TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT ACGTATTAGT CATCGCTATT ACCATGGTGA

[5608] 3061 TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG GATAGCGGTT TGACTCACGG GGATTTCCAA

[5609] 3121 GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT TGTTTTGGCA CCAAAATCAA CGGGACTTTC

[5610] 3181 CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA CGCAAATGGG CGGTAGGCGT GTACGGTGGG

[5611] 3241 AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA

[5612] 3301 GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT

[5613] 3361 TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC

[5614] 3421 AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT AGCAGTGGCG CCCGAACAGG GACTTGAAAG

[5615] 3481 CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC GCAGGACTCG GCTTGCTGAA GCGCGCACGG

[5616] 3541 CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA CGCCAAAAAT TTTGACTAGC GGAGGCTAGA

[5617] 3601 AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA TTAAGCGGGG GAGAATTAGA TAAATGGGAA

[5618] 3661 AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA CAATATAAAC TAAAACATAT AGTTAGGGCA

[5619] 3721 AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT CCTGGCCTTT TAGAGACATC AGAAGGCTGT

[5620] 3781 AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC CTTCAGACAG GATCAGAAGA ACTTAGATCA

[5621] 3841 TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT GTGCATCAAA GGATAGATGT AAAAGACACC

[5622] 3901 AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG CAAAACAAAA GTAAGAAAAAGGCACAGCAA

[5623] 3961 GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG CGATATGAGG GACAATTGGA GAAGTGAATT

[5624] 4021 ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC ATTAGGAGTA GCACCCACCA AGGCAAAGAG

[5625] 4081 AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT GGGAATAGGA GCTTTGTTCC TTGGGTTCTT

[5626] 4141 GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC GTCAATGACG CTGACGGTAC AGGCCAGACA

[5627] 4201 ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA CAATTTGCTG AGGGCTATTG AGGCGCAACA

[5628] 4261 GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT CAAACAGCTC CAGGCAAGAA TCCTGGCTGT

[5629] 4321 GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT GGGGATTTGG GGTTGCTCTG GAAAACTCAT

[5630] 4381 TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG TTGGAGTAAT AAATCTCTGG AACAGATTTG

[5631] 4441 GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG AGAAATTAAC AATTACACAA GCTTAATACA

[5632] 4501 CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA AGAAAAGAAT GAACAAGAAT TATTGGAATT

[5633] 4561 AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT TAACATAACA AATTGGCTGT GGTATATAAA

[5634] 4621 ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG CTGTACTTTC

[5635] 4681 TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC ACCATTATCG TTTCAGACCC ACCTCCCAAT

[5636] 4741 CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT ATTCATCCAC AATTTTAAAA GAAAAGGGGG

[5637] 4801 GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT AGTAGACATA ATAGCAACAG ACATACAAAC

[5638] 4861 TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT TCAAAATTTT CGGGTTTATT ACAGGGACAG

[5639] 4921 CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC

[5640] 4981 ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG

[5641] 5041 AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC

[5642] 5101 GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC

[5643] 5161 GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT

[5644] 5221 ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT

[5645] 5281 TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG

[5646] 5341 AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG

[5647] 5401 AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA

[5648] 5461 TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA

[5649] 5521 AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC

[5650] 5581 CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG

[5651] 5641 GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC

[5652] 5701 GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT

[5653] 5761 TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG

[5654] 5821 TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC

[5655] 5881 CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC

[5656] 5941 GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA

[5657] 6001 GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA

[5658] 6061 GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT

[5659] 6121 TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCTCTAGAG CCGCCACCAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC

[5660] 6181 TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT TCCTCCTGAT CCCAGACATC CAGATGACAC

[5661] 6241 AGACTACATC CTCCCTGTCT GCCTCTCTGG GAGACAGAGT CACCATCAGT TGCAGGGCAA

[5662] 6301 GTCAGGACAT TAGTAAATAT TTAAATTGGT ATCAGCAGAA ACCAGATGGA ACTGTTAAAC

[5663] 6361 TCCTGATCTA CCATACATCA AGATTACACT CAGGAGTCCC ATCAAGGTTC AGTGGCAGTG

[5664] 6421 GGTCTGGAAC AGATTATTCT CTCACCATTA GCAACCTGGA GCAAGAAGAT ATTGCCACTT

[5665] 6481 ACTTTTGCCA ACAGGGTAAT ACGCTTCCGT ACACGTTCGG AGGGGGGACT AAGTTGGAAA

[5666] 6541 TAACAGGCTC CACCTCTGGA TCCGGCAAGC CCGGATCTGG CGAGGGATCC ACCAAGGGCG

[5667] 6601 AGGTGAAACT GCAGGAGTCA GGACCTGGCC TGGTGGCGCC CTCACAGAGC CTGTCCGTCA

[5668] 6661 CATGCACTGT CTCAGGGGTC TCATTACCCG ACTATGGTGT AAGCTGGATT CGCCAGCCTC

[5669] 6721 CACGAAAGGG TCTGGAGTGG CTGGGAGTAA TATGGGGTAG TGAAACCACA TACTATAATT

[5670] 6781 CAGCTCTCAA ATCCAGACTG ACCATCATCA AGGACAACTC CAAGAGCCAA GTTTTCTTAA

[5671] 6841 AAATGAACAG TCTGCAAACT GATGACACAG CCATTTACTA CTGTGCCAAA CATTATTACT

[5672] 6901 ACGGTGGTAG CTATGCTATG GACTACTGGG GTCAAGGAAC CTCAGTCACC GTCTCCTCAG

[5673] 6961 CGGCCGCAGG TGGAGGAGGT TCTGGAGGTG GTGGATCAGG TGGTGGAGGA TCTTTAGAAA

[5674] 7021 GTCAGCCTCA TACCAAACCA TCCGTTTTTG TCATGAAAAA TGGAACAAAT GTCGCTTGTC

[5675] 7081 TGGTGAAGGA ATTCTACCCC AAGGATATAA GAATAAATCT CGTGTCATCC AAGAAGATAA

[5676] 7141 CAGAGTTTGA TCCTGCTATT GTCATCTCTC CCAGTGGGAA GTACAATGCT GTCAAGCTTG

[5677] 7201 GTAAATATGA AGATTCAAAT TCAGTGACAT GTTCAGTTCA ACACGACAAT AAAACTGTGC

[5678] 7261 ACTCCACTGA CTTTGAAGTG AAGACAGATT CTACAGATCA CGTAAAACCA AAGGAAACTG

[5679] 7321 AAAACACAAA GCAACCTTCA AAGAGCTGCC ATAAACCCAA AGCCATAGTT CATACCGAGA

[5680] 7381 AGGTGAACAT GATGTCCCTC ACAGTGCTTG GGCTACGAAT GCTGTTTGCA AAGACTGTTG

[5681] 7441 CCGTCAATTT TCTCTTGACT GCCAAGTTAT TTTTCTTGGG GTCAGGCGCT ACTAACTTCA

[5682] 7501 GCCTGCTGAA GCAGGCTGGA GACGTGGAGG AGAACCCTGG ACCTATGCTA CTACTTGTGA

[5683] 7561 CCTCACTATT GTTATGCGAA CTCCCTCATC CCGCATTCTT GCTGATTCCA GACATTCAGA

[5684] 7621 TGACTCAAAC AACTTCCAGC CTCTCCGCCT CACTCGGCGA CCGCGTAACA ATAAGCTGTC

[5685] 7681 GGGCCTCGCA AGATATTAGT AAGTACCTGA ATTGGTATCA GCAAAAACCC GATGGTACAG

[5686] 7741 TCAAGCTTCT GATCTACCAT ACCAGTCGTC TGCACAGCGG TGTCCCCAGC AGGTTCAGCG

[5687] 7801 GCTCAGGATC TGGTACCGAT TATTCACTGA CGATTTCCAA CCTTGAGCAa GAGGACATCG

[5688] 7861 CCACCTACTT CTGCCAGCAG GGTAATACTC TGCCGTACAC ATTCGGGGGC GGTACCAAGC

[5689] 7921 TCGAGATCAC GGGTTCAACA AGCGGTTCTG GCAAGCCAGG CAGCGGCGAG GGGAGTACAA

[5690] 7981 AGGGGGAGGT GAAGTTGCAG GAAAGTGGCC CTGGATTGGT GGCCCCGAGC CAGAGTCTGT

[5691] 8041 CTGTCACCTG CACAGTTTCC GGAGTAAGTC TGCCTGATTA CGGAGTGTCC TGGATCAGAC

[5692] 8101 AGCCACCTCG AAAGGGCTTG GAGTGGCTTG GGGTCATTTG GGGCAGTGAA ACCACATACT

[5693] 8161 ACAACAGCGC TCTTAAGTCC AGGCTCACTA TCATCAAGGA CAATTCAAAG AGCCAAGTAT

[5694] 8221 TCTTGAAAAT GAATTCCCTG CAGACTGATG ACACCGCTAT TTATTATTGC GCTAAACATT

[5695] 8281 ATTACTATGG AGGTTCTTAT GCCATGGACT ACTGGGGGCA GGGTACCTCT GTGACAGTGA

[5696] 8341 GTTCAGCTGC AGCTGGAGGT GGAGGTAGCG GAGGCGGTGG TAGTGGAGGG GGTGGTTCTC

[5697] 8401 TGGAAGATAA ACAACTTGAT GCAGATGTTT CCCCCAAGCC CACTATTTTT CTTCCTTCAA

[5698] 8461 TTGCTGAAAC AAAGCTCCAG AAGGCTGGAA CATACCTTTG TCTTCTTGAG AAATTTTTCC

[5699] 8521 CTGATGTTAT TAAGATACAT TGGCAAGAAA AGAAGAGCAA CACGATTCTG GGATCCCAGG

[5700] 8581 AGGGGAACAC CATGAAGACT AACGACACAT ACATGAAATT TAGCTGGTTA ACGGTGCCAG

[5701] 8641 AAAAGTCACT GGACAAAGAA CACAGATGTA TCGTCAGACA TGAGAATAAT AAAAACGGAG

[5702] 8701 TTGATCAAGA AATTATCTTT CCTCCAATAA AGACAGATGT CATCACAATG GATCCCAAAG

[5703] 8761 ACAATTGTTC AAAAGATGCA AATGATACAC TACTGCTGCA GCTCACAAAC ACCTCTGCAT

[5704] 8821 ATTACATGTA CCTCCTCCTG CTCCTCAAGA GTGTGGTCTA TTTTGCCATC ATCACCTGCT

[5705] 8881 GTCTGCTTAG AAGAACGGCT TTCTGCTGCA ATGGAGAGAA ATCATAATGA GATATCGAGC

[5706] 8941 ATCTTACCGC CATTTATACC CATATTTGTT CTGTTTTTCT TGATTTGGGT ATACATTTAA

[5707] 9001 ATGTTAATAA AACAAAATGG TGGGGCAATC ATTTACATTT TTAGGGATAT GTAATTACTA

[5708] 9061 GTTCAGGTGT ATTGCCACAA GACAAACATG TTAAGAAACT TTCCCGTTAT TTACGCTCTG

[5709] 9121 TTCCTGTTAA TCAACCTCTG GATTACAAAA TTTGTGAAAG ATTGACTGAT ATTCTTAACT

[5710] 9181 ATGTTGCTCC TTTTACGCTG TGTGGATATG CTGCTTTATA GCCTCTGTAT CTAGCTATTG

[5711] 9241 CTTCCCGTAC GGCTTTCGTT TTCTCCTCCT TGTATAAATC CTGGTTGCTG TCTCTTTTAG

[5712] 9301 AGGAGTTGTG GCCCGTTGTC CGTCAACGTG GCGTGGTGTG CTCTGTGTTT GCTGACGCAA

[5713] 9361 CCCCCACTGG CTGGGGCATT GCCACCACCT GTCAACTCCT TTCTGGGACT TTCGCTTTCC

[5714] 9421 CCCTCCCGAT CGCCACGGCA GAACTCATCG CCGCCTGCCT TGCCCGCTGC TGGACAGGGG

[5715] 9481 CTAGGTTGCT GGGCACTGAT AATTCCGTGG TGTTGTCAGT ACTGGTACCT TTAAGACCAA

[5716] 9541 TGACTTACAA GGCAGCTGTA GATCTTAGCC ACTTTTTAAA AGAAAAGGGG GGACTGGAAG

[5717] 9601 GGCTAATTCA CTCCCAAAGA AGACAAGATC TGCTTTTTGC CTGTACTGGG TCTCTCTGGT

[5718] 9661 TAGACCAGAT CTGAGCCTGG GAGCTCTCTG GCTAACTAGG GAACCCACTG CTTAAGCCTC

[5719] 9721 AATAAAGCTT GCCTTGAGTG CTTCAAGTAG TGTGTGCCCG TCTGTTGTGT GACTCTGGTA

[5720] 9781 ACTAGAGATC CCTCAGACCC TTTTAGTCAG TGTGGAAAAT CTCTAGCATG ATCATAATCA

[5721] 9841 AGCCATATCA CATCTGTAGA GGTTTACTTG CTTTAAAAAA CCTCCACACC TCCCCCTGAA

[5722] 9901 CCTGAAACAT AAAATGAATG CAATTGTTGT TGTTAACTTG TTTATTGCAG CTTATAATGG

[5723] 9961 TTACAAATAA AGCAATAGCA TCACAAATTT CACAAATAAA GCATTTTTTT CACTGCATTC

[5724] 10021 TAGTTGTGGT TTGTCCAAAC TCATCAATGT ATCTTATCAT GTCTGGATCT GCGTCGACAC

[5725] 10081 GAAGAGACGA CTGACTGACT GACTGGAAAG AGGAAGGGCT GGAAGAGGAAGGAGCTTGAT

[5726] 10141 CCAGATCCCG ATCTCGATCC AGATCCGGAT CGCAGCTTGG TCTTCCGCTT CCTCGCTCAC

[5727] 10201 TGA

[5728] pLRPC m971 TRDC T2AW m971op TRGC1 (서열 식별 번호:190)

[5729] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[5730] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[5731] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[5732] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[5733] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[5734] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGCGTAATCA

[5735] 361 TGGTCATAGC TGTTTCCTGT GTGAAATTGT TATCCGCTCA CAATTCCACA CAACATACGA

[5736] 421 GCCGGAAGCA TAAAGTGTAA AGCCTGGGGT GCCTAATGAG TGAGCTAACT CACATTAATT

[5737] 481 GCGTTGCGCT CACTGCCCGC TTTCCAGTCG GGAAACCTGT CGTGCCAGCT GCATTAATGA

[5738] 541 ATCGGCCAAC GCGCGGGGAG AGGCGGTTTG CGTATTGGGC GCTCTTCCGC TTCCTCGCTC

[5739] 601 ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA CTCAAAGGCG

[5740] 661 GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG AGCAAAAGGC

[5741] 721 CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA TAGGCTCCGC

[5742] 781 CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA CCCGACAGGA

[5743] 841 CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC TGTTCCGACC

[5744] 901 CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC GCTTTCTCAT

[5745] 961 AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT GGGCTGTGTG

[5746] 1021 CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG TCTTGAGTCC

[5747] 1081 AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG GATTAGCAGA

[5748] 1141 GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA CGGCTACACT

[5749] 1201 AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG AAAAAGAGTT

[5750] 1261 GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT TGTTTGCAAG

[5751] 1321 CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT TTCTACGGGG

[5752] 1381 TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG ATTATCAAAA

[5753] 1441 AGGATCTTCA CCTAGATCCT TTTAAATTAA AAATGAAGTT TTAAATCAAT CTAAAGTATA

[5754] 1501 TATGAGTAAA CTTGGTCTGA CAGTTACCAA TGCTTAATCA GTGAGGCACC TATCTCAGCG

[5755] 1561 ATCTGTCTAT TTCGTTCATC CATAGTTGCC TGACTCCCCG TCGTTGCTAG GTTACTGTCA

[5756] 1621 TGAGCGGATA CATATTTGAA TGTATTTAGA AAAATAAACA AAAGAGTTTG TAGAAACGCA

[5757] 1681 AAAAGGCCAT CCGTCAGGAT GGCCTTCTGC TTAATTTGAT CGGTGGCAGT TTATGGCGGG

[5758] 1741 CGTCCTGCCC GCCACCCTCC GGGCCGTTGC TTCGCAACGT TCAAATCCGC TCCCGGCGGA

[5759] 1801 TTTGTCCTAC TCAGGAGAGC GTTCACCGAC AAACAACAGA TAAAACGAAA GGCCCAGTCT

[5760] 1861 TTCGACTGAG CCTTTCGTTT TATTTGATGC CTGGCAGTTC CCTACTCTCG CATGGGTTGC

[5761] 1921 GGCCGCCCGG GCCGTCGACC AATTCTCATG TTTGACAGCT TATCATCGAA TTTCTGCCAT

[5762] 1981 TCATCCGCTT ATTATCACTT ATTCAGGCGT AGCAACCAGG CGTTTAAGGG CACCAATAAC

[5763] 2041 TGCCTTAAAA AAATTACGCC CCGCCCTGCC ACTCATCGCA GTACTGTTGT AATTCATTAA

[5764] 2101 GCATTCTGCC GACATGGAAG CCATCACAAA CGGCATGATG AACCTGAATC GCCAGCGGCA

[5765] 2161 TCAGCACCTT GTCGCCTTGC GTATAATATT TGCCCATGGT GAAAACGGGG GCGAAGAAGT

[5766] 2221 TGTCCATATT GGCCACGTTT AAATCAAAAC TGGTGAAACT CACCCAGGGA TTGGCTGAGA

[5767] 2281 CGAAAAACAT ATTCTCAATA AACCCTTTAG GGAAATAGGC CAGGTTTTCA CCGTAACACG

[5768] 2341 CCACATCTTG CGAATATATG TGTAGAAACT GCCGGAAATC GTCGTGGTAT TCACTCCAGA

[5769] 2401 GCGATGAAAA CGTTTCAGTT TGCTCATGGA AAACGGTGTA ACAAGGGTGA ACACTATCCC

[5770] 2461 ATATCACCAG CTCACCGTCT TTCATTGCCA TACGAAATTC CGGATGAGCA TTCATCAGGC

[5771] 2521 GGGCAAGAAT GTGAATAAAG GCCGGATAAA ACTTGTGCTT ATTTTTCTTT ACGGTCTTTA

[5772] 2581 AAAAGGCCGT AATATCCAGC TGAACGGTCT GGTTATAGGT ACATTGAGCA ACTGACTGAA

[5773] 2641 ATGCCTCAAA ATGTTCTTTA CGATGCCATT GGGATATATC AACGGTGGTA TATCCAGTGA

[5774] 2701 TTTTTTTCTC CATTTTAGCT TCCTTAGCTC CTGAAAATCT CGATAACTCA AAAAATACGC

[5775] 2761 CCGGTAGTGA TCTTATTTCA TTATGGTGAA AGTTGGAACC TCTTACGTGC CGATCAACGT

[5776] 2821 CTCATTTTCG CCAAAAGTGA CATTAACCTA TAAAAATAGG CGTATCACGA GGCCAGCTTG

[5777] 2881 GGAAACCATA AGACCGAGAT AGAGTTGAGT GTTGTTCCAG TTTGGAACAA GAGTCCACTA

[5778] 2941 TTAAAGAACG TGGACTCCAA CGTCAAAGGG CGAAAAACCG TCTATCAGGG CGATGGCCCA

[5779] 3001 CTACGTGAAC CATCACCCAA ATCAAGTTTT TTGGGGTCGA GGTGCCGTAA AGCACTAAAT

[5780] 3061 CGGAACCCTA AAGGGAGCCC CCGATTTAGA GCTTGACGGG GAAAGCCGGC GAACGTGGCG

[5781] 3121 AGAAAGGAAG GGAAGAAAGC GAAAGGAGCG GGCGCTAAGG CGCTGGCAAGTGTAGCGGTC

[5782] 3181 ACGCTGCGCG TAACCACCAC ACCCGCCGCG CTTAATGCGC CGCTACAGGG CGCGTACTAT

[5783] 3241 GGTTGCTTTG ACGTATGCGG TGTGAAATAC CGCACAGATG CGTAAGGAGA AAATACCGCA

[5784] 3301 TCAGGCGCCA TTCGCCATTC AGGCTGCGCA ACTGTTGGGA AGGGCGATCG GTGCGGGCCT

[5785] 3361 CTTCGCTATT ACGCCAGCTG GCGAAAGGGG GATGTGCTGC AAGGCGATTA AGTTGGGTAA

[5786] 3421 CGCCAGGGTT TTCCCAGTCA CGACGTTGTA AAACGACGGC CAGTGAATTG ATCGAGATCG

[5787] 3481 TGATCCGGAT CAAGATCCAG ATCGAATTGG AGGCTACAGT CAGTGGAGAG GACTTTCACT

[5788] 3541 GACTGACTGA CTGCGTCTCA ACCTCCTAGG GGACATTGAT TATTGACTAG TTATTAATAG

[5789] 3601 TAATCAATTA CGGGGTCATT AGTTCATAGC CCATATATGG AGTTCCGCGT TACATAACTT

[5790] 3661 ACGGTAAATG GCCCGCCTGG CTGACCGCCC AACGACCCCC GCCCATTGAC GTCAATAATG

[5791] 3721 ACGTATGTTC CCATAGTAAC GCCAATAGGG ACTTTCCATT GACGTCAATG GGTGGAGTAT

[5792] 3781 TTACGGTAAA CTGCCCACTT GGCAGTACAT CAAGTGTATC ATATGCCAAG TACGCCCCCT

[5793] 3841 ATTGACGTCA ATGACGGTAA ATGGCCCGCC TGGCATTATG CCCAGTACAT GACCTTATGG

[5794] 3901 GACTTTCCTA CTTGGCAGTA CATCTACGTA TTAGTCATCG CTATTACCAT GGTGATGCGG

[5795] 3961 TTTTGGCAGT ACATCAATGG GCGTGGATAG CGGTTTGACT CACGGGGATT TCCAAGTCTC

[5796] 4021 CACCCCATTG ACGTCAATGG GAGTTTGTTT TGGCACCAAA ATCAACGGGA CTTTCCAAAA

[5797] 4081 TGTCGTAACA ACTCCGCCCC ATTGACGCAA ATGGGCGGTA GGCGTGTACG GTGGGAGGTC

[5798] 4141 TATATAAGCA GAGCTCGTTT AGTGAACCGG GTCTCTCTGG TTAGACCAGA TCTGAGCCTG

[5799] 4201 GGAGCTCTCT GGCTAACTAG GGAACCCACT GCTTAAGCCT CAATAAAGCT TGCCTTGAGT

[5800] 4261 GCTCAAAGTA GTGTGTGCCC GTCTGTTGTG TGACTCTGGT AACTAGAGAT CCCTCAGACC

[5801] 4321 CTTTTAGTCA GTGTGGAAAA TCTCTAGCAG TGGCGCCCGA ACAGGGACTT GAAAGCGAAA

[5802] 4381 GTAAAGCCAG AGGAGATCTC TCGACGCAGG ACTCGGCTTG CTGAAGCGCG CACGGCAAGA

[5803] 4441 GGCGAGGGGC GGCGACTGGT GAGTACGCCA AAAATTTTGA CTAGCGGAGG CTAGAAGGAG

[5804] 4501 AGAGTAGGGT GCGAGAGCGT CGGTATTAAG CGGGGGAGAA TTAGATAAAT GGGAAAAAAT

[5805] 4561 TCGGTTAAGG CCAGGGGGAA AGAAACAATA TAAACTAAAA CATATAGTTA GGGCAAGCAG

[5806] 4621 GGAGCTAGAA CGATTCGCAG TTAATCCTGG CCTTTTAGAG ACATCAGAAG GCTGTAGACA

[5807] 4681 AATACTGGGA CAGCTACAAC CATCCCTTCA GACAGGATCA GAAGAACTTA GATCATTATA

[5808] 4741 TAATACAATA GCAGTCCTCT ATTGTGTGCA TCAAAGGATA GATGTAAAAG ACACCAAGGA

[5809] 4801 AGCCTTAGAT AAGATAGAGG AAGAGCAAAA CAAAAGTAAG AAAAAGGCACAGCAAGCGAT

[5810] 4861 CTTCAGACCT GGAGGAGGCA GGAGGCGATA TGAGGGACAA TTGGAGAAGT GAATTATATA

[5811] 4921 AATATAAAGT AGTAAAAATT GAACCATTAG GAGTAGCACC CACCAAGGCA AAGAGAAGAG

[5812] 4981 TGGTGCAGAG AGAAAAAAGA GCAGTGGGAA TAGGAGCTTT GTTCCTTGGG TTCTTGGGAG

[5813] 5041 CAGCAGGAAG CACTATGGGC GCAGCGTCAA TGACGCTGAC GGTACAGGCC AGACAATTAT

[5814] 5101 TGTCTGATAT AGTGCAGCAG CAGAACAATT TGCTGAGGGC TATTGAGGCG CAACAGCATC

[5815] 5161 TGTTGCAACT CACAGTCTGG GGCATCAAAC AGCTCCAGGC AAGAATCCTG GCTGTGGAAA

[5816] 5221 GATACCTAAA GGATCAACAG CTCCTGGGGA TTTGGGGTTG CTCTGGAAAA CTCATTTGCA

[5817] 5281 CCACTGCTGT GCCTTGGAAT GCTAGTTGGA GTAATAAATC TCTGGAACAG ATTTGGAATA

[5818] 5341 ACATGACCTG GATGGAGTGG GACAGAGAAA TTAACAATTA CACAAGCTTA ATACACTCCT

[5819] 5401 TAATTGAAGA ATCGCAAAAC CAGCAAGAAA AGAATGAACA AGAATTATTG GAATTAGATA

[5820] 5461 AATGGGCAAG TTTGTGGAAT TGGTTTAACA TAACAAATTG GCTGTGGTAT ATAAAATTAT

[5821] 5521 TCATAATGAT AGTAGGAGGC TTGGTAGGTT TAAGAATAGT TTTTGCTGTA CTTTCTATAG

[5822] 5581 TGAATAGAGT TAGGCAGGGA TATTCACCAT TATCGTTTCA GACCCACCTC CCAATCCCGA

[5823] 5641 GGGGACCACG CGTACAAATG GCAGTATTCA TCCACAATTT TAAAAGAAAA GGGGGGATTG

[5824] 5701 GGGGGTACAG TGCAGGGGAA AGAATAGTAG ACATAATAGC AACAGACATA CAAACTAAAG

[5825] 5761 AATTACAAAA ACAAATTACA AAAATTCAAA ATTTTCGGGT TTATTACAGG GACAGCAGAA

[5826] 5821 ATCCACTTTG GAAAGCTGAG CATCCGGCTC CGGTGCCCGT CAGTGGGCAG AGCGCACATC

[5827] 5881 GCCCACAGTC CCCGAGAAGT TGGGGGGAGG GGTCGGCAAT TGAACCGGTG CCTAGAGAAG

[5828] 5941 GTGGCGCGGG GTAAACTGGG AAAGTGATGT CGTGTACTGG CTCCGCCTTT TTCCCGAGGG

[5829] 6001 TGGGGGAGAA CCGTATATAA GTGCAGTAGT CGCCGTGAAC GTTCTTTTTC GCAACGGGTT

[5830] 6061 TGCCGCCAGA ACACAGGTAA GTGCCGTGTG TGGTTCCCGC GGGCCTGGCC TCTTTACGGG

[5831] 6121 TTATGGCCCT TGCGTGCCTT GAATTACTTC CACGCCCCTG GCTGCAGTAC GTGATTCTTG

[5832] 6181 ATCCCGAGCT TCGGGTTGGA AGTGGGTGGG AGAGTTCGAG GCCTTGCGCT TAAGGAGCCC

[5833] 6241 CTTCGCCTCG TGCTTGAGTT GAGGCCTGGC CTGGGCGCTG GGGCCGCCGC GTGCGAATCT

[5834] 6301 GGTGGCACCT TCGCGCCTGT CTCGCTGCTT TCGATAAGTC TCTAGCCATT TAAAATTTTT

[5835] 6361 GATGACCTGC TGCGACGCTT TTTTTCTGGC AAGATAGTCT TGTAAATGCG GGCCAAGATC

[5836] 6421 TGCACACTGG TATTTCGGTT TTTGGGGCCG CGGGCGGCGA CGGGGCCCGT GCGTCCCAGC

[5837] 6481 GCACATGTTC GGCGAGGCGG GGCCTGCGAG CGCGGCCACC GAGAATCGGA CGGGGGTAGT

[5838] 6541 CTCAAGCTGG CCGGCCTGCT CTGGTGCCTG GCCTCGCGCC GCCGTGTATC GCCCCGCCCT

[5839] 6601 GGGCGGCAAG GCTGGCCCGG TCGGCACCAG TTGCGTGAGC GGAAAGATGG CCGCTTCCCG

[5840] 6661 GCCCTGCTGC AGGGAGCTCA AAATGGAGGA CGCGGCGCTC GGGAGAGCGG GCGGGTGAGT

[5841] 6721 CACCCACACA AAGGAAAAGG GCCTTTCCGT CCTCAGCCGT CGCTTCATGT GACTCCACGG

[5842] 6781 AGTACCGGGC GCCGTCCAGG CACCTCGATT AGTTCTCGAG CTTTTGGAGT ACGTCGTCTT

[5843] 6841 TAGGTTGGGG GGAGGGGTTT TATGCGATGG AGTTTCCCCA CACTGAGTGG GTGGAGACTG

[5844] 6901 AAGTTAGGCC AGCTTGGCAC TTGATGTAAT TCTCCTTGGA ATTTGCCCTT TTTGAGTTTG

[5845] 6961 GATCTTGGTT CATTCTCAAG CCTCAGACAG TGGTTCAAAG TTTTTTTCTT CCATTTCAGG

[5846] 7021 TGTCGTGAAA ACTACCCCTC TGAGCCGCCA CCATGCTTCT GCTTGTGACG TCCCTCCTGC

[5847] 7081 TTTGTGAACT CCCGCATCCT GCCTTCCTGC TCATCCCGCA GGTCCAACTT CAACAATCAG

[5848] 7141 GACCAGGGCT CGTGAAGCCG TCCCAAACGC TTAGTCTCAC ATGCGCCATT AGTGGGGACT

[5849] 7201 CCGTGAGTTC AAATTCCGCC GCCTGGAATT GGATTAGGCA AAGTCCATCT AGGGGTCTTG

[5850] 7261 AGTGGCTCGG CCGCACTTAC TACAGATCCA AGTGGTATAA CGACTACGCA GTATCCGTAA

[5851] 7321 AATCAAGAAT AACAATTAAT CCAGATACTT CTAAGAACCA ATTTAGTCTT CAACTGAACA

[5852] 7381 GCGTGACCCC GGAGGATACA GCGGTGTATT ATTGTGCGCG AGAAGTTACC GGGGATCTGG

[5853] 7441 AGGATGCTTT TGATATCTGG GGCCAAGGAA CAATGGTAAC CGTTAGTTCA GGAGGAGGGG

[5854] 7501 GAAGTGATAT ACAAATGACA CAGAGCCCTA GTTCCCTTAG TGCCTCAGTT GGGGATAGGG

[5855] 7561 TAACAATCAC TTGCCGAGCA TCACAGACGA TATGGTCCTA TCTCAACTGG TATCAACAAC

[5856] 7621 GCCCTGGCAA GGCACCCAAC CTGCTGATCT ACGCCGCTAG TAGTTTGCAA AGTGGGGTAC

[5857] 7681 CTAGTAGATT CTCCGGCAGA GGTTCTGGCA CTGACTTTAC CTTGACAATC AGCAGCCTCC

[5858] 7741 AAGCAGAAGA CTTCGCGACA TACTACTGTC AGCAAAGTTA CTCTATACCT CAGACGTTCG

[5859] 7801 GTCAGGGGAC CAAGCTCGAG ATCAAGGCGG CCGCAGGTGG AGGAGGTTCT GGAGGTGGTG

[5860] 7861 GATCAGGTGG TGGAGGATCT TTAGAAAGTC AGCCTCATAC CAAACCATCC GTTTTTGTCA

[5861] 7921 TGAAAAATGG AACAAATGTC GCTTGTCTGG TGAAGGAATT CTACCCCAAG GATATAAGAA

[5862] 7981 TAAATCTCGT GTCATCCAAG AAGATAACAG AGTTTGATCC TGCTATTGTC ATCTCTCCCA

[5863] 8041 GTGGGAAGTA CAATGCTGTC AAGCTTGGTA AATATGAAGA TTCAAATTCA GTGACATGTT

[5864] 8101 CAGTTCAACA CGACAATAAA ACTGTGCACT CCACTGACTT TGAAGTGAAG ACAGATTCTA

[5865] 8161 CAGATCACGT AAAACCAAAG GAAACTGAAA ACACAAAGCA ACCTTCAAAG AGCTGCCATA

[5866] 8221 AACCCAAAGC CATAGTTCAT ACCGAGAAGG TGAACATGAT GTCCCTCACA GTGCTTGGGC

[5867] 8281 TACGAATGCT GTTTGCAAAG ACTGTTGCCG TCAATTTTCT CTTGACTGCC AAGTTATTTT

[5868] 8341 TCTTGGGGTC AGGCGAGGGC AGAGGAAGTC TGCTAACATG CGGTGACGTC GAGGAGAATC

[5869] 8401 CTGGACCTAT GCTTCTCCTG GTGACAAGCC TTCTGCTCTG TGAGTTACCA CACCCAGCAT

[5870] 8461 TCCTCCTGAT CCCACAGGTG CAGCTGCAGC AGAGCGGCCC CGGCCTGGTG AAGCCCAGCC

[5871] 8521 AGACCCTGAG CCTGACCTGC GCTATCAGCG GCGACAGCGT TAGCAGCAAC AGCGCTGCTT

[5872] 8581 GGAACTGGAT CAGACAGAGC CCCAGCAGAG GCCTGGAGTG GCTGGGCAGA ACCTACTATA

[5873] 8641 GAAGCAAATG GTACAACGAT TACGCCGTGA GCGTGAAGAG CAGGATCACC ATCAACCCCG

[5874] 8701 ACACCAGCAA GAATCAGTTC AGCCTGCAGC TCAATTCCGT CACCCCCGAG GACACCGCCG

[5875] 8761 TGTACTACTG CGCCAGAGAG GTGACCGGCG ACCTCGAGGA CGCCTTCGAC ATTTGGGGAC

[5876] 8821 AGGGCACCAT GGTTACCGTG TCTAGCGGTG GCGGAGGCAG CGACATCCAG ATGACCCAGT

[5877] 8881 CCCCCAGCAG CCTGAGCGCC AGCGTGGGCG ACAGAGTGAC CATCACCTGC AGAGCCAGCC

[5878] 8941 AGACCATCTG GAGCTACCTG AATTGGTACC AGCAGAGACC CGGAAAAGCC CCTAACCTCC

[5879] 9001 TCATTTACGC TGCCAGCAGC CTGCAGAGCG GCGTGCCCAG CAGGTTCAGC GGAAGAGGCA

[5880] 9061 GCGGAACCGA CTTCACCCTG ACCATTTCCT CTCTGCAGGC CGAGGACTTT GCCACCTATT

[5881] 9121 ACTGCCAGCA GAGCTACAGC ATCCCCCAGA CCTTTGGCCA GGGCACAAAA CTGGAGATTA

[5882] 9181 AGGCTGCAGC TGGAGGTGGA GGTAGCGGAG GCGGTGGTAG TGGAGGGGGT GGTTCTCTGG

[5883] 9241 AAGATAAACA ACTTGATGCA GATGTTTCCC CCAAGCCCAC TATTTTTCTT CCTTCAATTG

[5884] 9301 CTGAAACAAA GCTCCAGAAG GCTGGAACAT ACCTTTGTCT TCTTGAGAAA TTTTTCCCTG

[5885] 9361 ATGTTATTAA GATACATTGG CAAGAAAAGA AGAGCAACAC GATTCTGGGA TCCCAGGAGG

[5886] 9421 GGAACACCAT GAAGACTAAC GACACATACA TGAAATTTAG CTGGTTAACG GTGCCAGAAA

[5887] 9481 AGTCACTGGA CAAAGAACAC AGATGTATCG TCAGACATGA GAATAATAAA AACGGAGTTG

[5888] 9541 ATCAAGAAAT TATCTTTCCT CCAATAAAGA CAGATGTCAT CACAATGGAT CCCAAAGACA

[5889] 9601 ATTGTTCAAA AGATGCAAAT GATACACTAC TGCTGCAGCT CACAAACACC TCTGCATATT

[5890] 9661 ACATGTACCT CCTCCTGCTC CTCAAGAGTG TGGTCTATTT TGCCATCATC ACCTGCTGTC

[5891] 9721 TGCTTAGAAG AACGGCTTTC TGCTGCAATG GAGAGAAATC ATAATGAGAT ATCGAGCATC

[5892] 9781 TTACCGCCAT TTATACCCAT ATTTGTTCTG TTTTTCTTGA TTTGGGTATA CATTTAAATG

[5893] 9841 TTAATAAAAC AAAATGGTGG GGCAATCATT TACATTTTTA GGGATATGTA ATTACTAGTT

[5894] 9901 CAGGTGTATT GCCACAAGAC AAACATGTTA AGAAACTTTC CCGTTATTTA CGCTCTGTTC

[5895] 9961 CTGTTAATCA ACCTCTGGAT TACAAAATTT GTGAAAGATT GACTGATATT CTTAACTATG

[5896] 10021 TTGCTCCTTT TACGCTGTGT GGATATGCTG CTTTATAGCC TCTGTATCTA GCTATTGCTT

[5897] 10081 CCCGTACGGC TTTCGTTTTC TCCTCCTTGT ATAAATCCTG GTTGCTGTCT CTTTTAGAGG

[5898] 10141 AGTTGTGGCC CGTTGTCCGT CAACGTGGCG TGGTGTGCTC TGTGTTTGCT GACGCAACCC

[5899] 10201 CCACTGGCTG GGGCATTGCC ACCACCTGTC AACTCCTTTC TGGGACTTTC GCTTTCCCCC

[5900] 10261 TCCCGATCGC CACGGCAGAA CTCATCGCCG CCTGCCTTGC CCGCTGCTGG ACAGGGGCTA

[5901] 10321 GGTTGCTGGG CACTGATAAT TCCGTGGTGT TGTCAGTACT GGTACCTTTA AGACCAATGA

[5902] 10381 CTTACAAGGC AGCTGTAGAT CTTAGCCACT TTTTAAAAGA AAAGGGGGGA CTGGAAGGGC

[5903] 10441 TAATTCACTC CCAAAGAAGA CAAGATCTGC TTTTTGCCTG TACTGGGTCT CTCTGGTTAG

[5904] 10501 ACCAGATCTG AGCCTGGGAG CTCTCTGGCT AACTAGGGAA CCCACTGCTT AAGCCTCAAT

[5905] 10561 AAAGCTTGCC TTGAGTGCTT CAA

[5906] pLRPS TCR γ9G115 T2A δ2c15 (서열 식별 번호:191)

[5907] 1 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[5908] 61 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[5909] 121 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[5910] 181 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[5911] 241 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[5912] 301 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[5913] 361 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[5914] 421 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[5915] 481 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[5916] 541 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[5917] 601 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[5918] 661 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[5919] 721 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[5920] 781 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[5921] 841 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[5922] 901 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[5923] 961 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[5924] 1021 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[5925] 1081 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[5926] 1141 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCGGGATGC

[5927] 1201 TACTACTTGT GACCTCACTA TTGTTATGCG AACTCCCTCA TCCCGCATTC TTGCTGATTC

[5928] 1261 CAGCAGGACA CCTGGAGCAG CCTCAAATCT CTTCCACAAA GACTCTGTCT AAGACTGCTA

[5929] 1321 GACTTGAGTG CGTCGTTAGC GGGATCACCA TCTCCGCAAC CTCCGTATAC TGGTACCGCG

[5930] 1381 AACGGCCTGG AGAGGTGATT CAGTTTCTGG TAAGCATTTC TTACGATGGT ACCGTGCGTA

[5931] 1441 AAGAAAGCGG GATCCCTTCA GGCAAGTTCG AAGTTGACCG CATCCCCGAG ACGTCAACTA

[5932] 1501 GCACCCTCAC TATCCACAAC GTGGAGAAGC AGGACATCGC GACCTACTAT TGTGCCTTGT

[5933] 1561 GGGAAGCGCA GCAGGAGCTG GGAAAAAAGA TTAAGGTGTT CGGGCCAGGG ACAAAGTTGA

[5934] 1621 TTATTACCGA TAAGCAGCTC GATGCGGACG TGTCACCTAA ACCGACTATT TTCTTGCCAA

[5935] 1681 GTATAGCCGA GACAAAGCTT CAGAAGGCAG GGACTTACTT ATGCCTGCTG GAGAAGTTTT

[5936] 1741 TCCCTGACGT CATCAAGATT CACTGGGAAG AAAAGAAGAG CAACACTATC CTCGGATCCC

[5937] 1801 AGGAGGGGAA TACAATGAAG ACCAATGATA CCTATATGAA GTTTTCTTGG CTGACTGTGC

[5938] 1861 CCGAGAAGTC CCTTGATAAG GAACATAGAT GCATCGTGAG ACATGAGAAC AATAAAAACG

[5939] 1921 GGGTGGATCA GGAAATCATT TTCCCCCCCA TTAAGACCGA CGTTATCACC ATGGATCCAA

[5940] 1981 AGGATAATTG CTCTAAGGAC GCCAACGACA CTCTTCTGCT TCAGCTGACT AATACAAGCG

[5941] 2041 CTTACTATAT GTACCTGCTC CTGCTTCTGA AAAGCGTGGT GTACTTCGCA ATCATTACTT

[5942] 2101 GTTGCCTTCT GCGGAGAACT GCCTTCTGTT GTAACGGTGA AAAATCCGGG TCAGGCGAGG

[5943] 2161 GCAGAGGAAG TCTGCTAACA TGCGGTGACG TCGAGGAGAA TCCTGGACCT ATGCAGAGAA

[5944] 2221 TCAGCTCTCT GATCCACCTG AGCCTGTTCT GGGCAGGCGT GATGTCTGCC ATCGAGCTGG

[5945] 2281 TGCCTGAGCA CCAGACCGTT CCAGTGAGCA TCGGCGTGCC TGCCACCCTG AGATGCAGCA

[5946] 2341 TGAAGGGCGA GGCCATCGGC AACTATTACA TCAACTGGTA CAGAAAGACC CAGGGCAACA

[5947] 2401 CCATGACCTT CATCTACAGA GAGAAGGACA TCTACGGACC CGGCTTCAAG GACAACTTCC

[5948] 2461 AGGGGGACAT TGACATCGCC AAGAACCTGG CTGTGCTGAA GATCCTGGCC CCTAGCGAGA

[5949] 2521 GAGACGAGGG CAGCTACTAT TGCGCCTGCG ATGCACTGAA GAGAACCGAC ACCGATAAGC

[5950] 2581 TGATCTTCGG CAAGGGAACC AGAGTGACCG TTGAGCCCAG AAGCCAGCCT CACACCAAGC

[5951] 2641 CCAGCGTGTT CGTGATGAAG AACGGCACCA ACGTTGCCTG CCTGGTGAAG GAGTTCTACC

[5952] 2701 CTAAGGACAT CAGAATCAAC CTGGTGTCCA GCAAGAAGAT CACCGAGTTC GACCCAGCCA

[5953] 2761 TCGTGATCAG CCCAAGCGGA AAGTACAACG CCGTGAAACT GGGCAAGTAC GAGGACAGCA

[5954] 2821 ACTCTGTGAC TTGCAGCGTG CAGCACGACA ACAAGACCGT TCACTCCACC GACTTCGAGG

[5955] 2881 TGAAGACCGA CAGCACCGAT CACGTGAAGC CCAAGGAGAC CGAGAACACC AAACAGCCTA

[5956] 2941 GCAAGAGCTG CCACAAGCCC AAAGCCATCG TGCACACCGA GAAGGTGAAC ATGATGAGCC

[5957] 3001 TGACCGTGCT TGGACTCAGA ATGCTGTTCG CCAAGACCGT AGCCGTGAAC TTCCTGCTTA

[5958] 3061 CCGCCAAGCT GTTCTTCCTG TAGATATCGA GCATCTTACC GCCATTTATA CCCATATTTG

[5959] 3121 TTCTGTTTTT CTTGATTTGG GTATACATTT AAATGTTAAT AAAACAAAAT GGTGGGGCAA

[5960] 3181 TCATTTACAT TTTTAGGGAT ATGTAATTAC TAGTTCAGGT GTATTGCCAC AAGACAAACA

[5961] 3241 TGTTAAGAAA CTTTCCCGTT ATTTACGCTC TGTTCCTGTT AATCAACCTC TGGATTACAA

[5962] 3301 AATTTGTGAA AGATTGACTG ATATTCTTAA CTATGTTGCT CCTTTTACGC TGTGTGGATA

[5963] 3361 TGCTGCTTTA TAGCCTCTGT ATCTAGCTAT TGCTTCCCGT ACGGCTTTCG TTTTCTCCTC

[5964] 3421 CTTGTATAAA TCCTGGTTGC TGTCTCTTTT AGAGGAGTTG TGGCCCGTTG TCCGTCAACG

[5965] 3481 TGGCGTGGTG TGCTCTGTGT TTGCTGACGC AACCCCCACT GGCTGGGGCA TTGCCACCAC

[5966] 3541 CTGTCAACTC CTTTCTGGGA CTTTCGCTTT CCCCCTCCCG ATCGCCACGG CAGAACTCAT

[5967] 3601 CGCCGCCTGC CTTGCCCGCT GCTGGACAGG GGCTAGGTTG CTGGGCACTG ATAATTCCGT

[5968] 3661 GGTGTTGTCA GTACTGGTAC CTTTAAGACC AATGACTTAC AAGGCAGCTG TAGATCTTAG

[5969] 3721 CCACTTTTTA AAAGAAAAGG GGGGACTGGA AGGGCTAATT CACTCCCAAA GAAGACAAGA

[5970] 3781 TCTGCTTTTT GCCTGTACTG GGTCTCTCTG GTTAGACCAG ATCTGAGCCT GGGAGCTCTC

[5971] 3841 TGGCTAACTA GGGAACCCAC TGCTTAAGCC TCAATAAAGC TTGCCTTGAG TGCTTCAATG

[5972] 3901 ATCATAATCA AGCCATATCA CATCTGTAGA GGTTTACTTG CTTTAAAAAA CCTCCACACC

[5973] 3961 TCCCCCTGAA CCTGAAACAT AAAATGAATG CAATTGTTGT TGTTAACTTG TTTATTGCAG

[5974] 4021 CTTATAATGG TTACAAATAA AGCAATAGCA TCACAAATTT CACAAATAAA GCATTTTTTT

[5975] 4081 CACTGCATTC TAGTTGTGGT TTGTCCAAAC TCATCAATGT ATCTTATCAT GTCTGGATCT

[5976] 4141 GCGTCGACAC GAAGAGACGA CTGACTGACT GACTGGAAAG AGGAAGGGCT GGAAGAGGAA

[5977] 4201 GGAGCTTGAT CCAGATCCCG ATCTCGATCC AGATCCGGAT CGCAGCTTGG TCTTCCGCTT

[5978] 4261 CCTCGCTCAC TGACTCGCTG CGCTCGGTCG TTCGGCTGCG GCGAGCGGTA TCAGCTCACT

[5979] 4321 CAAAGGCGGT AATACGGTTA TCCACAGAAT CAGGGGATAA CGCAGGAAAG AACATGTGAG

[5980] 4381 CAAAAGGCCA GCAAAAGGCC AGGAACCGTA AAAAGGCCGC GTTGCTGGCG TTTTTCCATA

[5981] 4441 GGCTCCGCCC CCCTGACGAG CATCACAAAA ATCGACGCTC AAGTCAGAGG TGGCGAAACC

[5982] 4501 CGACAGGACT ATAAAGATAC CAGGCGTTTC CCCCTGGAAG CTCCCTCGTG CGCTCTCCTG

[5983] 4561 TTCCGACCCT GCCGCTTACC GGATACCTGT CCGCCTTTCT CCCTTCGGGA AGCGTGGCGC

[5984] 4621 TTTCTCATAG CTCACGCTGT AGGTATCTCA GTTCGGTGTA GGTCGTTCGC TCCAAGCTGG

[5985] 4681 GCTGTGTGCA CGAACCCCCC GTTCAGCCCG ACCGCTGCGC CTTATCCGGT AACTATCGTC

[5986] 4741 TTGAGTCCAA CCCGGTAAGA CACGACTTAT CGCCACTGGC AGCAGCCACT GGTAACAGGA

[5987] 4801 TTAGCAGAGC GAGGTATGTA GGCGGTGCTA CAGAGTTCTT GAAGTGGTGG CCTAACTACG

[5988] 4861 GCTACACTAG AAGAACAGTA TTTGGTATCT GCGCTCTGCT GAAGCCAGTT ACCTTCGGAA

[5989] 4921 AAAGAGTTGG TAGCTCTTGA TCCGGCAAAC AAACCACCGC TGGTAGCGGT GGTTTTTTTG

[5990] 4981 TTTGCAAGCA GCAGATTACG CGCAGAAAAA AAGGATCTCA AGAAGATCCT TTGATCTTTT

[5991] 5041 CTACGGGGTC TGACGCTCAG TGGAACGAAA ACTCACGTTA AGGGATTTTG GTCATGAGTT

[5992] 5101 AATTAACTTG CGCCGTCCCG TCAAGTCAGC GTAATGCTCT GCCAGTGTTA CAACCAATTA

[5993] 5161 ACCAATTCTG ATTAGAAAAA CTCATCGAGC ATCAAATGAA ACTGCAATTT ATTCACATCA

[5994] 5221 GGATTATCAA TACCATATTT TTGAAAAAGC CGTTTCTGTA ATGAAGGAGA AAACTCACCG

[5995] 5281 AGGCAGTTCC ATAGGATGGC AAGATCCTGG TATCGGTCTG CGATTCCGAC TCGTCCAACA

[5996] 5341 TCAATACAAC CTATTAATTT CCCCTCGTCA AAAATAAGGT TATCAAGTGA GAAATCACCA

[5997] 5401 TGAGTGACGA CTGAATCCGG TGAGAATGGC AAAAGTTTAT GCATTTCTTT CCAGACTTGT

[5998] 5461 TCAACAGGCC AGCCATTACG CTCGTCATCA AAATCACTCG CATCAACCAA ACCGTTATTC

[5999] 5521 ATTCGTGATT GCGCCTGAGC AAGACGAAAT ACGCGATCGC TGTTAAAAGG ACAATTACAA

[6000] 5581 ACAGGAATCG AATGCAACCG GCGCAGGAAC ACTGCCAGCG CATCAACAAT ATTTTCACCT

[6001] 5641 GAATCAGGAT ATTCTTCTAA TACCTGGAAT GCTGTTTTTC CGGGGATCGC AGTGGTGAGT

[6002] 5701 AACCATGCAT CATCAGGAGT ACGGATAAAA TGCTTGATGG TCGGAAGAGG CATAAATTCC

[6003] 5761 GTCAGCCAGT TTAGTCTGAC CATCTCATCT GTAACATCAT TGGCAACGCT ACCTTTGCCA

[6004] 5821 TGTTTCAGAA ACAACTCTGG CGCATCGGGC TTCCCATACA AGCGATAGAT TGTCGCACCT

[6005] 5881 GATTGCCCGA CATTATCGCG AGCCCATTTA TACCCATATA AATCAGCATC CATGTTGGAA

[6006] 5941 TTTAATCGCG GCCTCGACGT TTCCCGTTGA ATATGGCTCA TAACACCCCT TGTATTACTG

[6007] 6001 TTTATGTAAG CAGACAGTTT TATTGTTCAT GATGATATAT TTTTATCTTG TGCAATGTAA

[6008] 6061 CATCAGAGAT TTTGAGACAC AACGTGGCTT TCCCCCCCCC CCCCATGACA TTAACCTATA

[6009] 6121 AAAATAGGCG TATCACGAGG CCAGCTTGGG AAACCATAAG ACCGAGATAG AGTTGAGTGT

[6010] 6181 TGTTCCAGTT TGGAACAAGA GTCCACTATT AAAGAACGTG GACTCCAACG TCAAAGGGCG

[6011] 6241 AAAAACCGTC TATCAGGGCG ATGGCCCACT ACGTGAACCA TCACCCAAAT CAAGTTTTTT

[6012] 6301 GGGGTCGAGG TGCCGTAAAG CACTAAATCG GAACCCTAAA GGGAGCCCCC GATTTAGAGC

[6013] 6361 TTGACGGGGA AAGCCGGCGA ACGTGGCGAG AAAGGAAGGGAAGAAAGCGAAAGGAGCGGG

[6014] 6421 CGCTAAGGCG CTGGCAAGTG TAGCGGTCAC GCTGCGCGTA ACCACCACAC CCGCCGCGCT

[6015] 6481 TAATGCGCCG CTACAGGGCG CGTACTATGG TTGCTTTGAC GTATGCGGTG TGAAATACCG

[6016] 6541 CACAGATGCG TAAGGAGAAA ATACATCGTG ATCCGGATCA AGATCCAGAT CGAATTGGAG

[6017] 6601 GCTACAGTCA GTGGAGAGGA CTTTCACTGA CTGACTGACT GCGTCTCAAC CTCCTAGGGG

[6018] 6661 ACATTGATTA TTGACTAGTT ATTAATAGTA ATCAATTACG GGGTCATTAG TTCATAGCCC

[6019] 6721 ATATATGGAG TTCCGCGTTA CATAACTTAC GGTAAATGGC CCGCCTGGCT GACCGCCCAA

[6020] 6781 CGACCCCCGC CCATTGACGT CAATAATGAC GTATGTTCCC ATAGTAACGC CAATAGGGAC

[6021] 6841 TTTCCATTGA CGTCAATGGG TGGAGTATTT ACGGTAAACT GCCCACTTGG CAGTACATCA

[6022] 6901 AGTGTATCAT ATGCCAAGTA CGCCCCCTAT TGACGTCAAT GACGGTAAAT GGCCCGCCTG

[6023] 6961 GCATTATGCC CAGTACATGA CCTTATGGGA CTTTCCTACT TGGCAGTACA TCTACGTATT

[6024] 7021 AGTCATCGCT ATTACCATGG TGATGCGGTT TTGGCAGTAC ATCAATGGGC GTGGATAGCG

[6025] 7081 GTTTGACTCA CGGGGATTTC CAAGTCTCCA CCCCATTGAC GTCAATGGGA GTTTGTTTTG

[6026] 7141 GCACCAAAAT CAACGGGACT TTCCAAAATG TCGTAACAAC TCCGCCCCAT TGACGCAAAT

[6027] 7201 GGGCGGTAGG CGTGTACGGT GGGAGGTCTA TATAAGCAGA GCTCGTTTAG TGAACCGGGT

[6028] 7261 CTCTCTGGTT AGACCAGATC TGAGCCTGGG AGCTCTCTGG CTAACTAGGG AACCCACTGC

[6029] 7321 TTAAGCCTCA ATAAAGCTTG CCTTGAGTGC TCAAAGTAGT GTGTGCCCGT CTGTTGTGTG

[6030] 7381 ACTCTGGTAA CTAGAGATCC CTCAGACCCT TTTAGTCAGT GTGGAAAATC TCTAGCAGTG

[6031] 7441 GCGCCCGAAC AGGGACTTGA AAGCGAAAGT AAAGCCAGAG GAGATCTCTC GACGCAGGAC

[6032] 7501 TCGGCTTGCT GAAGCGCGCA CGGCAAGAGG CGAGGGGCGG CGACTGGTGA GTACGCCAAA

[6033] 7561 AATTTTGACT AGCGGAGGCT AGAAGGAGAG AGTAGGGTGC GAGAGCGTCG GTATTAAGCG

[6034] 7621 GGGGAGAATT AGATAAATGG GAAAAAATTC GGTTAAGGCC AGGGGGAAAG AAACAATATA

[6035] 7681 AACTAAAACA TATAGTTAGG GCAAGCAGGG AGCTAGAACG ATTCGCAGTT AATCCTGGCC

[6036] 7741 TTTTAGAGAC ATCAGAAGGC TGTAGACAAA TACTGGGACA GCTACAACCA TCCCTTCAGA

[6037] 7801 CAGGATCAGA AGAACTTAGA TCATTATATA ATACAATAGC AGTCCTCTAT TGTGTGCATC

[6038] 7861 AAAGGATAGA TGTAAAAGAC ACCAAGGAAG CCTTAGATAA GATAGAGGAA GAGCAAAACA

[6039] 7921 AAAGTAAGAA AAAGGCACAG CAAGCGATCT TCAGACCTGG AGGAGGCAGG AGGCGATATG

[6040] 7981 AGGGACAATT GGAGAAGTGA ATTATATAAA TATAAAGTAG TAAAAATTGA ACCATTAGGA

[6041] 8041 GTAGCACCCA CCAAGGCAAA GAGAAGAGTG GTGCAGAGAG AAAAAAGAGCAGTGGGAATA

[6042] 8101 GGAGCTTTGT TCCTTGGGTT CTTGGGAGCA GCAGGAAGCA CTATGGGCGC AGCGTCAATG

[6043] 8161 ACGCTGACGG TACAGGCCAG ACAATTATTG TCTGATATAG TGCAGCAGCA GAACAATTTG

[6044] 8221 CTGAGGGCTA TTGAGGCGCA ACAGCATCTG TTGCAACTCA CAGTCTGGGG CATCAAACAG

[6045] 8281 CTCCAGGCAA GAATCCTGGC TGTGGAAAGA TACCTAAAGG ATCAACAGCT CCTGGGGATT

[6046] 8341 TGGGGTTGCT CTGGAAAACT CATTTGCACC ACTGCTGTGC CTTGGAATGC TAGTTGGAGT

[6047] 8401 AATAAATCTC TGGAACAGAT TTGGAATAAC ATGACCTGGA TGGAGTGGGA CAGAGAAATT

[6048] 8461 AACAATTACA CAAGCTTAAT ACACTCCTTA ATTGAAGAAT CGCAAAACCA GCAAGAAAAG

[6049] 8521 AATGAACAAG AATTATTGGA ATTAGATAAA TGGGCAAGTT TGTGGAATTG GTTTAACATA

[6050] 8581 ACAAATTGGC TGTGGTATAT AAAATTATTC ATAATGATAG TAGGAGGCTT GGTAGGTTTA

[6051] 8641 AGAATAGTTT TTGCTGTACT TTCTATAGTG AATAGAGTTA GGCAGGGATA TTCACCATTA

[6052] 8701 TCGTTTCAGA CCCACCTCCC AATCCCGAGG GGACCACGCG TACAAATGGC AGTATTCATC

[6053] 8761 CACAATTTTA AAAGAAAAGG GGGGATTGGG GGGTACAGTG CAGGGGAAAG AATAGTAGAC

[6054] 8821 ATAATAGCAA CAGACATACA AACTAAAGAA TTACAAAAAC AAATTACAAA AATTCAAAAT

[6055] 8881 TTTCGGGTTT ATTACAGGGA CAGCAGAAAT CCACTTTGGA AAGCTGAGCA TCC

[6056] pLRPS TCR γ9G115 T2A δ2c15 P2A FMC63ε (서열 식별 번호:192)

[6057] 1 GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG

[6058] 61 GGAGGGGTCG GCAATTGAAC CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT

[6059] 121 GATGTCGTGT ACTGGCTCCG CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA

[6060] 181 GTAGTCGCCG TGAACGTTCT TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC

[6061] 241 GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT

[6062] 301 ACTTCCACGC CCCTGGCTGC AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG

[6063] 361 GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC

[6064] 421 CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC

[6065] 481 TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT

[6066] 541 CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG

[6067] 601 GGCCGCGGGC GGCGACGGGG CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT

[6068] 661 GCGAGCGCGG CCACCGAGAA TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT

[6069] 721 GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC

[6070] 781 ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG

[6071] 841 GAGGACGCGG CGCTCGGGAG AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT

[6072] 901 TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT

[6073] 961 CGATTAGTTC TCGAGCTTTT GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC

[6074] 1021 GATGGAGTTT CCCCACACTG AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT

[6075] 1081 GTAATTCTCC TTGGAATTTG CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA

[6076] 1141 GACAGTGGTT CAAAGTTTTT TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCGGGATGC

[6077] 1201 TACTACTTGT GACCTCACTA TTGTTATGCG AACTCCCTCA TCCCGCATTC TTGCTGATTC

[6078] 1261 CAGCAGGACA CCTGGAGCAG CCTCAAATCT CTTCCACAAA GACTCTGTCT AAGACTGCTA

[6079] 1321 GACTTGAGTG CGTCGTTAGC GGGATCACCA TCTCCGCAAC CTCCGTATAC TGGTACCGCG

[6080] 1381 AACGGCCTGG AGAGGTGATT CAGTTTCTGG TAAGCATTTC TTACGATGGT ACCGTGCGTA

[6081] 1441 AAGAAAGCGG GATCCCTTCA GGCAAGTTCG AAGTTGACCG CATCCCCGAG ACGTCAACTA

[6082] 1501 GCACCCTCAC TATCCACAAC GTGGAGAAGC AGGACATCGC GACCTACTAT TGTGCCTTGT

[6083] 1561 GGGAAGCGCA GCAGGAGCTG GGAAAAAAGA TTAAGGTGTT CGGGCCAGGG ACAAAGTTGA

[6084] 1621 TTATTACCGA TAAGCAGCTC GATGCGGACG TGTCACCTAA ACCGACTATT TTCTTGCCAA

[6085] 1681 GTATAGCCGA GACAAAGCTT CAGAAGGCAG GGACTTACTT ATGCCTGCTG GAGAAGTTTT

[6086] 1741 TCCCTGACGT CATCAAGATT CACTGGGAAG AAAAGAAGAG CAACACTATC CTCGGATCCC

[6087] 1801 AGGAGGGGAA TACAATGAAG ACCAATGATA CCTATATGAA GTTTTCTTGG CTGACTGTGC

[6088] 1861 CCGAGAAGTC CCTTGATAAG GAACATAGAT GCATCGTGAG ACATGAGAAC AATAAAAACG

[6089] 1921 GGGTGGATCA GGAAATCATT TTCCCCCCCA TTAAGACCGA CGTTATCACC ATGGATCCAA

[6090] 1981 AGGATAATTG CTCTAAGGAC GCCAACGACA CTCTTCTGCT TCAGCTGACT AATACAAGCG

[6091] 2041 CTTACTATAT GTACCTGCTC CTGCTTCTGA AAAGCGTGGT GTACTTCGCA ATCATTACTT

[6092] 2101 GTTGCCTTCT GCGGAGAACT GCCTTCTGTT GTAACGGTGA AAAATCCGGG TCAGGCGAGG

[6093] 2161 GCAGAGGAAG TCTGCTAACA TGCGGTGACG TCGAGGAGAA TCCTGGACCT ATGCAGAGAA

[6094] 2221 TCAGCTCTCT GATCCACCTG AGCCTGTTCT GGGCAGGCGT GATGTCTGCC ATCGAGCTGG

[6095] 2281 TGCCTGAGCA CCAGACCGTT CCAGTGAGCA TCGGCGTGCC TGCCACCCTG AGATGCAGCA

[6096] 2341 TGAAGGGCGA GGCCATCGGC AACTATTACA TCAACTGGTA CAGAAAGACC CAGGGCAACA

[6097] 2401 CCATGACCTT CATCTACAGA GAGAAGGACA TCTACGGACC CGGCTTCAAG GACAACTTCC

[6098] 2461 AGGGGGACAT TGACATCGCC AAGAACCTGG CTGTGCTGAA GATCCTGGCC CCTAGCGAGA

[6099] 2521 GAGACGAGGG CAGCTACTAT TGCGCCTGCG ATGCACTGAA GAGAACCGAC ACCGATAAGC

[6100] 2581 TGATCTTCGG CAAGGGAACC AGAGTGACCG TTGAGCCCAG AAGCCAGCCT CACACCAAGC

[6101] 2641 CCAGCGTGTT CGTGATGAAG AACGGCACCA ACGTTGCCTG CCTGGTGAAG GAGTTCTACC

[6102] 2701 CTAAGGACAT CAGAATCAAC CTGGTGTCCA GCAAGAAGAT CACCGAGTTC GACCCAGCCA

[6103] 2761 TCGTGATCAG CCCAAGCGGA AAGTACAACG CCGTGAAACT GGGCAAGTAC GAGGACAGCA

[6104] 2821 ACTCTGTGAC TTGCAGCGTG CAGCACGACA ACAAGACCGT TCACTCCACC GACTTCGAGG

[6105] 2881 TGAAGACCGA CAGCACCGAT CACGTGAAGC CCAAGGAGAC CGAGAACACC AAACAGCCTA

[6106] 2941 GCAAGAGCTG CCACAAGCCC AAAGCCATCG TGCACACCGA GAAGGTGAAC ATGATGAGCC

[6107] 3001 TGACCGTGCT TGGACTCAGA ATGCTGTTCG CCAAGACCGT AGCCGTGAAC TTCCTGCTTA

[6108] 3061 CCGCCAAGCT GTTCTTCCTG GGAAGTGGCG CTACTAACTT CAGCCTGCTG AAGCAGGCTG

[6109] 3121 GAGACGTGGA GGAGAACCCT GGACCTATGC TTCTCCTGGT GACAAGCCTT CTGCTCTGTG

[6110] 3181 AGTTACCACA CCCAGCATTC CTCCTGATCC CAGACATCCA GATGACACAG ACTACATCCT

[6111] 3241 CCCTGTCTGC CTCTCTGGGA GACAGAGTCA CCATCAGTTG CAGGGCAAGT CAGGACATTA

[6112] 3301 GTAAATATTT AAATTGGTAT CAGCAGAAAC CAGATGGAAC TGTTAAACTC CTGATCTACC

[6113] 3361 ATACATCAAG ATTACACTCA GGAGTCCCAT CAAGGTTCAG TGGCAGTGGG TCTGGAACAG

[6114] 3421 ATTATTCTCT CACCATTAGC AACCTGGAGC AAGAAGATAT TGCCACTTAC TTTTGCCAAC

[6115] 3481 AGGGTAATAC GCTTCCGTAC ACGTTCGGAG GGGGGACTAA GTTGGAAATA ACAGGCTCCA

[6116] 3541 CCTCTGGATC CGGCAAGCCC GGATCTGGCG AGGGATCCAC CAAGGGCGAG GTGAAACTGC

[6117] 3601 AGGAGTCAGG ACCTGGCCTG GTGGCGCCCT CACAGAGCCT GTCCGTCACA TGCACTGTCT

[6118] 3661 CAGGGGTCTC ATTACCCGAC TATGGTGTAA GCTGGATTCG CCAGCCTCCA CGAAAGGGTC

[6119] 3721 TGGAGTGGCT GGGAGTAATA TGGGGTAGTG AAACCACATA CTATAATTCA GCTCTCAAAT

[6120] 3781 CCAGACTGAC CATCATCAAG GACAACTCCA AGAGCCAAGT TTTCTTAAAA ATGAACAGTC

[6121] 3841 TGCAAACTGA TGACACAGCC ATTTACTACT GTGCCAAACA TTATTACTAC GGTGGTAGCT

[6122] 3901 ATGCTATGGA CTACTGGGGT CAAGGAACCT CAGTCACCGT CTCCTCAGCT GCCGCAGGTG

[6123] 3961 GGGGAGGATC TGGAGGCGGT GGCAGTGGGG GTGGAGGCTC ACTGGAGGAT GGTAATGAAG

[6124] 4021 AAATGGGTGG TATTACACAG ACACCATATA AAGTCTCCAT CTCTGGAACC ACAGTAATAT

[6125] 4081 TGACATGCCC TCAGTATCCT GGATCTGAAA TACTATGGCA ACACAATGAT AAGAACATCG

[6126] 4141 GCGGAGATGA GGATGATAAA AACATAGGCA GTGATGAGGA TCACCTGTCA CTGAAGGAAT

[6127] 4201 TTTCAGAATT GGAGCAAAGT GGTTATTATG TCTGCTACCC CAGAGGAAGC AAACCAGAAG

[6128] 4261 ATGCGAACTT TTATCTCTAC CTGAGGGCAA GAGTGTGTGA GAACTGCATG GAGATGGATG

[6129] 4321 TGATGTCGGT GGCCACAATT GTCATAGTGG ACATCTGCAT CACTGGGGGC TTGCTGCTGC

[6130] 4381 TGGTTTACTA CTGGAGCAAG AATAGAAAGG CCAAGGCCAA GCCTGTGACA CGAGGAGCGG

[6131] 4441 GTGCTGGCGG CAGGCAAAGG GGACAAAACA AGGAGAGGCC ACCACCTGTT CCCAACCCAG

[6132] 4501 ACTATGAGCC CATCCGGAAA GGCCAGCGGG ACCTGTATTC TGGCCTGAAT CAGAGACGCA

[6133] 4561 TCTAAGATAT CGAGCATCTT ACCGCCATTT ATACCCATAT TTGTTCTGTT TTTCTTGATT

[6134] 4621 TGGGTATACA TTTAAATGTT AATAAAACAA AATGGTGGGG CAATCATTTA CATTTTTAGG

[6135] 4681 GATATGTAAT TACTAGTTCA GGTGTATTGC CACAAGACAA ACATGTTAAG AAACTTTCCC

[6136] 4741 GTTATTTACG CTCTGTTCCT GTTAATCAAC CTCTGGATTA CAAAATTTGT GAAAGATTGA

[6137] 4801 CTGATATTCT TAACTATGTT GCTCCTTTTA CGCTGTGTGG ATATGCTGCT TTATAGCCTC

[6138] 4861 TGTATCTAGC TATTGCTTCC CGTACGGCTT TCGTTTTCTC CTCCTTGTAT AAATCCTGGT

[6139] 4921 TGCTGTCTCT TTTAGAGGAG TTGTGGCCCG TTGTCCGTCA ACGTGGCGTG GTGTGCTCTG

[6140] 4981 TGTTTGCTGA CGCAACCCCC ACTGGCTGGG GCATTGCCAC CACCTGTCAA CTCCTTTCTG

[6141] 5041 GGACTTTCGC TTTCCCCCTC CCGATCGCCA CGGCAGAACT CATCGCCGCC TGCCTTGCCC

[6142] 5101 GCTGCTGGAC AGGGGCTAGG TTGCTGGGCA CTGATAATTC CGTGGTGTTG TCAGTACTGG

[6143] 5161 TACCTTTAAG ACCAATGACT TACAAGGCAG CTGTAGATCT TAGCCACTTT TTAAAAGAAA

[6144] 5221 AGGGGGGACT GGAAGGGCTA ATTCACTCCC AAAGAAGACA AGATCTGCTT TTTGCCTGTA

[6145] 5281 CTGGGTCTCT CTGGTTAGAC CAGATCTGAG CCTGGGAGCT CTCTGGCTAA CTAGGGAACC

[6146] 5341 CACTGCTTAA GCCTCAATAA AGCTTGCCTT GAGTGCTTCA ATGATCATAA TCAAGCCATA

[6147] 5401 TCACATCTGT AGAGGTTTAC TTGCTTTAAA AAACCTCCAC ACCTCCCCCT GAACCTGAAA

[6148] 5461 CATAAAATGA ATGCAATTGT TGTTGTTAAC TTGTTTATTG CAGCTTATAA TGGTTACAAA

[6149] 5521 TAAAGCAATA GCATCACAAA TTTCACAAAT AAAGCATTTT TTTCACTGCA TTCTAGTTGT

[6150] 5581 GGTTTGTCCA AACTCATCAA TGTATCTTAT CATGTCTGGA TCTGCGTCGA CACGAAGAGA

[6151] 5641 CGACTGACTG ACTGACTGGA AAGAGGAAGG GCTGGAAGAG GAAGGAGCTT GATCCAGATC

[6152] 5701 CCGATCTCGA TCCAGATCCG GATCGCAGCT TGGTCTTCCG CTTCCTCGCT CACTGACTCG

[6153] 5761 CTGCGCTCGG TCGTTCGGCT GCGGCGAGCG GTATCAGCTC ACTCAAAGGC GGTAATACGG

[6154] 5821 TTATCCACAG AATCAGGGGA TAACGCAGGA AAGAACATGT GAGCAAAAGG CCAGCAAAAG

[6155] 5881 GCCAGGAACC GTAAAAAGGC CGCGTTGCTG GCGTTTTTCC ATAGGCTCCG CCCCCCTGAC

[6156] 5941 GAGCATCACA AAAATCGACG CTCAAGTCAG AGGTGGCGAA ACCCGACAGG ACTATAAAGA

[6157] 6001 TACCAGGCGT TTCCCCCTGG AAGCTCCCTC GTGCGCTCTC CTGTTCCGAC CCTGCCGCTT

[6158] 6061 ACCGGATACC TGTCCGCCTT TCTCCCTTCG GGAAGCGTGG CGCTTTCTCA TAGCTCACGC

[6159] 6121 TGTAGGTATC TCAGTTCGGT GTAGGTCGTT CGCTCCAAGC TGGGCTGTGT GCACGAACCC

[6160] 6181 CCCGTTCAGC CCGACCGCTG CGCCTTATCC GGTAACTATC GTCTTGAGTC CAACCCGGTA

[6161] 6241 AGACACGACT TATCGCCACT GGCAGCAGCC ACTGGTAACA GGATTAGCAG AGCGAGGTAT

[6162] 6301 GTAGGCGGTG CTACAGAGTT CTTGAAGTGG TGGCCTAACT ACGGCTACAC TAGAAGAACA

[6163] 6361 GTATTTGGTA TCTGCGCTCT GCTGAAGCCA GTTACCTTCG GAAAAAGAGT TGGTAGCTCT

[6164] 6421 TGATCCGGCA AACAAACCAC CGCTGGTAGC GGTGGTTTTT TTGTTTGCAA GCAGCAGATT

[6165] 6481 ACGCGCAGAA AAAAAGGATC TCAAGAAGAT CCTTTGATCT TTTCTACGGG GTCTGACGCT

[6166] 6541 CAGTGGAACG AAAACTCACG TTAAGGGATT TTGGTCATGA GTTAATTAAC TTGCGCCGTC

[6167] 6601 CCGTCAAGTC AGCGTAATGC TCTGCCAGTG TTACAACCAA TTAACCAATT CTGATTAGAA

[6168] 6661 AAACTCATCG AGCATCAAAT GAAACTGCAA TTTATTCACA TCAGGATTAT CAATACCATA

[6169] 6721 TTTTTGAAAA AGCCGTTTCT GTAATGAAGG AGAAAACTCA CCGAGGCAGT TCCATAGGAT

[6170] 6781 GGCAAGATCC TGGTATCGGT CTGCGATTCC GACTCGTCCA ACATCAATAC AACCTATTAA

[6171] 6841 TTTCCCCTCG TCAAAAATAA GGTTATCAAG TGAGAAATCA CCATGAGTGA CGACTGAATC

[6172] 6901 CGGTGAGAAT GGCAAAAGTT TATGCATTTC TTTCCAGACT TGTTCAACAG GCCAGCCATT

[6173] 6961 ACGCTCGTCA TCAAAATCAC TCGCATCAAC CAAACCGTTA TTCATTCGTG ATTGCGCCTG

[6174] 7021 AGCAAGACGA AATACGCGAT CGCTGTTAAA AGGACAATTA CAAACAGGAA TCGAATGCAA

[6175] 7081 CCGGCGCAGG AACACTGCCA GCGCATCAAC AATATTTTCA CCTGAATCAG GATATTCTTC

[6176] 7141 TAATACCTGG AATGCTGTTT TTCCGGGGAT CGCAGTGGTG AGTAACCATG CATCATCAGG

[6177] 7201 AGTACGGATA AAATGCTTGA TGGTCGGAAG AGGCATAAAT TCCGTCAGCC AGTTTAGTCT

[6178] 7261 GACCATCTCA TCTGTAACAT CATTGGCAAC GCTACCTTTG CCATGTTTCA GAAACAACTC

[6179] 7321 TGGCGCATCG GGCTTCCCAT ACAAGCGATA GATTGTCGCA CCTGATTGCC CGACATTATC

[6180] 7381 GCGAGCCCAT TTATACCCAT ATAAATCAGC ATCCATGTTG GAATTTAATC GCGGCCTCGA

[6181] 7441 CGTTTCCCGT TGAATATGGC TCATAACACC CCTTGTATTA CTGTTTATGT AAGCAGACAG

[6182] 7501 TTTTATTGTT CATGATGATA TATTTTTATC TTGTGCAATG TAACATCAGA GATTTTGAGA

[6183] 7561 CACAACGTGG CTTTCCCCCC CCCCCCCATG ACATTAACCT ATAAAAATAG GCGTATCACG

[6184] 7621 AGGCCAGCTT GGGAAACCAT AAGACCGAGA TAGAGTTGAG TGTTGTTCCA GTTTGGAACA

[6185] 7681 AGAGTCCACT ATTAAAGAAC GTGGACTCCA ACGTCAAAGG GCGAAAAACC GTCTATCAGG

[6186] 7741 GCGATGGCCC ACTACGTGAA CCATCACCCA AATCAAGTTT TTTGGGGTCG AGGTGCCGTA

[6187] 7801 AAGCACTAAA TCGGAACCCT AAAGGGAGCC CCCGATTTAG AGCTTGACGG GGAAAGCCGG

[6188] 7861 CGAACGTGGC GAGAAAGGAA GGGAAGAAAG CGAAAGGAGCGGGCGCTAAGGCGCTGGCAA

[6189] 7921 GTGTAGCGGT CACGCTGCGC GTAACCACCA CACCCGCCGC GCTTAATGCG CCGCTACAGG

[6190] 7981 GCGCGTACTA TGGTTGCTTT GACGTATGCG GTGTGAAATA CCGCACAGAT GCGTAAGGAG

[6191] 8041 AAAATACATC GTGATCCGGA TCAAGATCCA GATCGAATTG GAGGCTACAG TCAGTGGAGA

[6192] 8101 GGACTTTCAC TGACTGACTG ACTGCGTCTC AACCTCCTAG GGGACATTGA TTATTGACTA

[6193] 8161 GTTATTAATA GTAATCAATT ACGGGGTCAT TAGTTCATAG CCCATATATG GAGTTCCGCG

[6194] 8221 TTACATAACT TACGGTAAAT GGCCCGCCTG GCTGACCGCC CAACGACCCC CGCCCATTGA

[6195] 8281 CGTCAATAAT GACGTATGTT CCCATAGTAA CGCCAATAGG GACTTTCCAT TGACGTCAAT

[6196] 8341 GGGTGGAGTA TTTACGGTAA ACTGCCCACT TGGCAGTACA TCAAGTGTAT CATATGCCAA

[6197] 8401 GTACGCCCCC TATTGACGTC AATGACGGTA AATGGCCCGC CTGGCATTAT GCCCAGTACA

[6198] 8461 TGACCTTATG GGACTTTCCT ACTTGGCAGT ACATCTACGT ATTAGTCATC GCTATTACCA

[6199] 8521 TGGTGATGCG GTTTTGGCAG TACATCAATG GGCGTGGATA GCGGTTTGAC TCACGGGGAT

[6200] 8581 TTCCAAGTCT CCACCCCATT GACGTCAATG GGAGTTTGTT TTGGCACCAA AATCAACGGG

[6201] 8641 ACTTTCCAAA ATGTCGTAAC AACTCCGCCC CATTGACGCA AATGGGCGGT AGGCGTGTAC

[6202] 8701 GGTGGGAGGT CTATATAAGC AGAGCTCGTT TAGTGAACCG GGTCTCTCTG GTTAGACCAG

[6203] 8761 ATCTGAGCCT GGGAGCTCTC TGGCTAACTA GGGAACCCAC TGCTTAAGCC TCAATAAAGC

[6204] 8821 TTGCCTTGAG TGCTCAAAGT AGTGTGTGCC CGTCTGTTGT GTGACTCTGG TAACTAGAGA

[6205] 8881 TCCCTCAGAC CCTTTTAGTC AGTGTGGAAA ATCTCTAGCA GTGGCGCCCG AACAGGGACT

[6206] 8941 TGAAAGCGAA AGTAAAGCCA GAGGAGATCT CTCGACGCAG GACTCGGCTT GCTGAAGCGC

[6207] 9001 GCACGGCAAG AGGCGAGGGG CGGCGACTGG TGAGTACGCC AAAAATTTTG ACTAGCGGAG

[6208] 9061 GCTAGAAGGA GAGAGTAGGG TGCGAGAGCG TCGGTATTAA GCGGGGGAGA ATTAGATAAA

[6209] 9121 TGGGAAAAAA TTCGGTTAAG GCCAGGGGGA AAGAAACAAT ATAAACTAAA ACATATAGTT

[6210] 9181 AGGGCAAGCA GGGAGCTAGA ACGATTCGCA GTTAATCCTG GCCTTTTAGA GACATCAGAA

[6211] 9241 GGCTGTAGAC AAATACTGGG ACAGCTACAA CCATCCCTTC AGACAGGATC AGAAGAACTT

[6212] 9301 AGATCATTAT ATAATACAAT AGCAGTCCTC TATTGTGTGC ATCAAAGGAT AGATGTAAAA

[6213] 9361 GACACCAAGG AAGCCTTAGA TAAGATAGAG GAAGAGCAAA ACAAAAGTAAGAAAAAGGCA

[6214] 9421 CAGCAAGCGA TCTTCAGACC TGGAGGAGGC AGGAGGCGAT ATGAGGGACA ATTGGAGAAG

[6215] 9481 TGAATTATAT AAATATAAAG TAGTAAAAAT TGAACCATTA GGAGTAGCAC CCACCAAGGC

[6216] 9541 AAAGAGAAGA GTGGTGCAGA GAGAAAAAAG AGCAGTGGGA ATAGGAGCTT TGTTCCTTGG

[6217] 9601 GTTCTTGGGA GCAGCAGGAA GCACTATGGG CGCAGCGTCA ATGACGCTGA CGGTACAGGC

[6218] 9661 CAGACAATTA TTGTCTGATA TAGTGCAGCA GCAGAACAAT TTGCTGAGGG CTATTGAGGC

[6219] 9721 GCAACAGCAT CTGTTGCAAC TCACAGTCTG GGGCATCAAA CAGCTCCAGG CAAGAATCCT

[6220] 9781 GGCTGTGGAA AGATACCTAA AGGATCAACA GCTCCTGGGG ATTTGGGGTT GCTCTGGAAA

[6221] 9841 ACTCATTTGC ACCACTGCTG TGCCTTGGAA TGCTAGTTGG AGTAATAAAT CTCTGGAACA

[6222] 9901 GATTTGGAAT AACATGACCT GGATGGAGTG GGACAGAGAA ATTAACAATT ACACAAGCTT

[6223] 9961 AATACACTCC TTAATTGAAG AATCGCAAAA CCAGCAAGAA AAGAATGAAC AAGAATTATT

[6224] 10021 GGAATTAGAT AAATGGGCAA GTTTGTGGAA TTGGTTTAAC ATAACAAATT GGCTGTGGTA

[6225] 10081 TATAAAATTA TTCATAATGA TAGTAGGAGG CTTGGTAGGT TTAAGAATAG TTTTTGCTGT

[6226] 10141 ACTTTCTATA GTGAATAGAG TTAGGCAGGG ATATTCACCA TTATCGTTTC AGACCCACCT

[6227] 10201 CCCAATCCCG AGGGGACCAC GCGTACAAAT GGCAGTATTC ATCCACAATT TTAAAAGAAA

[6228] 10261 AGGGGGGATT GGGGGGTACA GTGCAGGGGA AAGAATAGTA GACATAATAGCAACAGACAT

[6229] 10321 ACAAACTAAA GAATTACAAA AACAAATTAC AAAAATTCAA AATTTTCGGG TTTATTACAG

[6230] 10381 GGACAGCAGA AATCCACTTT GGAAAGCTGA GCATCC

[6231] pLKaUS mTRAC(82-137) T2A mTRBC(123-173) P2A MH1CD3ε (서열 식별 번호:193)

[6232] 1 TGATCATAAT CAAGCCATAT CACATCTGTA GAGGTTTACT TGCTTTAAAA AACCTCCACA

[6233] 61 CCTCCCCCTG AACCTGAAAC ATAAAATGAA TGCAATTGTT GTTGTTAACT TGTTTATTGC

[6234] 121 AGCTTATAAT GGTTACAAAT AAAGCAATAG CATCACAAAT TTCACAAATA AAGCATTTTT

[6235] 181 TTCACTGCAT TCTAGTTGTG GTTTGTCCAA ACTCATCAAT GTATCTTATC ATGTCTGGAT

[6236] 241 CTGCGTCGAC ACGAAGAGAC GACTGACTGA CTGACTGGAA AGAGGAAGGG CTGGAAGAGG

[6237] 301 AAGGAGCTTG ATCCAGATCC CGATCTCGAT CCAGATCCGG ATCGCAGCTT GGTCTTCCGC

[6238] 361 TTCCTCGCTC ACTGACTCGC TGCGCTCGGT CGTTCGGCTG CGGCGAGCGG TATCAGCTCA

[6239] 421 CTCAAAGGCG GTAATACGGT TATCCACAGA ATCAGGGGAT AACGCAGGAA AGAACATGTG

[6240] 481 AGCAAAAGGC CAGCAAAAGG CCAGGAACCG TAAAAAGGCC GCGTTGCTGG CGTTTTTCCA

[6241] 541 TAGGCTCCGC CCCCCTGACG AGCATCACAA AAATCGACGC TCAAGTCAGA GGTGGCGAAA

[6242] 601 CCCGACAGGA CTATAAAGAT ACCAGGCGTT TCCCCCTGGA AGCTCCCTCG TGCGCTCTCC

[6243] 661 TGTTCCGACC CTGCCGCTTA CCGGATACCT GTCCGCCTTT CTCCCTTCGG GAAGCGTGGC

[6244] 721 GCTTTCTCAT AGCTCACGCT GTAGGTATCT CAGTTCGGTG TAGGTCGTTC GCTCCAAGCT

[6245] 781 GGGCTGTGTG CACGAACCCC CCGTTCAGCC CGACCGCTGC GCCTTATCCG GTAACTATCG

[6246] 841 TCTTGAGTCC AACCCGGTAA GACACGACTT ATCGCCACTG GCAGCAGCCA CTGGTAACAG

[6247] 901 GATTAGCAGA GCGAGGTATG TAGGCGGTGC TACAGAGTTC TTGAAGTGGT GGCCTAACTA

[6248] 961 CGGCTACACT AGAAGAACAG TATTTGGTAT CTGCGCTCTG CTGAAGCCAG TTACCTTCGG

[6249] 1021 AAAAAGAGTT GGTAGCTCTT GATCCGGCAA ACAAACCACC GCTGGTAGCG GTGGTTTTTT

[6250] 1081 TGTTTGCAAG CAGCAGATTA CGCGCAGAAA AAAAGGATCT CAAGAAGATC CTTTGATCTT

[6251] 1141 TTCTACGGGG TCTGACGCTC AGTGGAACGA AAACTCACGT TAAGGGATTT TGGTCATGAG

[6252] 1201 TTAATTAACT TGCGCCGTCC CGTCAAGTCA GCGTAATGCT CTGCCAGTGT TACAACCAAT

[6253] 1261 TAACCAATTC TGATTAGAAA AACTCATCGA GCATCAAATG AAACTGCAAT TTATTCACAT

[6254] 1321 CAGGATTATC AATACCATAT TTTTGAAAAA GCCGTTTCTG TAATGAAGGA GAAAACTCAC

[6255] 1381 CGAGGCAGTT CCATAGGATG GCAAGATCCT GGTATCGGTC TGCGATTCCG ACTCGTCCAA

[6256] 1441 CATCAATACA ACCTATTAAT TTCCCCTCGT CAAAAATAAG GTTATCAAGT GAGAAATCAC

[6257] 1501 CATGAGTGAC GACTGAATCC GGTGAGAATG GCAAAAGTTT ATGCATTTCT TTCCAGACTT

[6258] 1561 GTTCAACAGG CCAGCCATTA CGCTCGTCAT CAAAATCACT CGCATCAACC AAACCGTTAT

[6259] 1621 TCATTCGTGA TTGCGCCTGA GCAAGACGAA ATACGCGATC GCTGTTAAAA GGACAATTAC

[6260] 1681 AAACAGGAAT CGAATGCAAC CGGCGCAGGA ACACTGCCAG CGCATCAACA ATATTTTCAC

[6261] 1741 CTGAATCAGG ATATTCTTCT AATACCTGGA ATGCTGTTTT TCCGGGGATC GCAGTGGTGA

[6262] 1801 GTAACCATGC ATCATCAGGA GTACGGATAA AATGCTTGAT GGTCGGAAGA GGCATAAATT

[6263] 1861 CCGTCAGCCA GTTTAGTCTG ACCATCTCAT CTGTAACATC ATTGGCAACG CTACCTTTGC

[6264] 1921 CATGTTTCAG AAACAACTCT GGCGCATCGG GCTTCCCATA CAAGCGATAG ATTGTCGCAC

[6265] 1981 CTGATTGCCC GACATTATCG CGAGCCCATT TATACCCATA TAAATCAGCA TCCATGTTGG

[6266] 2041 AATTTAATCG CGGCCTCGAC GTTTCCCGTT GAATATGGCT CATAACACCC CTTGTATTAC

[6267] 2101 TGTTTATGTA AGCAGACAGT TTTATTGTTC ATGATGATAT ATTTTTATCT TGTGCAATGT

[6268] 2161 AACATCAGAG ATTTTGAGAC ACAACGTGGC TTTCCCCCCC CCCCATGACA TTAACCTATA

[6269] 2221 AAAATAGGCG TATCACGAGG CCAGCTTGGG AAACCATAAG ACCGAGATAG AGTTGAGTGT

[6270] 2281 TGTTCCAGTT TGGAACAAGA GTCCACTATT AAAGAACGTG GACTCCAACG TCAAAGGGCG

[6271] 2341 AAAAACCGTC TATCAGGGCG ATGGCCCACT ACGTGAACCA TCACCCAAAT CAAGTTTTTT

[6272] 2401 GGGGTCGAGG TGCCGTAAAG CACTAAATCG GAACCCTAAA GGGAGCCCCC GATTTAGAGC

[6273] 2461 TTGACGGGGA AAGCCGGCGA ACGTGGCGAG AAAGGAAGGGAAGAAAGCGAAAGGAGCGGG

[6274] 2521 CGCTAAGGCG CTGGCAAGTG TAGCGGTCAC GCTGCGCGTA ACCACCACAC CCGCCGCGCT

[6275] 2581 TAATGCGCCG CTACAGGGCG CGTACTATGG TTGCTTTGAC GTATGCGGTG TGAAATACCG

[6276] 2641 CACAGATGCG TAAGGAGAAA ATACATCGTG ATCCGGATCA AGATCCAGAT CGAATTGGAG

[6277] 2701 GCTACAGTCA GTGGAGAGGA CTTTCACTGA CTGACTGACT GCGTCTCAAC CTCCTAGGGG

[6278] 2761 ACATTGATTA TTGACTAGTT ATTAATAGTA ATCAATTACG GGGTCATTAG TTCATAGCCC

[6279] 2821 ATATATGGAG TTCCGCGTTA CATAACTTAC GGTAAATGGC CCGCCTGGCT GACCGCCCAA

[6280] 2881 CGACCCCCGC CCATTGACGT CAATAATGAC GTATGTTCCC ATAGTAACGC CAATAGGGAC

[6281] 2941 TTTCCATTGA CGTCAATGGG TGGAGTATTT ACGGTAAACT GCCCACTTGG CAGTACATCA

[6282] 3001 AGTGTATCAT ATGCCAAGTA CGCCCCCTAT TGACGTCAAT GACGGTAAAT GGCCCGCCTG

[6283] 3061 GCATTATGCC CAGTACATGA CCTTATGGGA CTTTCCTACT TGGCAGTACA TCTACGTATT

[6284] 3121 AGTCATCGCT ATTACCATGG TGATGCGGTT TTGGCAGTAC ATCAATGGGC GTGGATAGCG

[6285] 3181 GTTTGACTCA CGGGGATTTC CAAGTCTCCA CCCCATTGAC GTCAATGGGA GTTTGTTTTG

[6286] 3241 GCACCAAAAT CAACGGGACT TTCCAAAATG TCGTAACAAC TCCGCCCCAT TGACGCAAAT

[6287] 3301 GGGCGGTAGG CGTGTACGGT GGGAGGTCTA TATAAGCAGA GCTCGTTTAG TGAACCGGGT

[6288] 3361 CTCTCTGGTT AGACCAGATC TGAGCCTGGG AGCTCTCTGG CTAACTAGGG AACCCACTGC

[6289] 3421 TTAAGCCTCA ATAAAGCTTG CCTTGAGTGC TCAAAGTAGT GTGTGCCCGT CTGTTGTGTG

[6290] 3481 ACTCTGGTAA CTAGAGATCC CTCAGACCCT TTTAGTCAGT GTGGAAAATC TCTAGCAGTG

[6291] 3541 GCGCCCGAAC AGGGACTTGA AAGCGAAAGT AAAGCCAGAG GAGATCTCTC GACGCAGGAC

[6292] 3601 TCGGCTTGCT GAAGCGCGCA CGGCAAGAGG CGAGGGGCGG CGACTGGTGA GTACGCCAAA

[6293] 3661 AATTTTGACT AGCGGAGGCT AGAAGGAGAG AGTAGGGTGC GAGAGCGTCG GTATTAAGCG

[6294] 3721 GGGGAGAATT AGATAAATGG GAAAAAATTC GGTTAAGGCC AGGGGGAAAG AAACAATATA

[6295] 3781 AACTAAAACA TATAGTTAGG GCAAGCAGGG AGCTAGAACG ATTCGCAGTT AATCCTGGCC

[6296] 3841 TTTTAGAGAC ATCAGAAGGC TGTAGACAAA TACTGGGACA GCTACAACCA TCCCTTCAGA

[6297] 3901 CAGGATCAGA AGAACTTAGA TCATTATATA ATACAATAGC AGTCCTCTAT TGTGTGCATC

[6298] 3961 AAAGGATAGA TGTAAAAGAC ACCAAGGAAG CCTTAGATAA GATAGAGGAA GAGCAAAACA

[6299] 4021 AAAGTAAGAA AAAGGCACAG CAAGCGATCT TCAGACCTGG AGGAGGCAGG AGGCGATATG

[6300] 4081 AGGGACAATT GGAGAAGTGA ATTATATAAA TATAAAGTAG TAAAAATTGA ACCATTAGGA

[6301] 4141 GTAGCACCCA CCAAGGCAAA GAGAAGAGTG GTGCAGAGAG AAAAAAGAGCAGTGGGAATA

[6302] 4201 GGAGCTTTGT TCCTTGGGTT CTTGGGAGCA GCAGGAAGCA CTATGGGCGC AGCGTCAATG

[6303] 4261 ACGCTGACGG TACAGGCCAG ACAATTATTG TCTGATATAG TGCAGCAGCA GAACAATTTG

[6304] 4321 CTGAGGGCTA TTGAGGCGCA ACAGCATCTG TTGCAACTCA CAGTCTGGGG CATCAAACAG

[6305] 4381 CTCCAGGCAA GAATCCTGGC TGTGGAAAGA TACCTAAAGG ATCAACAGCT CCTGGGGATT

[6306] 4441 TGGGGTTGCT CTGGAAAACT CATTTGCACC ACTGCTGTGC CTTGGAATGC TAGTTGGAGT

[6307] 4501 AATAAATCTC TGGAACAGAT TTGGAATAAC ATGACCTGGA TGGAGTGGGA CAGAGAAATT

[6308] 4561 AACAATTACA CAAGCTTAAT ACACTCCTTA ATTGAAGAAT CGCAAAACCA GCAAGAAAAG

[6309] 4621 AATGAACAAG AATTATTGGA ATTAGATAAA TGGGCAAGTT TGTGGAATTG GTTTAACATA

[6310] 4681 ACAAATTGGC TGTGGTATAT AAAATTATTC ATAATGATAG TAGGAGGCTT GGTAGGTTTA

[6311] 4741 AGAATAGTTT TTGCTGTACT TTCTATAGTG AATAGAGTTA GGCAGGGATA TTCACCATTA

[6312] 4801 TCGTTTCAGA CCCACCTCCC AATCCCGAGG GGACCACGCG TACAAATGGC AGTATTCATC

[6313] 4861 CACAATTTTA AAAGAAAAGG GGGGATTGGG GGGTACAGTG CAGGGGAAAG AATAGTAGAC

[6314] 4921 ATAATAGCAA CAGACATACA AACTAAAGAA TTACAAAAAC AAATTACAAA AATTCAAAAT

[6315] 4981 TTTCGGGTTT ATTACAGGGA CAGCAGAAAT CCACTTTGGA AAGCTGAGCA TCCGGCTCCG

[6316] 5041 GTGCCCGTCA GTGGGCAGAG CGCACATCGC CCACAGTCCC CGAGAAGTTG GGGGGAGGGG

[6317] 5101 TCGGCAATTG AACCGGTGCC TAGAGAAGGT GGCGCGGGGT AAACTGGGAA AGTGATGTCG

[6318] 5161 TGTACTGGCT CCGCCTTTTT CCCGAGGGTG GGGGAGAACC GTATATAAGT GCAGTAGTCG

[6319] 5221 CCGTGAACGT TCTTTTTCGC AACGGGTTTG CCGCCAGAAC ACAGGTAAGT GCCGTGTGTG

[6320] 5281 GTTCCCGCGG GCCTGGCCTC TTTACGGGTT ATGGCCCTTG CGTGCCTTGA ATTACTTCCA

[6321] 5341 CGCCCCTGGC TGCAGTACGT GATTCTTGAT CCCGAGCTTC GGGTTGGAAG TGGGTGGGAG

[6322] 5401 AGTTCGAGGC CTTGCGCTTA AGGAGCCCCT TCGCCTCGTG CTTGAGTTGA GGCCTGGCCT

[6323] 5461 GGGCGCTGGG GCCGCCGCGT GCGAATCTGG TGGCACCTTC GCGCCTGTCT CGCTGCTTTC

[6324] 5521 GATAAGTCTC TAGCCATTTA AAATTTTTGA TGACCTGCTG CGACGCTTTT TTTCTGGCAA

[6325] 5581 GATAGTCTTG TAAATGCGGG CCAAGATCTG CACACTGGTA TTTCGGTTTT TGGGGCCGCG

[6326] 5641 GGCGGCGACG GGGCCCGTGC GTCCCAGCGC ACATGTTCGG CGAGGCGGGG CCTGCGAGCG

[6327] 5701 CGGCCACCGA GAATCGGACG GGGGTAGTCT CAAGCTGGCC GGCCTGCTCT GGTGCCTGGC

[6328] 5761 CTCGCGCCGC CGTGTATCGC CCCGCCCTGG GCGGCAAGGC TGGCCCGGTC GGCACCAGTT

[6329] 5821 GCGTGAGCGG AAAGATGGCC GCTTCCCGGC CCTGCTGCAG GGAGCTCAAA ATGGAGGACG

[6330] 5881 CGGCGCTCGG GAGAGCGGGC GGGTGAGTCA CCCACACAAA GGAAAAGGGC CTTTCCGTCC

[6331] 5941 TCAGCCGTCG CTTCATGTGA CTCCACGGAG TACCGGGCGC CGTCCAGGCA CCTCGATTAG

[6332] 6001 TTCTCGAGCT TTTGGAGTAC GTCGTCTTTA GGTTGGGGGG AGGGGTTTTA TGCGATGGAG

[6333] 6061 TTTCCCCACA CTGAGTGGGT GGAGACTGAA GTTAGGCCAG CTTGGCACTT GATGTAATTC

[6334] 6121 TCCTTGGAAT TTGCCCTTTT TGAGTTTGGA TCTTGGTTCA TTCTCAAGCC TCAGACAGTG

[6335] 6181 GTTCAAAGTT TTTTTCTTCC ATTTCAGGTG TCGTGAAAAC TACCCCTCAG AGCCGCCACC

[6336] 6241 ATGCTTCTCC TGGTGACAAG CCTTCTGCTC TGTGAGTTAC CACACCCAGC ATTCCTCCTG

[6337] 6301 ATCCCCGCCA CCTACCCCAG TTCAGACGTT CCCTGTGATG CCACGTTGAC TGAGAAAAGC

[6338] 6361 TTTGAAACAG ATATGAACCT AAACTTTCAA AACCTGTCAG TTATGGGACT CCGAATCCTC

[6339] 6421 CTGCTGAAAG TAGCCGGATT TAACCTGCTC ATGACGCTGA GGCTGTGGTC CAGTGGCAGC

[6340] 6481 GGCGAGGGCA GAGGAAGTCT GCTAACATGC GGTGACGTCG AGGAGAATCC TGGACCTGGT

[6341] 6541 CGAGCAGACT GTGGTATTAC CTCAGCATCC TATCAACAAG GAGTCTTGTC TGCCACCATC

[6342] 6601 CTCTATGAGA TCCTGCTAGG GAAAGCCACC CTGTATGCTG TGCTTGTCAG TACACTGGTG

[6343] 6661 GTGATGGCTA TGGTCAAAAG AAAGAATTCA GGGTCAGGCG CTACTAACTT CAGCCTGCTG

[6344] 6721 AAGCAGGCTG GAGACGTGGA GGAGAACCCT GGACCTATGC TACTACTTGT GACCTCACTA

[6345] 6781 TTGTTATGCG AACTCCCTCA TCCCGCATTC TTGCTGATTC CAGAAGTTCA GCTGGTAGAG

[6346] 6841 TCCGGTGGCG GGCTGGTACA GCCAGGGGGA TCTCTCCGTC TCTCATGTGC TGCCAGTGGG

[6347] 6901 GGAGATTGGT CCGCTAACTT TATGTACTGG TATCGTCAAG CACCTGGGAA ACAACGCGAG

[6348] 6961 CTGGTTGCAC GGATCTCTGG ACGAGGGGTA GTGGATTACG TGGAAAGTGT GAAAGGACGA

[6349] 7021 TTCACAATTT CCAGGGACAA TTCTAAAAAC ACCCTTTATT TGCAAATGAA TAGTCTGAGA

[6350] 7081 GCAGAAGACA CAGCCGTATA TTATTGTGCA GTCGCATCCT ATTGGGGGCA GGGGACTCTT

[6351] 7141 GTCACAGTCT CGAGTGCTGC CGCAGGAGGC GGTGGCAGTG GTGGGGGAGG ATCTGGCGGA

[6352] 7201 GGAGGTAGCC TCGAGGATGG TAATGAAGAA ATGGGTGGTA TTACACAGAC ACCATATAAA

[6353] 7261 GTCTCCATCT CTGGAACCAC AGTAATATTG ACATGCCCTC AGTATCCTGG ATCTGAAATA

[6354] 7321 CTATGGCAAC ACAATGAcAA AAACATAGGC GGaGATGAGG ATGATAAgAA CATAGGCAGT

[6355] 7381 GATGAGGATC ACCTGTCACT GAAGGAATTT TCAGAATTGG AGCAAAGTGG TTATTATGTC

[6356] 7441 TGCTACCCCA GAGGAAGCAA ACCAGAAGAT GCGAACTTTT ATCTCTACCT GAGGGCAAGA

[6357] 7501 GTGTGTGAGA ACTGCATGGA GATGGATGTG ATGTCGGTGG CCACAATTGT CATAGTGGAC

[6358] 7561 ATCTGCATCA CTGGGGGCTT GCTGCTGCTG GTTTACTACT GGAGCAAGAA TAGAAAGGCC

[6359] 7621 AAGGCCAAGC CTGTGACACG AGGAGCGGGT GCTGGCGGCA GGCAAAGGGG ACAAAACAAG

[6360] 7681 GAGAGGCCAC CACCTGTTCC CAACCCAGAC TATGAGCCCA TCCGGAAAGG CCAGCGGGAC

[6361] 7741 CTGTATTCTG GCCTGAATCA GAGACGCATC TAAGATATCG AGCATCTTAC CGCCATTTAT

[6362] 7801 ACCCATATTT GTTCTGTTTT TCTTGATTTG GGTATACATT TAAATGTTAA TAAAACAAAA

[6363] 7861 TGGTGGGGCA ATCATTTACA TTTTTAGGGA TATGTAATTA CTAGTTCAGG TGTATTGCCA

[6364] 7921 CAAGACAAAC ATGTTAAGAA ACTTTCCCGT TATTTACGCT CTGTTCCTGT TAATCAACCT

[6365] 7981 CTGGATTACA AAATTTGTGA AAGATTGACT GATATTCTTA ACTATGTTGC TCCTTTTACG

[6366] 8041 CTGTGTGGAT ATGCTGCTTT ATAGCCTCTG TATCTAGCTA TTGCTTCCCG TACGGCTTTC

[6367] 8101 GTTTTCTCCT CCTTGTATAA ATCCTGGTTG CTGTCTCTTT TAGAGGAGTT GTGGCCCGTT

[6368] 8161 GTCCGTCAAC GTGGCGTGGT GTGCTCTGTG TTTGCTGACG CAACCCCCAC TGGCTGGGGC

[6369] 8221 ATTGCCACCA CCTGTCAACT CCTTTCTGGG ACTTTCGCTT TCCCCCTCCC GATCGCCACG

[6370] 8281 GCAGAACTCA TCGCCGCCTG CCTTGCCCGC TGCTGGACAG GGGCTAGGTT GCTGGGCACT

[6371] 8341 GATAATTCCG TGGTGTTGTC AGTACTGGTA CCTTTAAGAC CAATGACTTA CAAGGCAGCT

[6372] 8401 GTAGATCTTA GCCACTTTTT AAAAGAAAAG GGGGGACTGG AAGGGCTAAT TCACTCCCAA

[6373] 8461 AGAAGACAAG ATCTGCTTTT TGCCTGTACT GGGTCTCTCT GGTTAGACCA GATCTGAGCC

[6374] 8521 TGGGAGCTCT CTGGCTAACT AGGGAACCCA CTGCTTAAGC CTCAATAAAG CTTGCCTTGA

[6375] 8581 GTGCTTCAAG TAGTGTGTGC CCGTCTGTTG TGTGACTCTG GTAACTAGAG ATCCCTCAGA

[6376] 8641 CCCTTTTAGT CAGTGTGGAA AATCTCTAGC A

[6377] pLKaUS MH1mTRAC(2-137) P2A MH1mTRBC(2-173) (서열 식별 번호:194)

[6378] 1 CTCGCTGCGC TCGGTCGTTC GGCTGCGGCG AGCGGTATCA GCTCACTCAA AGGCGGTAAT

[6379] 61 ACGGTTATCC ACAGAATCAG GGGATAACGC AGGAAAGAAC ATGTGAGCAA AAGGCCAGCA

[6380] 121 AAAGGCCAGG AACCGTAAAA AGGCCGCGTT GCTGGCGTTT TTCCATAGGC TCCGCCCCCC

[6381] 181 TGACGAGCAT CACAAAAATC GACGCTCAAG TCAGAGGTGG CGAAACCCGA CAGGACTATA

[6382] 241 AAGATACCAG GCGTTTCCCC CTGGAAGCTC CCTCGTGCGC TCTCCTGTTC CGACCCTGCC

[6383] 301 GCTTACCGGA TACCTGTCCG CCTTTCTCCC TTCGGGAAGC GTGGCGCTTT CTCATAGCTC

[6384] 361 ACGCTGTAGG TATCTCAGTT CGGTGTAGGT CGTTCGCTCC AAGCTGGGCT GTGTGCACGA

[6385] 421 ACCCCCCGTT CAGCCCGACC GCTGCGCCTT ATCCGGTAAC TATCGTCTTG AGTCCAACCC

[6386] 481 GGTAAGACAC GACTTATCGC CACTGGCAGC AGCCACTGGT AACAGGATTA GCAGAGCGAG

[6387] 541 GTATGTAGGC GGTGCTACAG AGTTCTTGAA GTGGTGGCCT AACTACGGCT ACACTAGAAG

[6388] 601 AACAGTATTT GGTATCTGCG CTCTGCTGAA GCCAGTTACC TTCGGAAAAA GAGTTGGTAG

[6389] 661 CTCTTGATCC GGCAAACAAA CCACCGCTGG TAGCGGTGGT TTTTTTGTTT GCAAGCAGCA

[6390] 721 GATTACGCGC AGAAAAAAAG GATCTCAAGA AGATCCTTTG ATCTTTTCTA CGGGGTCTGA

[6391] 781 CGCTCAGTGG AACGAAAACT CACGTTAAGG GATTTTGGTC ATGAGTTAAT TAACTTGCGC

[6392] 841 CGTCCCGTCA AGTCAGCGTA ATGCTCTGCC AGTGTTACAA CCAATTAACC AATTCTGATT

[6393] 901 AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT CACATCAGGA TTATCAATAC

[6394] 961 CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA CTCACCGAGG CAGTTCCATA

[6395] 1021 GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG TCCAACATCA ATACAACCTA

[6396] 1081 TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA ATCACCATGA GTGACGACTG

[6397] 1141 AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA GACTTGTTCA ACAGGCCAGC

[6398] 1201 CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC GTTATTCATT CGTGATTGCG

[6399] 1261 CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA ATTACAAACA GGAATCGAAT

[6400] 1321 GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT TTCACCTGAA TCAGGATATT

[6401] 1381 CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT GGTGAGTAAC CATGCATCAT

[6402] 1441 CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT AAATTCCGTC AGCCAGTTTA

[6403] 1501 GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC TTTGCCATGT TTCAGAAACA

[6404] 1561 ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT CGCACCTGAT TGCCCGACAT

[6405] 1621 TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT GTTGGAATTT AATCGCGGCC

[6406] 1681 TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT ATTACTGTTT ATGTAAGCAG

[6407] 1741 ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC AATGTAACAT CAGAGATTTT

[6408] 1801 GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT

[6409] 1861 CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG

[6410] 1921 AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT

[6411] 1981 CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC

[6412] 2041 CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG

[6413] 2101 CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG AAAGCGAAAG GAGCGGGCGCTAAGGCGCTG

[6414] 2161 GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA

[6415] 2221 CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA

[6416] 2281 GGAGAAAATA CATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG

[6417] 2341 GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC CTAGGGGACA TTGATTATTG

[6418] 2401 ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC ATAGCCCATA TATGGAGTTC

[6419] 2461 CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC CGCCCAACGA CCCCCGCCCA

[6420] 2521 TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA TAGGGACTTT CCATTGACGT

[6421] 2581 CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG TACATCAAGT GTATCATATG

[6422] 2641 CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC CCGCCTGGCA TTATGCCCAG

[6423] 2701 TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT ACGTATTAGT CATCGCTATT

[6424] 2761 ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG GATAGCGGTT TGACTCACGG

[6425] 2821 GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT TGTTTTGGCA CCAAAATCAA

[6426] 2881 CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA CGCAAATGGG CGGTAGGCGT

[6427] 2941 GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA

[6428] 3001 CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA

[6429] 3061 AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA

[6430] 3121 GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT AGCAGTGGCG CCCGAACAGG

[6431] 3181 GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC GCAGGACTCG GCTTGCTGAA

[6432] 3241 GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA CGCCAAAAAT TTTGACTAGC

[6433] 3301 GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA TTAAGCGGGG GAGAATTAGA

[6434] 3361 TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA CAATATAAAC TAAAACATAT

[6435] 3421 AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT CCTGGCCTTT TAGAGACATC

[6436] 3481 AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC CTTCAGACAG GATCAGAAGA

[6437] 3541 ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT GTGCATCAAA GGATAGATGT

[6438] 3601 AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG CAAAACAAAAGTAAGAAAAA

[6439] 3661 GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG CGATATGAGG GACAATTGGA

[6440] 3721 GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC ATTAGGAGTA GCACCCACCA

[6441] 3781 AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT GGGAATAGGA GCTTTGTTCC

[6442] 3841 TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC GTCAATGACG CTGACGGTAC

[6443] 3901 AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA CAATTTGCTG AGGGCTATTG

[6444] 3961 AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT CAAACAGCTC CAGGCAAGAA

[6445] 4021 TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT GGGGATTTGG GGTTGCTCTG

[6446] 4081 GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG TTGGAGTAAT AAATCTCTGG

[6447] 4141 AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG AGAAATTAAC AATTACACAA

[6448] 4201 GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA AGAAAAGAAT GAACAAGAAT

[6449] 4261 TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT TAACATAACA AATTGGCTGT

[6450] 4321 GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG

[6451] 4381 CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC ACCATTATCG TTTCAGACCC

[6452] 4441 ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT ATTCATCCAC AATTTTAAAA

[6453] 4501 GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT AGTAGACATA ATAGCAACAG

[6454] 4561 ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT TCAAAATTTT CGGGTTTATT

[6455] 4621 ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG

[6456] 4681 GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG GGAGGGGTCG GCAATTGAAC

[6457] 4741 CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT GATGTCGTGT ACTGGCTCCG

[6458] 4801 CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA GTAGTCGCCG TGAACGTTCT

[6459] 4861 TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC

[6460] 4921 TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT ACTTCCACGC CCCTGGCTGC

[6461] 4981 AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT

[6462] 5041 GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC

[6463] 5101 GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG

[6464] 5161 CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA

[6465] 5221 ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG GGCCGCGGGC GGCGACGGGG

[6466] 5281 CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT GCGAGCGCGG CCACCGAGAA

[6467] 5341 TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT

[6468] 5401 GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA

[6469] 5461 GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG GAGGACGCGG CGCTCGGGAG

[6470] 5521 AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT

[6471] 5581 CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT CGATTAGTTC TCGAGCTTTT

[6472] 5641 GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC GATGGAGTTT CCCCACACTG

[6473] 5701 AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT GTAATTCTCC TTGGAATTTG

[6474] 5761 CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA GACAGTGGTT CAAAGTTTTT

[6475] 5821 TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCATGCCGC CACCATGCTT CTCCTGGTGA

[6476] 5881 CAAGCCTTCT GCTCTGTGAG TTACCACACC CAGCATTCCT CCTGATCCCA GAAGTTCAGC

[6477] 5941 TGGTAGAGTC CGGTGGCGGG CTGGTACAGC CAGGGGGATC TCTCCGTCTC TCATGTGCTG

[6478] 6001 CCAGTGGGGG AGATTGGTCC GCTAACTTTA TGTACTGGTA TCGTCAAGCA CCTGGGAAAC

[6479] 6061 AACGCGAGCT GGTTGCACGG ATCTCTGGAC GAGGGGTAGT GGATTACGTG GAAAGTGTGA

[6480] 6121 AAGGACGATT CACAATTTCC AGGGACAATT CTAAAAACAC CCTTTATTTG CAAATGAATA

[6481] 6181 GTCTGAGAGC AGAAGACACA GCCGTATATT ATTGTGCAGT CGCATCCTAT TGGGGGCAGG

[6482] 6241 GGACTCTTGT CACAGTCTCG AGTATTCAGA ACCCTGAGCC TGCCGTGTAT CAACTGAAGG

[6483] 6301 ACCCTAGAAG CCAGGACAGC ACCCTGTGCC TGTTCACCGA CTTCGACAGC CAGATCAACG

[6484] 6361 TGCCCAAGAC CATGGAAAGC GGCACCTTCA TCACCGATAA GACTGTGCTG GACATGAAGG

[6485] 6421 CCATGGACAG CAAGAGCAAC GGCGCCATTG CATGGTCCAA TCAGACCAGC TTTACCTGCC

[6486] 6481 AAGACATCTT CAAAGAGACA AACGCCACCT ACCCCAGTTC AGACGTTCCC TGTGATGCCA

[6487] 6541 CGTTGACTGA GAAAAGCTTT GAAACAGATA TGAACCTAAA CTTTCAAAAC CTGTCAGTTA

[6488] 6601 TGGGACTCCG AATCCTCCTG CTGAAAGTAG CCGGATTTAA CCTGCTCATG ACGCTGAGGC

[6489] 6661 TGTGGTCCAG TGGCAGCGGC GCTACTAACT TCAGCCTGCT GAAGCAGGCT GGAGACGTGG

[6490] 6721 AGGAGAACCC TGGACCTATG CTACTACTTG TGACCTCACT ATTGTTATGC GAACTCCCTC

[6491] 6781 ATCCCGCATT CTTGCTGATT CCAGAGGTGC AACTTGTGGA AAGTGGGGGA GGTCTCGTTC

[6492] 6841 AACCTGGTGG CAGCCTTAGA CTGAGCTGCG CAGCTTCAGG AGGTGACTGG AGTGCAAATT

[6493] 6901 TCATGTATTG GTACAGACAG GCTCCAGGAA AGCAGCGAGA ACTTGTAGCC AGAATTAGCG

[6494] 6961 GTAGGGGAGT TGTCGACTAT GTCGAGTCAG TTAAGGGTAG GTTTACCATC AGTCGAGATA

[6495] 7021 ACAGCAAGAA TACATTGTAC CTCCAGATGA ACTCACTTCG GGCTGAGGAT ACTGCAGTGT

[6496] 7081 ACTACTGCGC TGTTGCTAGT TACTGGGGAC AAGGTACATT GGTAACTGTT AGTTCAGATC

[6497] 7141 TGAGAAATGT GACTCCACCC AAGGTCTCCT TGTTTGAGCC ATCAAAAGCA GAGATTGCAA

[6498] 7201 ACAAACAAAA GGCTACCCTC GTGTGCTTGG CCAGGGGCTT CTTCCCTGAC CACGTGGAGC

[6499] 7261 TGAGCTGGTG GGTGAATGGC AAGGAGGTCC ACAGTGGGGT CAGCACGGAC CCaCAGGCCT

[6500] 7321 ACAAGGAGAG CAATTATAGC TACTGCCTGA GCAGCCGCCT GAGGGTCTCT GCTACCTTCT

[6501] 7381 GGCACAATCC TCGCAACCAC TTCCGCTGCC AAGTGCAGTT CCATGGGCTT TCAGAGGAGG

[6502] 7441 ACAAGTGGCC AGAGGGCTCA CCCAAACCTG TCACACAGAA CATCAGTGCA GAGGCCTGGG

[6503] 7501 GTCGAGCAGA CTGTGGTATT ACCTCAGCAT CCTATCAACA AGGAGTCTTG TCTGCCACCA

[6504] 7561 TCCTCTATGA GATCCTGCTA GGGAAAGCCA CCCTGTATGC TGTGCTTGTC AGTACACTGG

[6505] 7621 TGGTGATGGC TATGGTCAAA AGAAAGAATT CATGAGATAT CGAGCATCTT ACCGCCATTT

[6506] 7681 ATACCCATAT TTGTTCTGTT TTTCTTGATT TGGGTATACA TTTAAATGTT AATAAAACAA

[6507] 7741 AATGGTGGGG CAATCATTTA CATTTTTAGG GATATGTAAT TACTAGTTCA GGTGTATTGC

[6508] 7801 CACAAGACAA ACATGTTAAG AAACTTTCCC GTTATTTACG CTCTGTTCCT GTTAATCAAC

[6509] 7861 CTCTGGATTA CAAAATTTGT GAAAGATTGA CTGATATTCT TAACTATGTT GCTCCTTTTA

[6510] 7921 CGCTGTGTGG ATATGCTGCT TTATAGCCTC TGTATCTAGC TATTGCTTCC CGTACGGCTT

[6511] 7981 TCGTTTTCTC CTCCTTGTAT AAATCCTGGT TGCTGTCTCT TTTAGAGGAG TTGTGGCCCG

[6512] 8041 TTGTCCGTCA ACGTGGCGTG GTGTGCTCTG TGTTTGCTGA CGCAACCCCC ACTGGCTGGG

[6513] 8101 GCATTGCCAC CACCTGTCAA CTCCTTTCTG GGACTTTCGC TTTCCCCCTC CCGATCGCCA

[6514] 8161 CGGCAGAACT CATCGCCGCC TGCCTTGCCC GCTGCTGGAC AGGGGCTAGG TTGCTGGGCA

[6515] 8221 CTGATAATTC CGTGGTGTTG TCAGTACTGG TACCTTTAAG ACCAATGACT TACAAGGCAG

[6516] 8281 CTGTAGATCT TAGCCACTTT TTAAAAGAAA AGGGGGGACT GGAAGGGCTA ATTCACTCCC

[6517] 8341 AAAGAAGACA AGATCTGCTT TTTGCCTGTA CTGGGTCTCT CTGGTTAGAC CAGATCTGAG

[6518] 8401 CCTGGGAGCT CTCTGGCTAA CTAGGGAACC CACTGCTTAA GCCTCAATAA AGCTTGCCTT

[6519] 8461 GAGTGCTTCA AGTAGTGTGT GCCCGTCTGT TGTGTGACTC TGGTAACTAG AGATCCCTCA

[6520] 8521 GACCCTTTTA GTCAGTGTGG AAAATCTCTA GCATGATCAT AATCAAGCCA TATCACATCT

[6521] 8581 GTAGAGGTTT ACTTGCTTTA AAAAACCTCC ACACCTCCCC CTGAACCTGA AACATAAAAT

[6522] 8641 GAATGCAATT GTTGTTGTTA ACTTGTTTAT TGCAGCTTAT AATGGTTACA AATAAAGCAA

[6523] 8701 TAGCATCACA AATTTCACAA ATAAAGCATT TTTTTCACTG CATTCTAGTT GTGGTTTGTC

[6524] 8761 CAAACTCATC AATGTATCTT ATCATGTCTG GATCTGCGTC GACACGAAGA GACGACTGAC

[6525] 8821 TGACTGACTG GAAAGAGGAA GGGCTGGAAG AGGAAGGAGC TTGATCCAGA TCCCGATCTC

[6526] 8881 GATCCAGATC CGGATCGCAG CTTGGTCTTC CGCTTCCTCG CTCACTGA

[6527] pLKaUS mTRAC(2-137) T2A mTRBC(2-173) P2A MH1CD3ε (서열 식별 번호:195)

[6528] 1 CTCGCTGCGC TCGGTCGTTC GGCTGCGGCG AGCGGTATCA GCTCACTCAA AGGCGGTAAT

[6529] 61 ACGGTTATCC ACAGAATCAG GGGATAACGC AGGAAAGAAC ATGTGAGCAA AAGGCCAGCA

[6530] 121 AAAGGCCAGG AACCGTAAAA AGGCCGCGTT GCTGGCGTTT TTCCATAGGC TCCGCCCCCC

[6531] 181 TGACGAGCAT CACAAAAATC GACGCTCAAG TCAGAGGTGG CGAAACCCGA CAGGACTATA

[6532] 241 AAGATACCAG GCGTTTCCCC CTGGAAGCTC CCTCGTGCGC TCTCCTGTTC CGACCCTGCC

[6533] 301 GCTTACCGGA TACCTGTCCG CCTTTCTCCC TTCGGGAAGC GTGGCGCTTT CTCATAGCTC

[6534] 361 ACGCTGTAGG TATCTCAGTT CGGTGTAGGT CGTTCGCTCC AAGCTGGGCT GTGTGCACGA

[6535] 421 ACCCCCCGTT CAGCCCGACC GCTGCGCCTT ATCCGGTAAC TATCGTCTTG AGTCCAACCC

[6536] 481 GGTAAGACAC GACTTATCGC CACTGGCAGC AGCCACTGGT AACAGGATTA GCAGAGCGAG

[6537] 541 GTATGTAGGC GGTGCTACAG AGTTCTTGAA GTGGTGGCCT AACTACGGCT ACACTAGAAG

[6538] 601 AACAGTATTT GGTATCTGCG CTCTGCTGAA GCCAGTTACC TTCGGAAAAA GAGTTGGTAG

[6539] 661 CTCTTGATCC GGCAAACAAA CCACCGCTGG TAGCGGTGGT TTTTTTGTTT GCAAGCAGCA

[6540] 721 GATTACGCGC AGAAAAAAAG GATCTCAAGA AGATCCTTTG ATCTTTTCTA CGGGGTCTGA

[6541] 781 CGCTCAGTGG AACGAAAACT CACGTTAAGG GATTTTGGTC ATGAGTTAAT TAACTTGCGC

[6542] 841 CGTCCCGTCA AGTCAGCGTA ATGCTCTGCC AGTGTTACAA CCAATTAACC AATTCTGATT

[6543] 901 AGAAAAACTC ATCGAGCATC AAATGAAACT GCAATTTATT CACATCAGGA TTATCAATAC

[6544] 961 CATATTTTTG AAAAAGCCGT TTCTGTAATG AAGGAGAAAA CTCACCGAGG CAGTTCCATA

[6545] 1021 GGATGGCAAG ATCCTGGTAT CGGTCTGCGA TTCCGACTCG TCCAACATCA ATACAACCTA

[6546] 1081 TTAATTTCCC CTCGTCAAAA ATAAGGTTAT CAAGTGAGAA ATCACCATGA GTGACGACTG

[6547] 1141 AATCCGGTGA GAATGGCAAA AGTTTATGCA TTTCTTTCCA GACTTGTTCA ACAGGCCAGC

[6548] 1201 CATTACGCTC GTCATCAAAA TCACTCGCAT CAACCAAACC GTTATTCATT CGTGATTGCG

[6549] 1261 CCTGAGCAAG ACGAAATACG CGATCGCTGT TAAAAGGACA ATTACAAACA GGAATCGAAT

[6550] 1321 GCAACCGGCG CAGGAACACT GCCAGCGCAT CAACAATATT TTCACCTGAA TCAGGATATT

[6551] 1381 CTTCTAATAC CTGGAATGCT GTTTTTCCGG GGATCGCAGT GGTGAGTAAC CATGCATCAT

[6552] 1441 CAGGAGTACG GATAAAATGC TTGATGGTCG GAAGAGGCAT AAATTCCGTC AGCCAGTTTA

[6553] 1501 GTCTGACCAT CTCATCTGTA ACATCATTGG CAACGCTACC TTTGCCATGT TTCAGAAACA

[6554] 1561 ACTCTGGCGC ATCGGGCTTC CCATACAAGC GATAGATTGT CGCACCTGAT TGCCCGACAT

[6555] 1621 TATCGCGAGC CCATTTATAC CCATATAAAT CAGCATCCAT GTTGGAATTT AATCGCGGCC

[6556] 1681 TCGACGTTTC CCGTTGAATA TGGCTCATAA CACCCCTTGT ATTACTGTTT ATGTAAGCAG

[6557] 1741 ACAGTTTTAT TGTTCATGAT GATATATTTT TATCTTGTGC AATGTAACAT CAGAGATTTT

[6558] 1801 GAGACACAAC GTGGCTTTCC CCCCCCCCCC CATGACATTA ACCTATAAAA ATAGGCGTAT

[6559] 1861 CACGAGGCCA GCTTGGGAAA CCATAAGACC GAGATAGAGT TGAGTGTTGT TCCAGTTTGG

[6560] 1921 AACAAGAGTC CACTATTAAA GAACGTGGAC TCCAACGTCA AAGGGCGAAA AACCGTCTAT

[6561] 1981 CAGGGCGATG GCCCACTACG TGAACCATCA CCCAAATCAA GTTTTTTGGG GTCGAGGTGC

[6562] 2041 CGTAAAGCAC TAAATCGGAA CCCTAAAGGG AGCCCCCGAT TTAGAGCTTG ACGGGGAAAG

[6563] 2101 CCGGCGAACG TGGCGAGAAA GGAAGGGAAG AAAGCGAAAG GAGCGGGCGCTAAGGCGCTG

[6564] 2161 GCAAGTGTAG CGGTCACGCT GCGCGTAACC ACCACACCCG CCGCGCTTAA TGCGCCGCTA

[6565] 2221 CAGGGCGCGT ACTATGGTTG CTTTGACGTA TGCGGTGTGA AATACCGCAC AGATGCGTAA

[6566] 2281 GGAGAAAATA CATCGTGATC CGGATCAAGA TCCAGATCGA ATTGGAGGCT ACAGTCAGTG

[6567] 2341 GAGAGGACTT TCACTGACTG ACTGACTGCG TCTCAACCTC CTAGGGGACA TTGATTATTG

[6568] 2401 ACTAGTTATT AATAGTAATC AATTACGGGG TCATTAGTTC ATAGCCCATA TATGGAGTTC

[6569] 2461 CGCGTTACAT AACTTACGGT AAATGGCCCG CCTGGCTGAC CGCCCAACGA CCCCCGCCCA

[6570] 2521 TTGACGTCAA TAATGACGTA TGTTCCCATA GTAACGCCAA TAGGGACTTT CCATTGACGT

[6571] 2581 CAATGGGTGG AGTATTTACG GTAAACTGCC CACTTGGCAG TACATCAAGT GTATCATATG

[6572] 2641 CCAAGTACGC CCCCTATTGA CGTCAATGAC GGTAAATGGC CCGCCTGGCA TTATGCCCAG

[6573] 2701 TACATGACCT TATGGGACTT TCCTACTTGG CAGTACATCT ACGTATTAGT CATCGCTATT

[6574] 2761 ACCATGGTGA TGCGGTTTTG GCAGTACATC AATGGGCGTG GATAGCGGTT TGACTCACGG

[6575] 2821 GGATTTCCAA GTCTCCACCC CATTGACGTC AATGGGAGTT TGTTTTGGCA CCAAAATCAA

[6576] 2881 CGGGACTTTC CAAAATGTCG TAACAACTCC GCCCCATTGA CGCAAATGGG CGGTAGGCGT

[6577] 2941 GTACGGTGGG AGGTCTATAT AAGCAGAGCT CGTTTAGTGA ACCGGGTCTC TCTGGTTAGA

[6578] 3001 CCAGATCTGA GCCTGGGAGC TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA

[6579] 3061 AAGCTTGCCT TGAGTGCTCA AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA

[6580] 3121 GAGATCCCTC AGACCCTTTT AGTCAGTGTG GAAAATCTCT AGCAGTGGCG CCCGAACAGG

[6581] 3181 GACTTGAAAG CGAAAGTAAA GCCAGAGGAG ATCTCTCGAC GCAGGACTCG GCTTGCTGAA

[6582] 3241 GCGCGCACGG CAAGAGGCGA GGGGCGGCGA CTGGTGAGTA CGCCAAAAAT TTTGACTAGC

[6583] 3301 GGAGGCTAGA AGGAGAGAGT AGGGTGCGAG AGCGTCGGTA TTAAGCGGGG GAGAATTAGA

[6584] 3361 TAAATGGGAA AAAATTCGGT TAAGGCCAGG GGGAAAGAAA CAATATAAAC TAAAACATAT

[6585] 3421 AGTTAGGGCA AGCAGGGAGC TAGAACGATT CGCAGTTAAT CCTGGCCTTT TAGAGACATC

[6586] 3481 AGAAGGCTGT AGACAAATAC TGGGACAGCT ACAACCATCC CTTCAGACAG GATCAGAAGA

[6587] 3541 ACTTAGATCA TTATATAATA CAATAGCAGT CCTCTATTGT GTGCATCAAA GGATAGATGT

[6588] 3601 AAAAGACACC AAGGAAGCCT TAGATAAGAT AGAGGAAGAG CAAAACAAAAGTAAGAAAAA

[6589] 3661 GGCACAGCAA GCGATCTTCA GACCTGGAGG AGGCAGGAGG CGATATGAGG GACAATTGGA

[6590] 3721 GAAGTGAATT ATATAAATAT AAAGTAGTAA AAATTGAACC ATTAGGAGTA GCACCCACCA

[6591] 3781 AGGCAAAGAG AAGAGTGGTG CAGAGAGAAA AAAGAGCAGT GGGAATAGGA GCTTTGTTCC

[6592] 3841 TTGGGTTCTT GGGAGCAGCA GGAAGCACTA TGGGCGCAGC GTCAATGACG CTGACGGTAC

[6593] 3901 AGGCCAGACA ATTATTGTCT GATATAGTGC AGCAGCAGAA CAATTTGCTG AGGGCTATTG

[6594] 3961 AGGCGCAACA GCATCTGTTG CAACTCACAG TCTGGGGCAT CAAACAGCTC CAGGCAAGAA

[6595] 4021 TCCTGGCTGT GGAAAGATAC CTAAAGGATC AACAGCTCCT GGGGATTTGG GGTTGCTCTG

[6596] 4081 GAAAACTCAT TTGCACCACT GCTGTGCCTT GGAATGCTAG TTGGAGTAAT AAATCTCTGG

[6597] 4141 AACAGATTTG GAATAACATG ACCTGGATGG AGTGGGACAG AGAAATTAAC AATTACACAA

[6598] 4201 GCTTAATACA CTCCTTAATT GAAGAATCGC AAAACCAGCA AGAAAAGAAT GAACAAGAAT

[6599] 4261 TATTGGAATT AGATAAATGG GCAAGTTTGT GGAATTGGTT TAACATAACA AATTGGCTGT

[6600] 4321 GGTATATAAA ATTATTCATA ATGATAGTAG GAGGCTTGGT AGGTTTAAGA ATAGTTTTTG

[6601] 4381 CTGTACTTTC TATAGTGAAT AGAGTTAGGC AGGGATATTC ACCATTATCG TTTCAGACCC

[6602] 4441 ACCTCCCAAT CCCGAGGGGA CCACGCGTAC AAATGGCAGT ATTCATCCAC AATTTTAAAA

[6603] 4501 GAAAAGGGGG GATTGGGGGG TACAGTGCAG GGGAAAGAAT AGTAGACATA ATAGCAACAG

[6604] 4561 ACATACAAAC TAAAGAATTA CAAAAACAAA TTACAAAAAT TCAAAATTTT CGGGTTTATT

[6605] 4621 ACAGGGACAG CAGAAATCCA CTTTGGAAAG CTGAGCATCC GGCTCCGGTG CCCGTCAGTG

[6606] 4681 GGCAGAGCGC ACATCGCCCA CAGTCCCCGA GAAGTTGGGG GGAGGGGTCG GCAATTGAAC

[6607] 4741 CGGTGCCTAG AGAAGGTGGC GCGGGGTAAA CTGGGAAAGT GATGTCGTGT ACTGGCTCCG

[6608] 4801 CCTTTTTCCC GAGGGTGGGG GAGAACCGTA TATAAGTGCA GTAGTCGCCG TGAACGTTCT

[6609] 4861 TTTTCGCAAC GGGTTTGCCG CCAGAACACA GGTAAGTGCC GTGTGTGGTT CCCGCGGGCC

[6610] 4921 TGGCCTCTTT ACGGGTTATG GCCCTTGCGT GCCTTGAATT ACTTCCACGC CCCTGGCTGC

[6611] 4981 AGTACGTGAT TCTTGATCCC GAGCTTCGGG TTGGAAGTGG GTGGGAGAGT TCGAGGCCTT

[6612] 5041 GCGCTTAAGG AGCCCCTTCG CCTCGTGCTT GAGTTGAGGC CTGGCCTGGG CGCTGGGGCC

[6613] 5101 GCCGCGTGCG AATCTGGTGG CACCTTCGCG CCTGTCTCGC TGCTTTCGAT AAGTCTCTAG

[6614] 5161 CCATTTAAAA TTTTTGATGA CCTGCTGCGA CGCTTTTTTT CTGGCAAGAT AGTCTTGTAA

[6615] 5221 ATGCGGGCCA AGATCTGCAC ACTGGTATTT CGGTTTTTGG GGCCGCGGGC GGCGACGGGG

[6616] 5281 CCCGTGCGTC CCAGCGCACA TGTTCGGCGA GGCGGGGCCT GCGAGCGCGG CCACCGAGAA

[6617] 5341 TCGGACGGGG GTAGTCTCAA GCTGGCCGGC CTGCTCTGGT GCCTGGCCTC GCGCCGCCGT

[6618] 5401 GTATCGCCCC GCCCTGGGCG GCAAGGCTGG CCCGGTCGGC ACCAGTTGCG TGAGCGGAAA

[6619] 5461 GATGGCCGCT TCCCGGCCCT GCTGCAGGGA GCTCAAAATG GAGGACGCGG CGCTCGGGAG

[6620] 5521 AGCGGGCGGG TGAGTCACCC ACACAAAGGA AAAGGGCCTT TCCGTCCTCA GCCGTCGCTT

[6621] 5581 CATGTGACTC CACGGAGTAC CGGGCGCCGT CCAGGCACCT CGATTAGTTC TCGAGCTTTT

[6622] 5641 GGAGTACGTC GTCTTTAGGT TGGGGGGAGG GGTTTTATGC GATGGAGTTT CCCCACACTG

[6623] 5701 AGTGGGTGGA GACTGAAGTT AGGCCAGCTT GGCACTTGAT GTAATTCTCC TTGGAATTTG

[6624] 5761 CCCTTTTTGA GTTTGGATCT TGGTTCATTC TCAAGCCTCA GACAGTGGTT CAAAGTTTTT

[6625] 5821 TTCTTCCATT TCAGGTGTCG TGAAAACTAC CCCATGCCGC CACCATGCTT CTCCTGGTGA

[6626] 5881 CAAGCCTTCT GCTCTGTGAG TTACCACACC CAGCATTCCT CCTGATCCCA ATTCAGAACC

[6627] 5941 CTGAGCCTGC CGTGTATCAA CTGAAGGACC CTAGAAGCCA GGACAGCACC CTGTGCCTGT

[6628] 6001 TCACCGACTT CGACAGCCAG ATCAACGTGC CCAAGACCAT GGAAAGCGGC ACCTTCATCA

[6629] 6061 CCGATAAGAC TGTGCTGGAC ATGAAGGCCA TGGACAGCAA GAGCAACGGC GCCATTGCAT

[6630] 6121 GGTCCAATCA GACCAGCTTT ACCTGCCAAG ACATCTTCAA AGAGACAAAC GCCACCTACC

[6631] 6181 CCAGTTCAGA CGTTCCCTGT GATGCCACGT TGACTGAGAA AAGCTTTGAA ACAGATATGA

[6632] 6241 ACCTAAACTT TCAAAACCTG TCAGTTATGG GACTCCGAAT CCTCCTGCTG AAAGTAGCCG

[6633] 6301 GATTTAACCT GCTCATGACG CTGAGGCTGT GGTCCAGTGG CAGCGGCGAG GGCAGAGGAA

[6634] 6361 GTCTGCTAAC ATGCGGTGAC GTCGAGGAGA ATCCTGGACC TATGCTACTA CTTGTGACCT

[6635] 6421 CACTATTGTT ATGCGAACTC CCTCATCCCG CATTCTTGCT GATTCCAGAT CTGAGAAATG

[6636] 6481 TGACTCCACC CAAGGTCTCC TTGTTTGAGC CATCAAAAGC AGAGATTGCA AACAAACAAA

[6637] 6541 AGGCTACCCT CGTGTGCTTG GCCAGGGGCT TCTTCCCTGA CCACGTGGAG CTGAGCTGGT

[6638] 6601 GGGTGAATGG CAAGGAGGTC CACAGTGGGG TCAGCACGGA CCCaCAGGCC TACAAGGAGA

[6639] 6661 GCAATTATAG CTACTGCCTG AGCAGCCGCC TGAGGGTCTC TGCTACCTTC TGGCACAATC

[6640] 6721 CTCGCAACCA CTTCCGCTGC CAAGTGCAGT TCCATGGGCT TTCAGAGGAG GACAAGTGGC

[6641] 6781 CAGAGGGCTC ACCCAAACCT GTCACACAGA ACATCAGTGC AGAGGCCTGG GGTCGAGCAG

[6642] 6841 ACTGTGGTAT TACCTCAGCA TCCTATCAAC AAGGAGTCTT GTCTGCCACC ATCCTCTATG

[6643] 6901 AGATCCTGCT AGGGAAAGCC ACCCTGTATG CTGTGCTTGT CAGTACACTG GTGGTGATGG

[6644] 6961 CTATGGTCAA AAGAAAGAAT TCAGGATCTG GTGCTACTAA CTTCAGCCTG CTGAAGCAGG

[6645] 7021 CTGGAGACGT GGAGGAGAAC CCTGGACCTA TGCTCCTGCT TGTGACGTCC CTCCTGCTTT

[6646] 7081 GTGAACTCCC GCATCCTGCC TTCCTGCTCA TCCCTGAAGT TCAGCTGGTA GAGTCCGGTG

[6647] 7141 GCGGGCTGGT ACAGCCAGGG GGATCTCTCC GTCTCTCATG TGCTGCCAGT GGGGGAGATT

[6648] 7201 GGTCCGCTAA CTTTATGTAC TGGTATCGTC AAGCACCTGG GAAACAACGC GAGCTGGTTG

[6649] 7261 CACGGATCTC TGGACGAGGG GTAGTGGATT ACGTGGAAAG TGTGAAAGGA CGATTCACAA

[6650] 7321 TTTCCAGGGA CAATTCTAAA AACACCCTTT ATTTGCAAAT GAATAGTCTG AGAGCAGAAG

[6651] 7381 ACACAGCCGT ATATTATTGT GCAGTCGCAT CCTATTGGGG GCAGGGGACT CTTGTCACAG

[6652] 7441 TCTCGAGTGC TGCCGCAGGA GGCGGTGGCA GTGGTGGGGG AGGATCTGGC GGAGGAGGTA

[6653] 7501 GCCTCGAGGA CGGAAACGAG GAGATGGGGG GAATCACTCA AACCCCTTAC AAGGTGTCTA

[6654] 7561 TTTCCGGCAC TACCGTGATT CTTACCTGTC CACAATACCC AGGCAGCGAT ATTCTCTGGC

[6655] 7621 AGCATAACGA CAAAAATATC GGAGGAGACG AAGACGACAA GAATATCGGG TCGGACGAAG

[6656] 7681 ACCATCTCAG CCTTAAAGAG TTCAGCGAGC TTGAACAGAG CGGCTACTAC GTTTGTTATC

[6657] 7741 CACGAGGGTC TAAGCCTGAG GACGCAAATT TCTACCTGTA TCTCAGAGCT AGGGTTTGCG

[6658] 7801 AAAATTGTAT GGAAATGGAC GTTATGAGTG TCGCTACGAT CGTGATTGTT GATATTTGTA

[6659] 7861 TTACAGGAGG GCTGCTTTTG CTCGTCTATT ATTGGTCTAA AAACCGGAAA GCTAAAGCAA

[6660] 7921 AACCCGTAAC GAGGGGCGCT GGAGCAGGAG GAAGACAGAG AGGCCAGAATAAAGAACGTC

[6661] 7981 CTCCCCCAGT GCCAAATCCC GATTACGAAC CAATTAGAAA GGGACAAAGA GATTTGTACA

[6662] 8041 GCGGACTCAA CCAACGGAGA ATTTGAGATA TCGAGCATCT TACCGCCATT TATACCCATA

[6663] 8101 TTTGTTCTGT TTTTCTTGAT TTGGGTATAC ATTTAAATGT TAATAAAACA AAATGGTGGG

[6664] 8161 GCAATCATTT ACATTTTTAG GGATATGTAA TTACTAGTTC AGGTGTATTG CCACAAGACA

[6665] 8221 AACATGTTAA GAAACTTTCC CGTTATTTAC GCTCTGTTCC TGTTAATCAA CCTCTGGATT

[6666] 8281 ACAAAATTTG TGAAAGATTG ACTGATATTC TTAACTATGT TGCTCCTTTT ACGCTGTGTG

[6667] 8341 GATATGCTGC TTTATAGCCT CTGTATCTAG CTATTGCTTC CCGTACGGCT TTCGTTTTCT

[6668] 8401 CCTCCTTGTA TAAATCCTGG TTGCTGTCTC TTTTAGAGGA GTTGTGGCCC GTTGTCCGTC

[6669] 8461 AACGTGGCGT GGTGTGCTCT GTGTTTGCTG ACGCAACCCC CACTGGCTGG GGCATTGCCA

[6670] 8521 CCACCTGTCA ACTCCTTTCT GGGACTTTCG CTTTCCCCCT CCCGATCGCC ACGGCAGAAC

[6671] 8581 TCATCGCCGC CTGCCTTGCC CGCTGCTGGA CAGGGGCTAG GTTGCTGGGC ACTGATAATT

[6672] 8641 CCGTGGTGTT GTCAGTACTG GTACCTTTAA GACCAATGAC TTACAAGGCA GCTGTAGATC

[6673] 8701 TTAGCCACTT TTTAAAAGAA AAGGGGGGAC TGGAAGGGCT AATTCACTCC CAAAGAAGAC

[6674] 8761 AAGATCTGCT TTTTGCCTGT ACTGGGTCTC TCTGGTTAGA CCAGATCTGA GCCTGGGAGC

[6675] 8821 TCTCTGGCTA ACTAGGGAAC CCACTGCTTA AGCCTCAATA AAGCTTGCCT TGAGTGCTTC

[6676] 8881 AAGTAGTGTG TGCCCGTCTG TTGTGTGACT CTGGTAACTA GAGATCCCTC AGACCCTTTT

[6677] 8941 AGTCAGTGTG GAAAATCTCT AGCATGATCA TAATCAAGCC ATATCACATC TGTAGAGGTT

[6678] 9001 TACTTGCTTT AAAAAACCTC CACACCTCCC CCTGAACCTG AAACATAAAA TGAATGCAAT

[6679] 9061 TGTTGTTGTT AACTTGTTTA TTGCAGCTTA TAATGGTTAC AAATAAAGCA ATAGCATCAC

[6680] 9121 AAATTTCACA AATAAAGCAT TTTTTTCACT GCATTCTAGT TGTGGTTTGT CCAAACTCAT

[6681] 9181 CAATGTATCT TATCATGTCT GGATCTGCGT CGACACGAAG AGACGACTGA CTGACTGACT

[6682] 9241 GGAAAGAGGA AGGGCTGGAA GAGGAAGGAG CTTGATCCAG ATCCCGATCT CGATCCAGAT

[6683] 9301 CCGGATCGCA GCTTGGTCTT CCGCTTCCTC GCTCACTGA

[6684] 항-MSLN-CD3 엡실론 (서열 식별 번호 198)

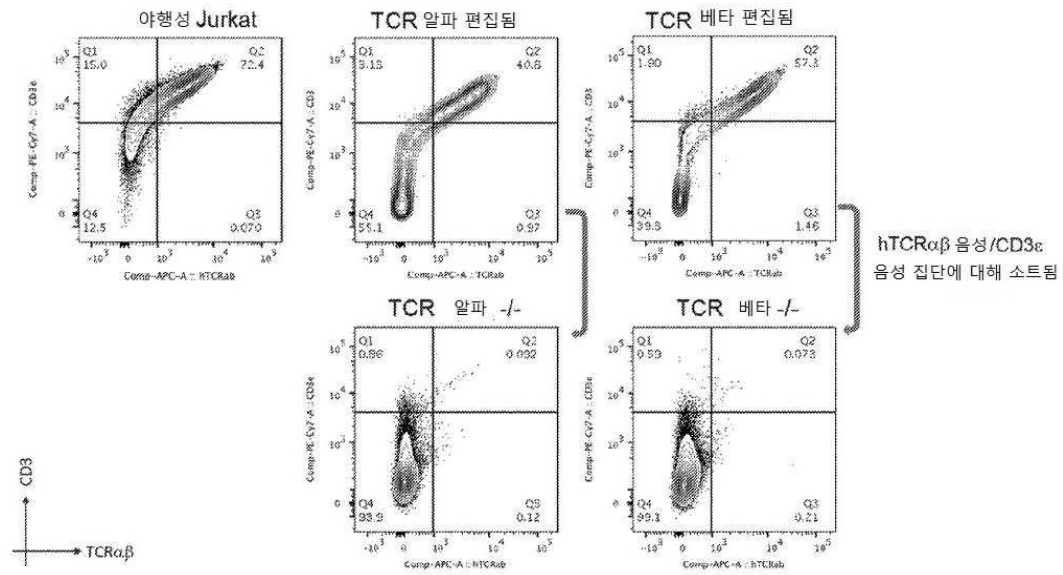
[6685] MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGGDWSANFMYWYRQAPGKQRELVARISGRGVVDYVESVKGRFTISRDNSKNTLYL
QMNSLRAEDTAVYYCAVASYWGQGTLVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDK
NIGSDEDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGSKPEDANFYLYLRARVCENCMEMDVMSVATIVIVDICITGGLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQRGQ
NKERPPPVPNPDYEPIRKGQRDLYSGLNQRRI

[6686] 항-CD19-CD3 엡실론 (서열 식별 번호 199)

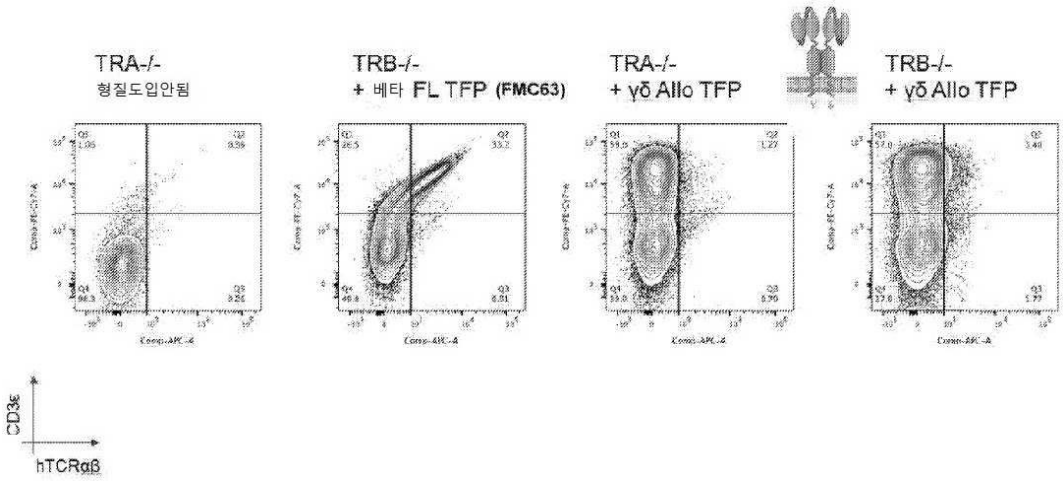
[6687] MLLLVTSLLLCELPHPAFLLIPDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISKYLNWYQQKPDGTVKLLIYHTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQ
EDIATYFCQQGNTLPYTFGGGTKLEITGGGGSGGGGSGGGGSEVKLQESGPGLVAPSQSLSVTCTVSGVSLPDYGVSWIRQPPRKGLEWLGVIWGSETTYYN
SALKSRLTIIKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTAIYYCAKHYYYGGSYAMDYWGQGTSVTVSSAAAGGGGSGGGGSGGGGSLEDGNEEMGGITQTPYKVSISGTT
VILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGSKPEDANFYLYLRARVCENCMEMDVMSVATIVIVDICITGGLLL
LVYYWSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDYEPIRKGQRDLYSGLNQRRI

도면

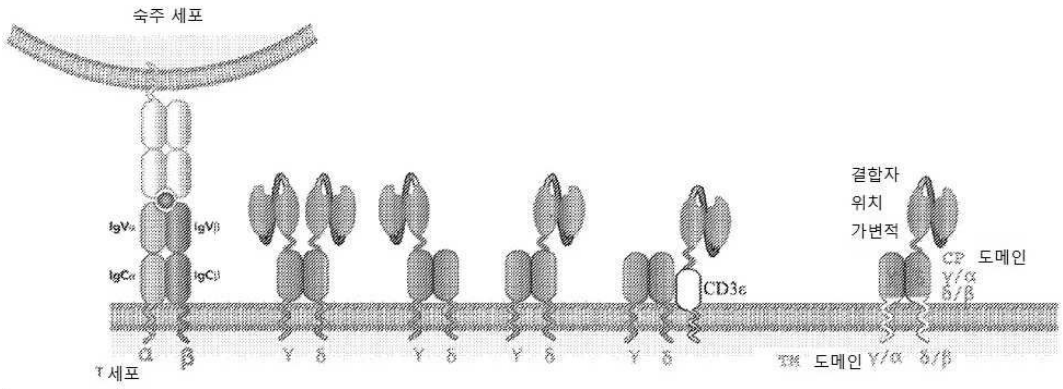
도면1



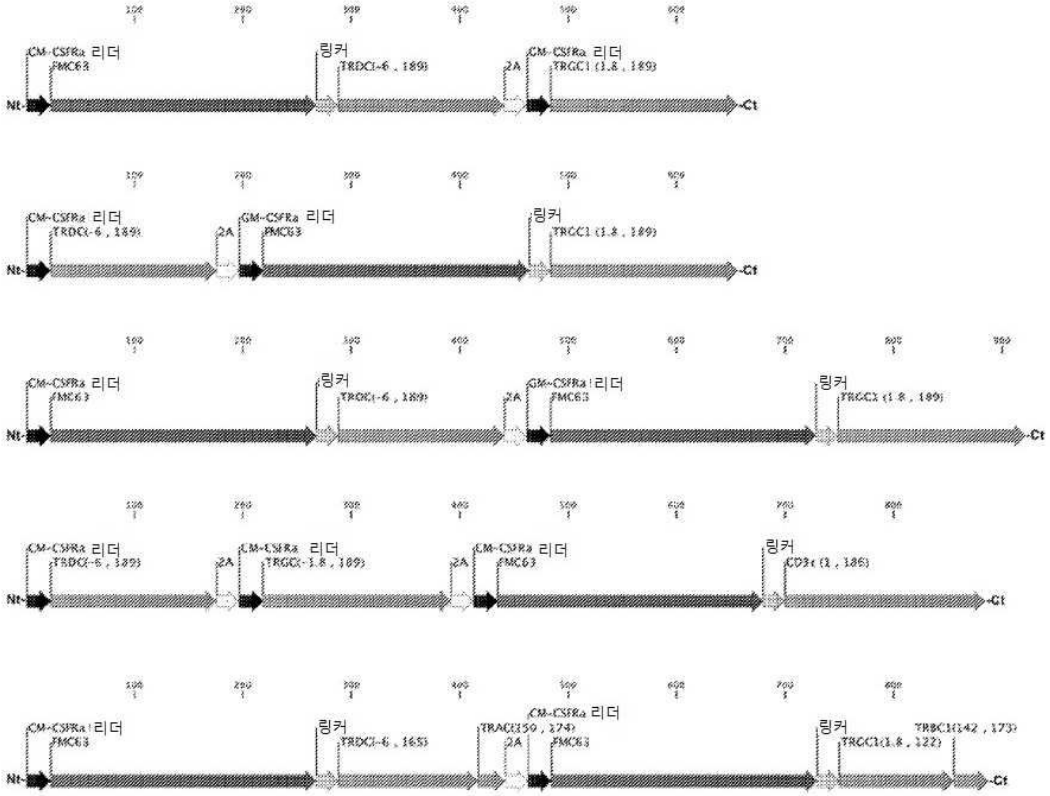
도면2



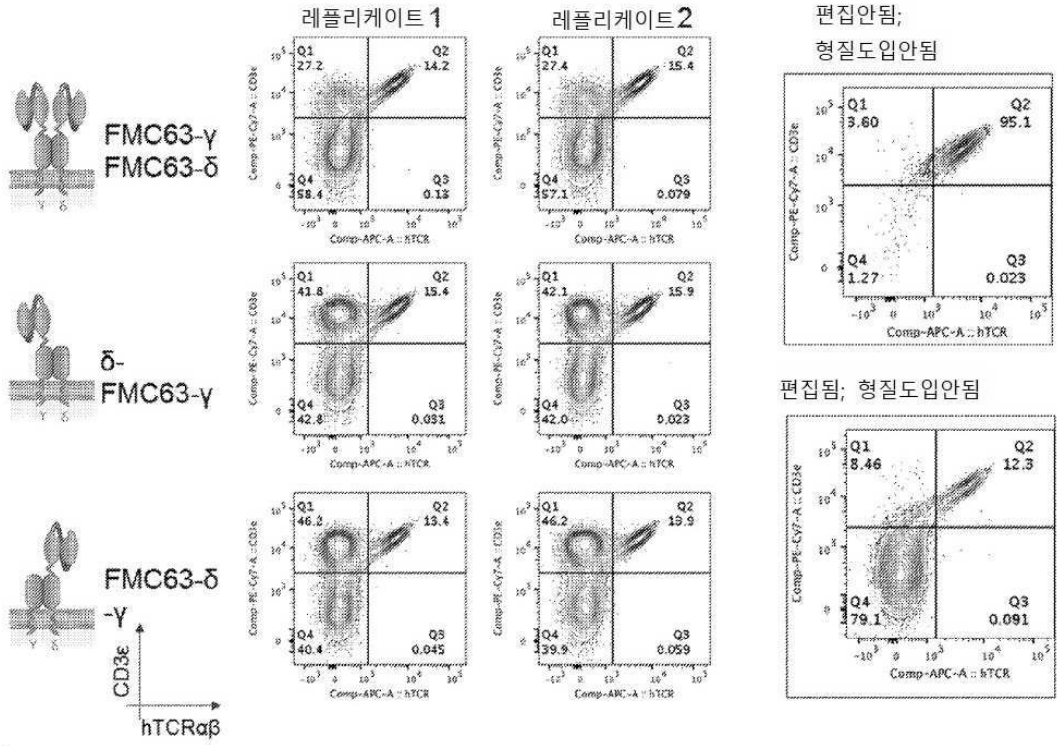
도면3



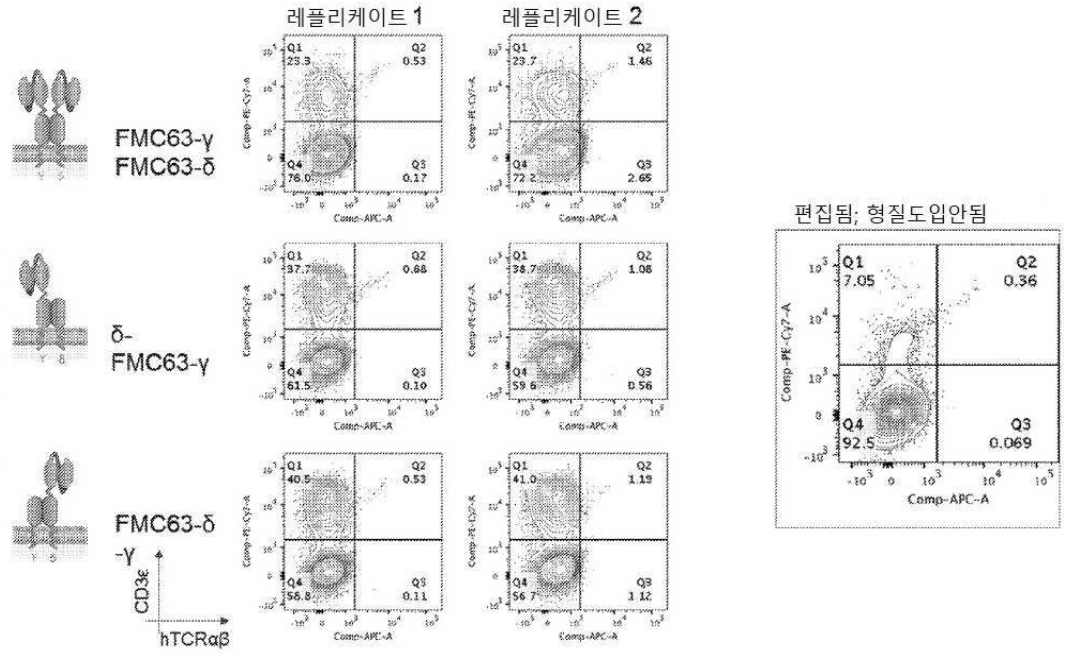
도면4


CM-CSFRa 리더
FMC63
링커
TRDC(1-6 , 189)
2A
TRGC1 (1-8 , 189)
Nt
Ct
GM-CSFRa 리더
CD3ε (1 , 186)
TRAC(150 , 274)
TRBC1(142 , 173)
TRGC1(1-8 , 122)

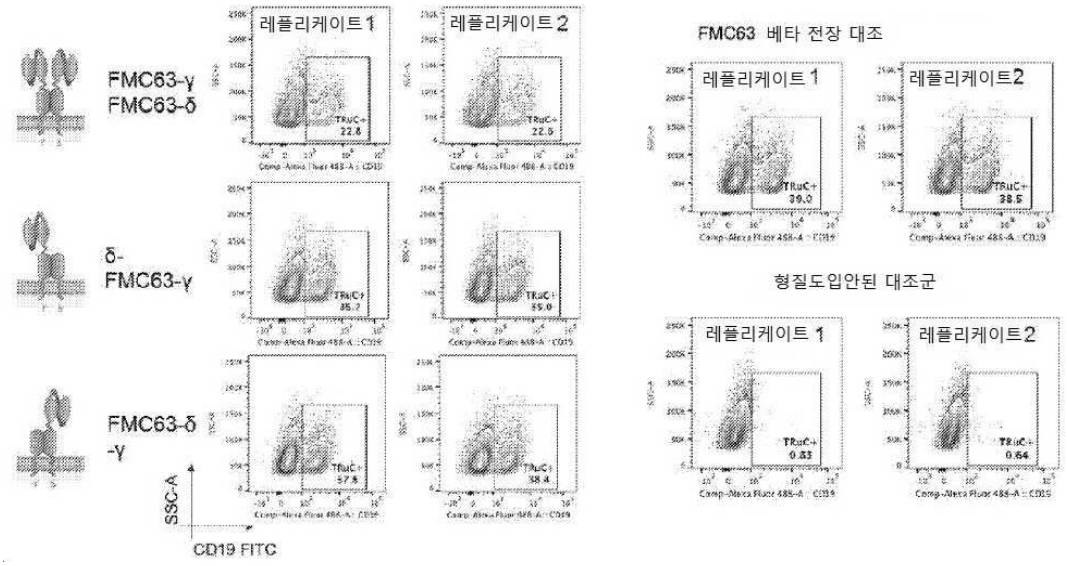
도면5


레플리케이트 1
레플리케이트 2
편집안됨;
형질도입안됨
FMC63-γ
FMC63-δ
δ-
FMC63-γ
FMC63-δ
-γ
CD3ε
hTCRαβ
편집됨; 형질도입안됨
Comp-APC-A :: hTCR
Comp-PE-Cy7-A :: CD3e
Q1 27.2
Q2 14.2
Q4 58.4
Q3 0.13
Q1 27.4
Q2 15.4
Q4 57.1
Q3 0.079
Q1 3.60
Q2 95.1
Q4 1.27
Q3 0.023
Q1 41.8
Q2 15.4
Q4 42.8
Q3 0.031
Q1 42.1
Q2 15.9
Q4 42.0
Q3 0.023
Q1 46.2
Q2 13.4
Q4 40.4
Q3 0.045
Q1 46.2
Q2 13.9
Q4 39.9
Q3 0.059
Q1 8.46
Q2 12.3
Q4 79.1
Q3 0.091

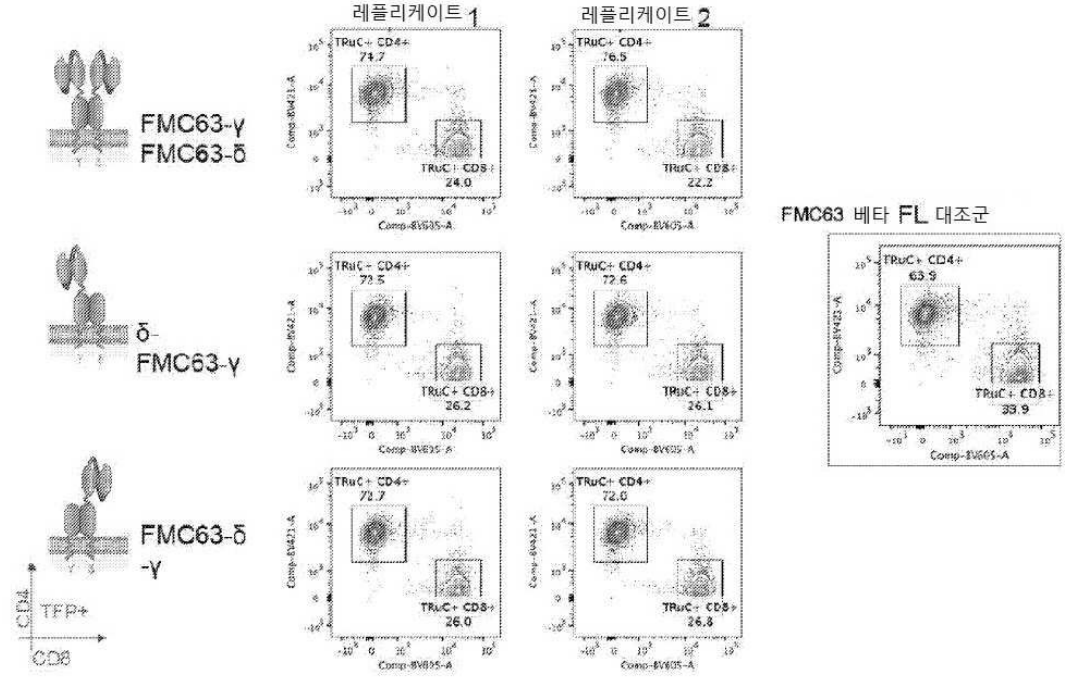
도면6


레플리케이트 1
레플리케이트 2
FMC63-γ
FMC63-δ
δ-
FMC63-γ
FMC63-δ
-γ
CD3ε
hTCRαβ
편집됨; 형질도입안됨
Comp-APC-A
Comp-PE-Cy7-A

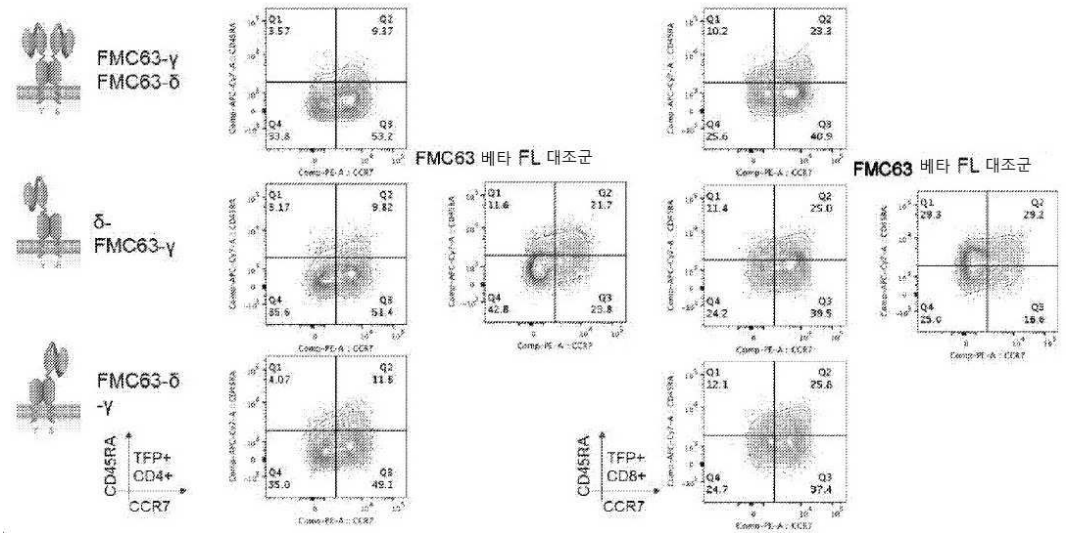
도면7


레플리케이트 1
레플리케이트 2
FMC63-γ
FMC63-δ
δ-
FMC63-γ
FMC63-δ
-γ
SSC-A
CD19 FITC
FMC63 베타 전장 대조
레플리케이트 1
레플리케이트2
형질도입안된 대조군
레플리케이트 1
레플리케이트2

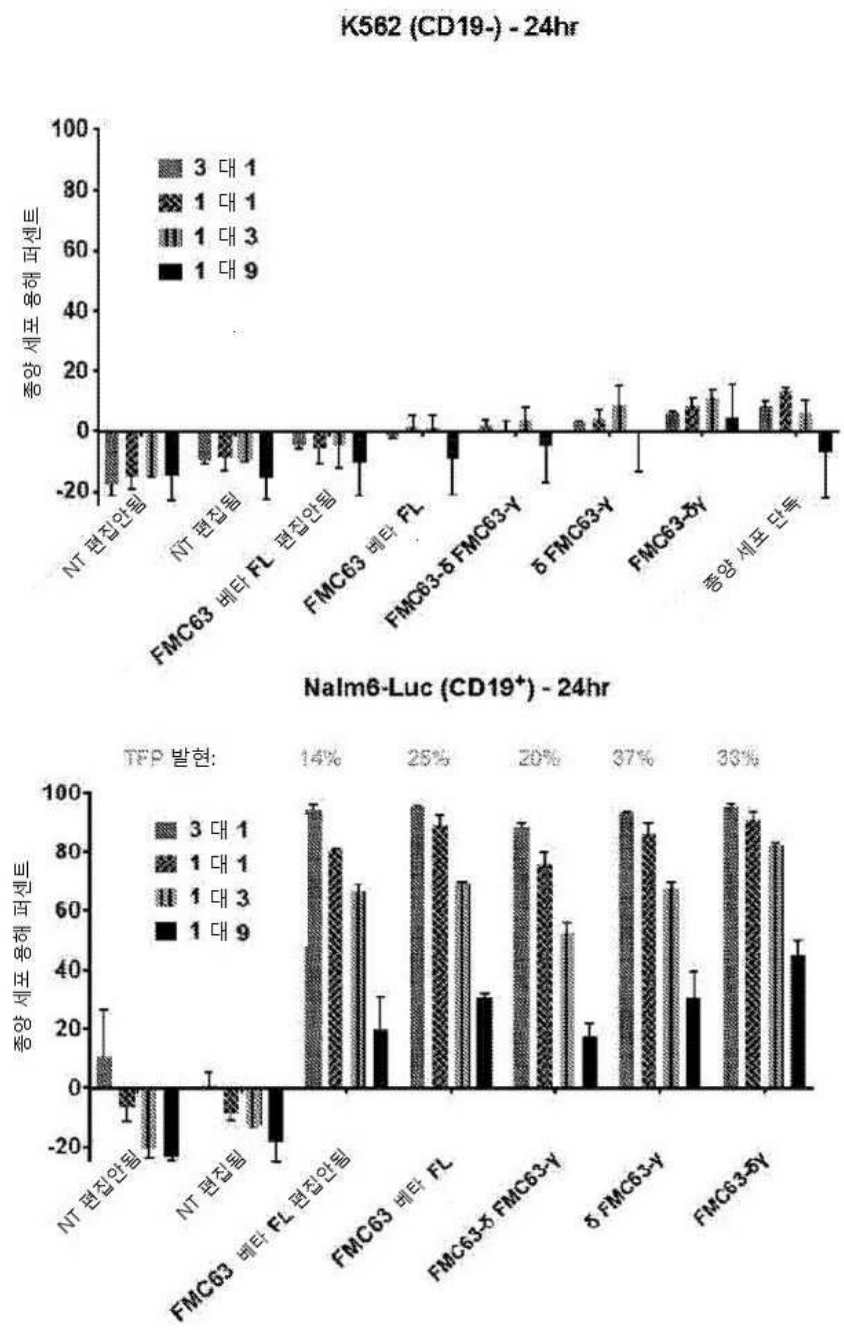
도면8


레플리케이트 1
레플리케이트 2
FMC63 베타 FL 대조군
FMC63-γ
FMC63-δ
δ-
FMC63-γ
FMC63-δ
-γ
TFP+
CD4
CD8

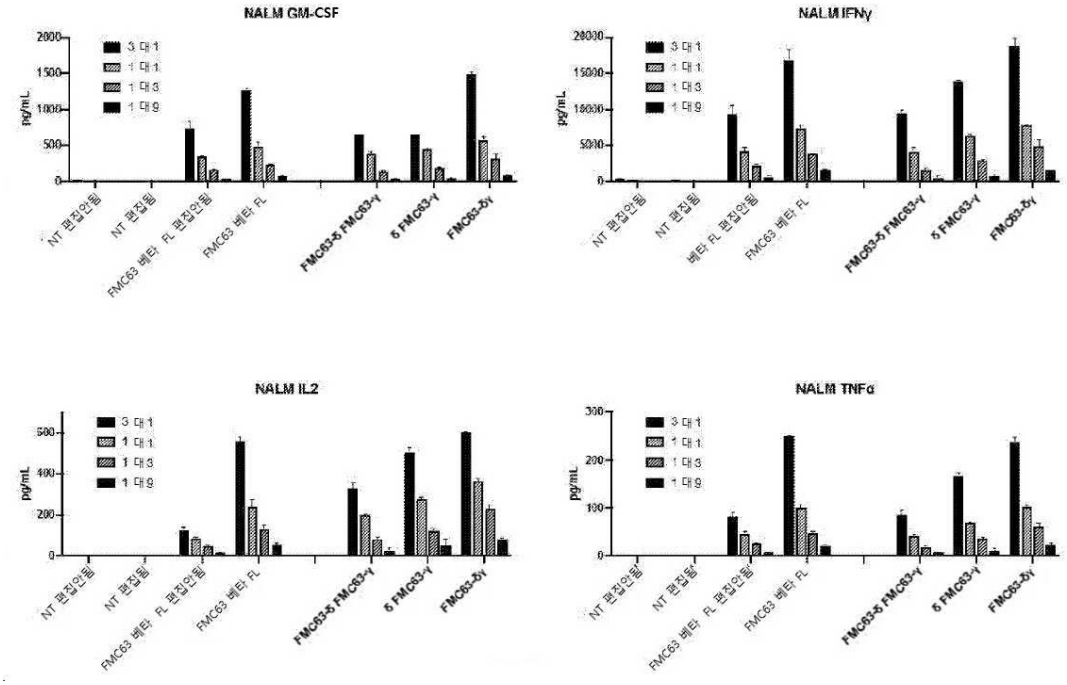
도면9


FMC63-γ
FMC63-δ
δ-
FMC63-γ
FMC63-δ
-γ
FMC63 베타 FL 대조군
FMC63 베타 FL 대조군
CD45RA
TFP+
CD4+
CCR7
CD45RA
TFP+
CD8+
CCR7

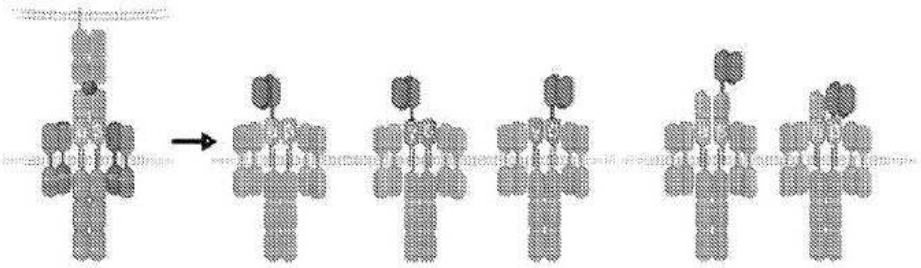
도면10


K562 (CD19-) - 24hr
종양 세포 용해 퍼센트
100
80
60
40
20
0
-20
3 대 1
1 대 1
1 대 3
1 대 9
NT 편집안됨
NT 편집됨
FMC63 베타 FL 편집안됨
FMC63 베타 FL
FMC63-δ FMC63-γ
δ FMC63-γ
FMC63-δγ
종양 세포 단독
Nalm6-Luc (CD19+) - 24hr
TFP 발현:
14%
25%
20%
37%
33%
종양 세포 용해 퍼센트
100
80
60
40
20
0
-20
3 대 1
1 대 1
1 대 3
1 대 9
NT 편집안됨
NT 편집됨
FMC63 베타 FL 편집안됨
FMC63 베타 FL
FMC63-δ FMC63-γ
δ FMC63-γ
FMC63-δγ

도면11

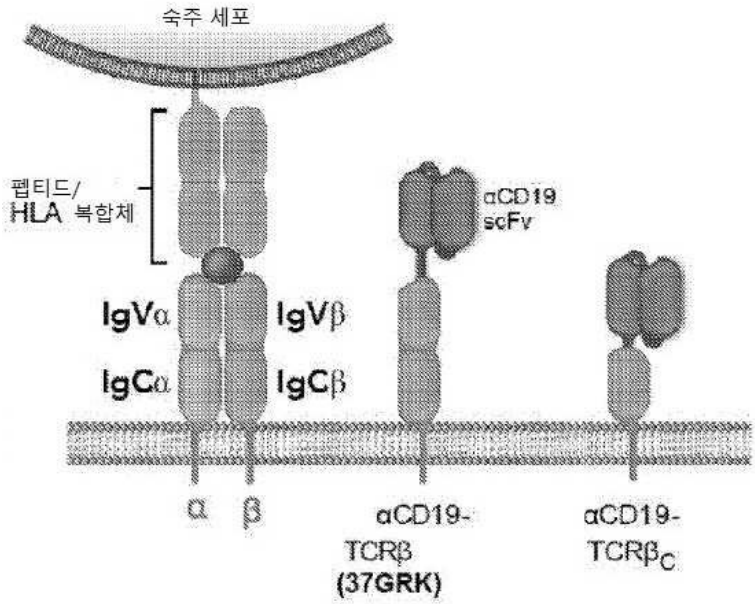


도면12

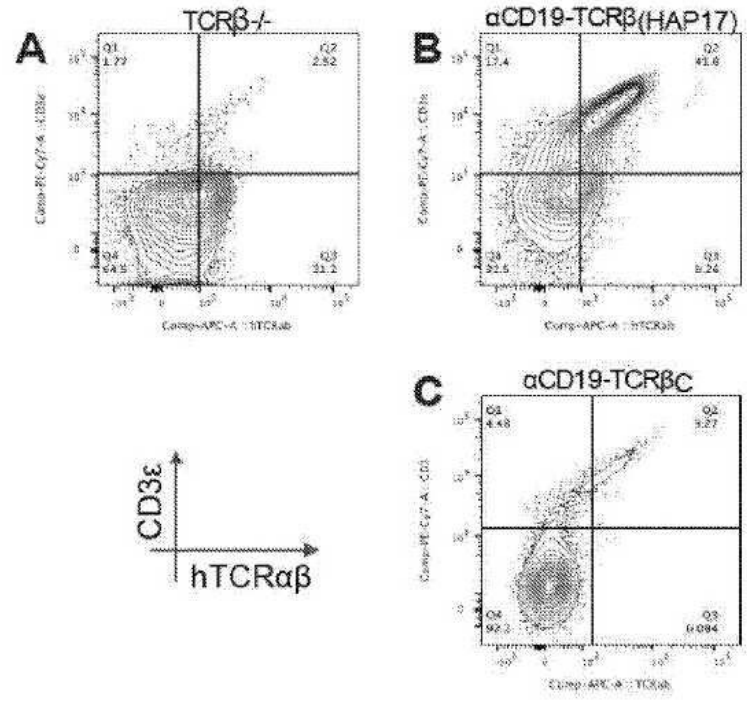


TCR KO	TRA$^{-/-}$	TRA$^{-/-}$	TRA$^{-/-}$	TRB$^{-/-}$	TRB$^{-/-}$
이식유전자	αCD19-[mm]α_c/β_c	αCD19-γ_c/δ_c	γ_c/αCD19-δ_c	αCD19-TCRβ$_{(37GRK)}$	αCD19-TCRβ_c
TCR 재구성	있음	있음	있음	있음	없음

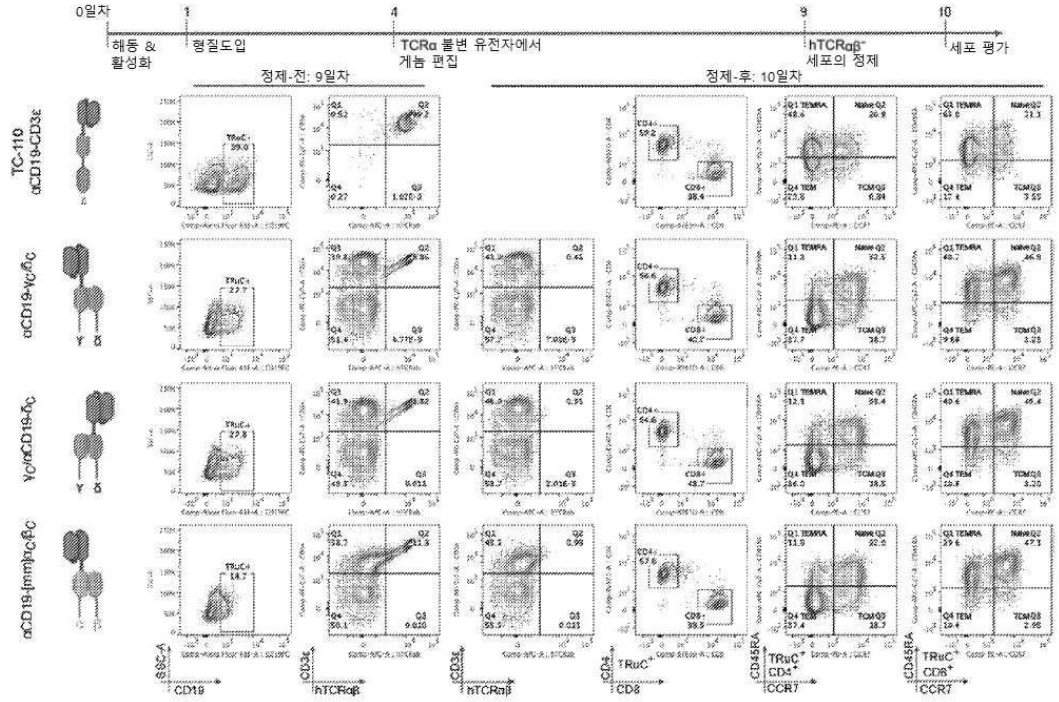
도면13a


숙주 세포
펩티드/
HLA 복합체
αCD19
scFv
IgVα
IgVβ
IgCα
IgCβ
α
β
αCD19-
TCRβ
(37GRK)
αCD19-
TCRβC

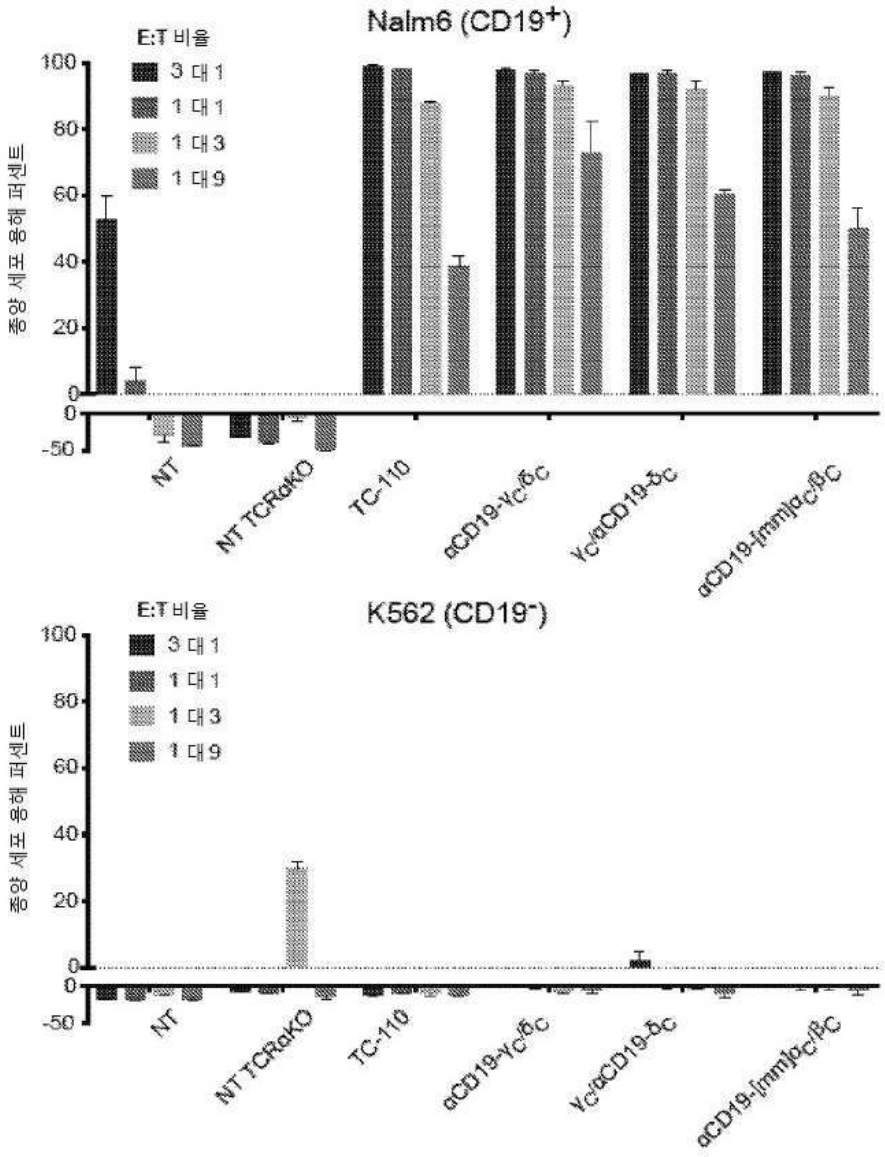
도면13b


A
TCRβ-/-
B
αCD19-TCRβ(HAP17)
C
αCD19-TCRβC
CD3ε
hTCRαβ

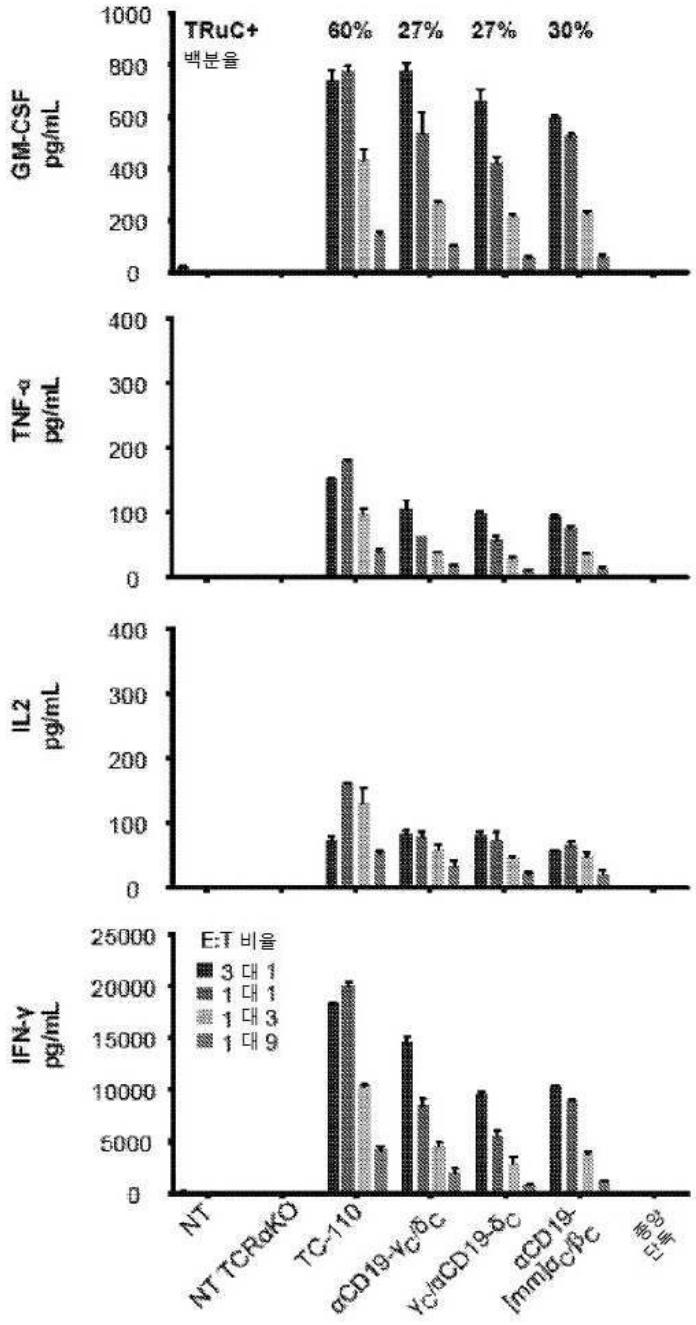
도면14


0일차
1
4
9
10
해동 & 활성화
형질도입
TCRα 불변 유전자에서 게놈 편집
hTCRαβ+ 세포의 정제
세포 평가
정제-전: 9일차
정제-후: 10일차
TC-110 αCD19-CD3ε
αCD19-γCδC
γCδCD19-δC
αCD19-(mm)γCδC
CD19
hTCRαβ
CD8
CCR7

도면15

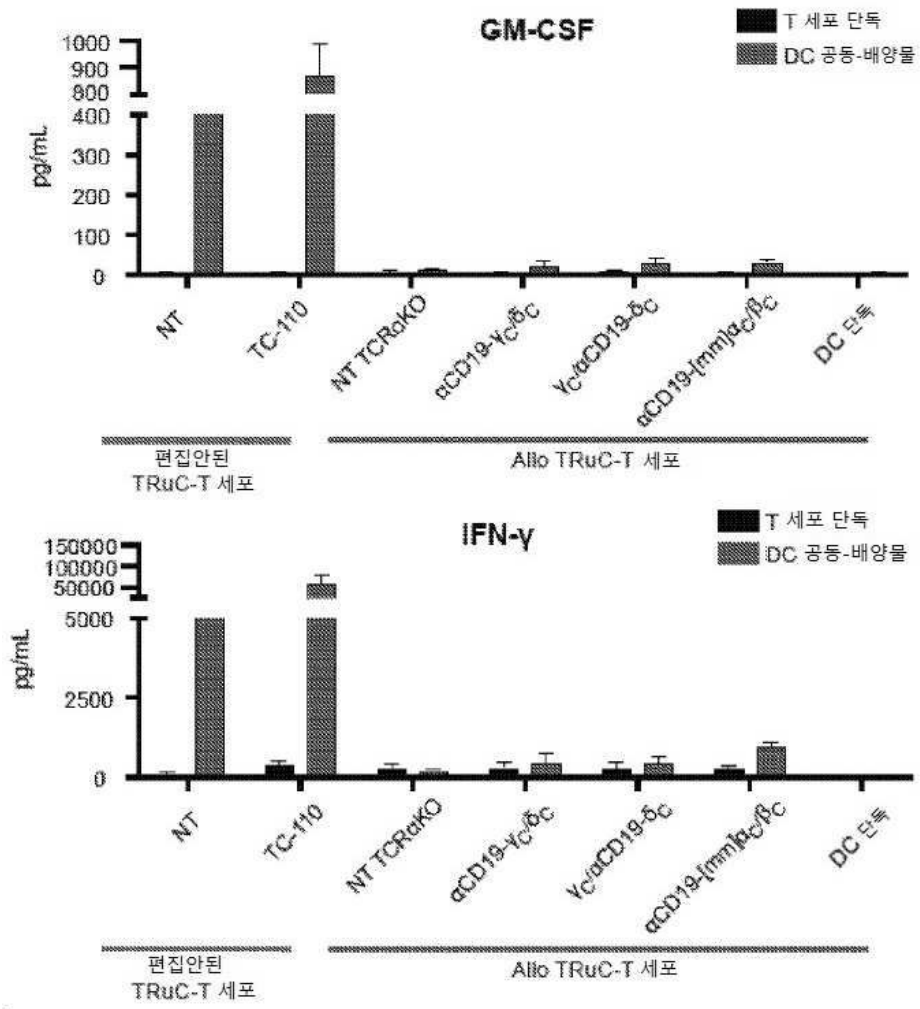

Nalm6 (CD19+)
E:T 비율
3 대 1
1 대 1
1 대 3
1 대 9
종양 세포 용해 퍼센트
100
80
60
40
20
0
0
-50
NT
NT TCRαKO
TC-110
αCD19-γc/δc
γc/αCD19-δc
αCD19-[linker]αc/βc
K562 (CD19-)
E:T 비율
3 대 1
1 대 1
1 대 3
1 대 9
종양 세포 용해 퍼센트
100
80
60
40
20
0
0
-50
NT
NT TCRαKO
TC-110
αCD19-γc/δc
γc/αCD19-δc
αCD19-[linker]αc/βc

도면16

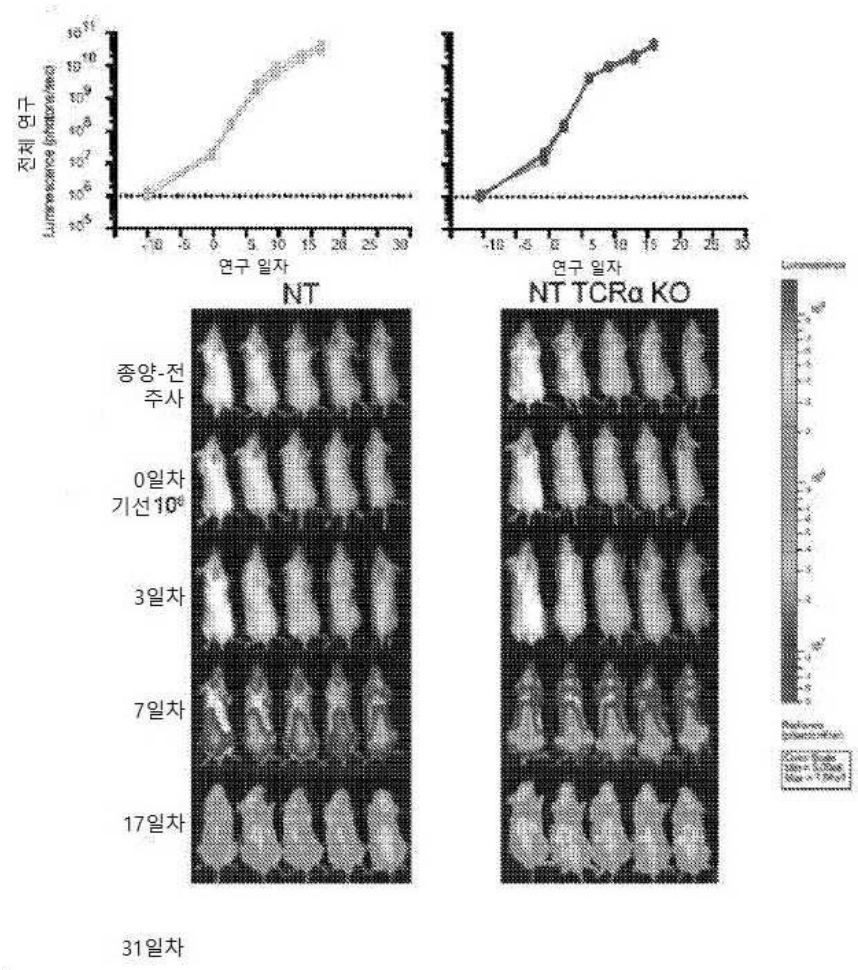

TRuC+
백분율
60%
27%
27%
30%
GM-CSF pg/mL
TNF-α pg/mL
IL2 pg/mL
IFN-γ pg/mL
E:T 비율
3 대 1
1 대 1
1 대 3
1 대 9
NT
NT TCRαKO
TC-110
αCD19-γc/δc
γc/αCD19-δc
αCD19-[mm]αc/βc
항원 단독

도면17

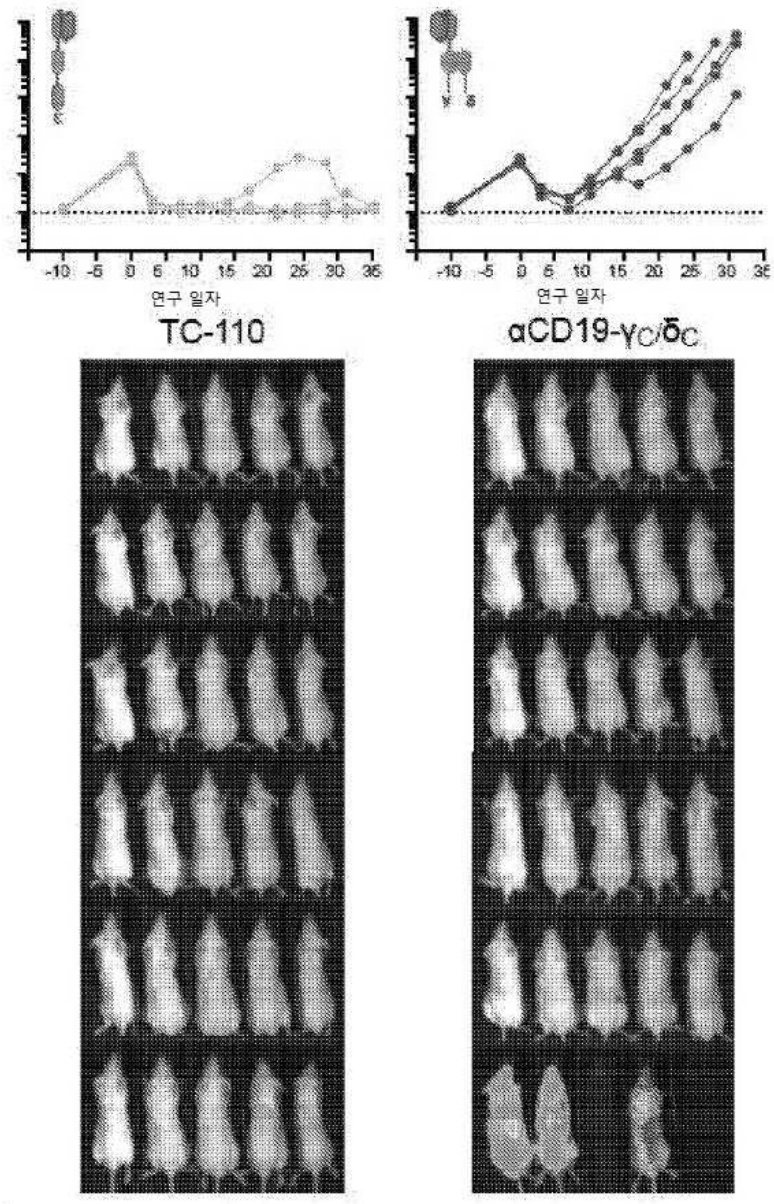
혼합된 백혈구 반응(MLR): HLA-미스매치된, 시험관내 유래된 수지상세포와 공동배양된 TRuC-T 세포



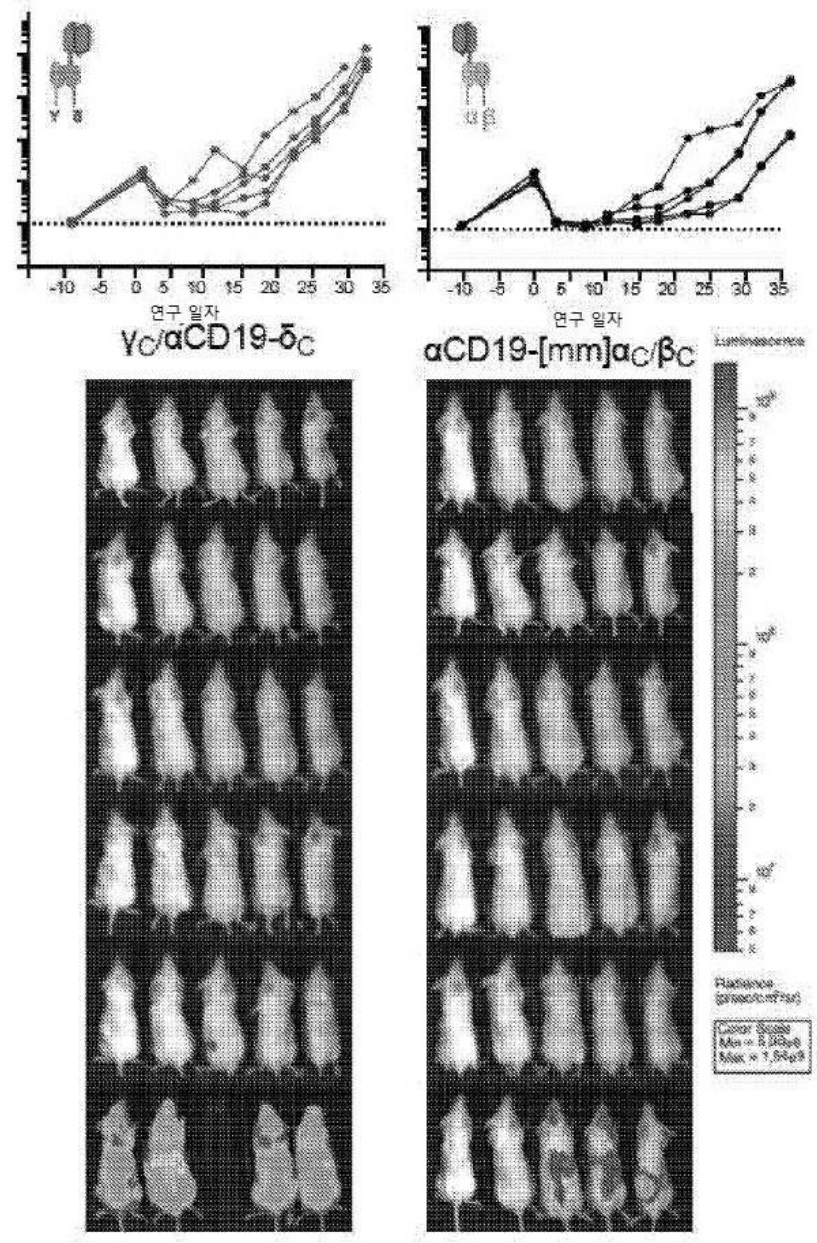
도면18a



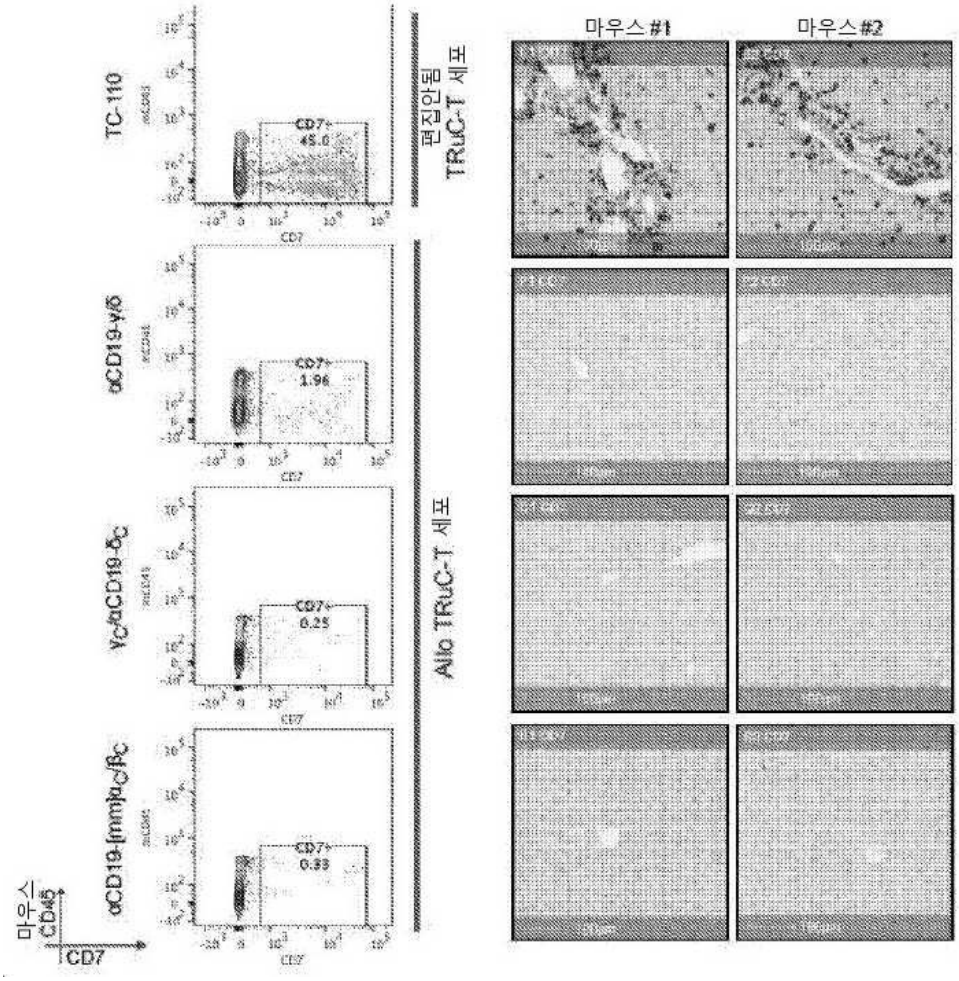
도면18b


-10 -5 0 5 10 15 20 25 30 35
연구 일자
TC-110
-10 -5 0 5 10 15 20 25 30 35
연구 일자
αCD19-γc/δc

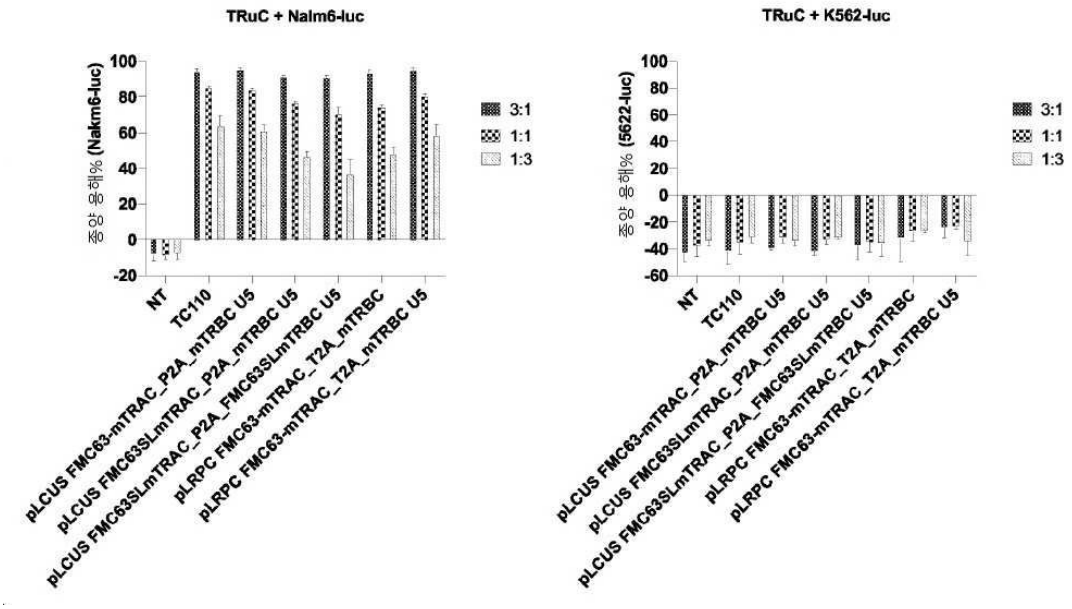
도면18c


-10 -5 0 5 10 15 20 25 30 35
연구 일자
γC/αCD19-δC
-10 -5 0 5 10 15 20 25 30 35
연구 일자
αCD19-[mm]αC/βC

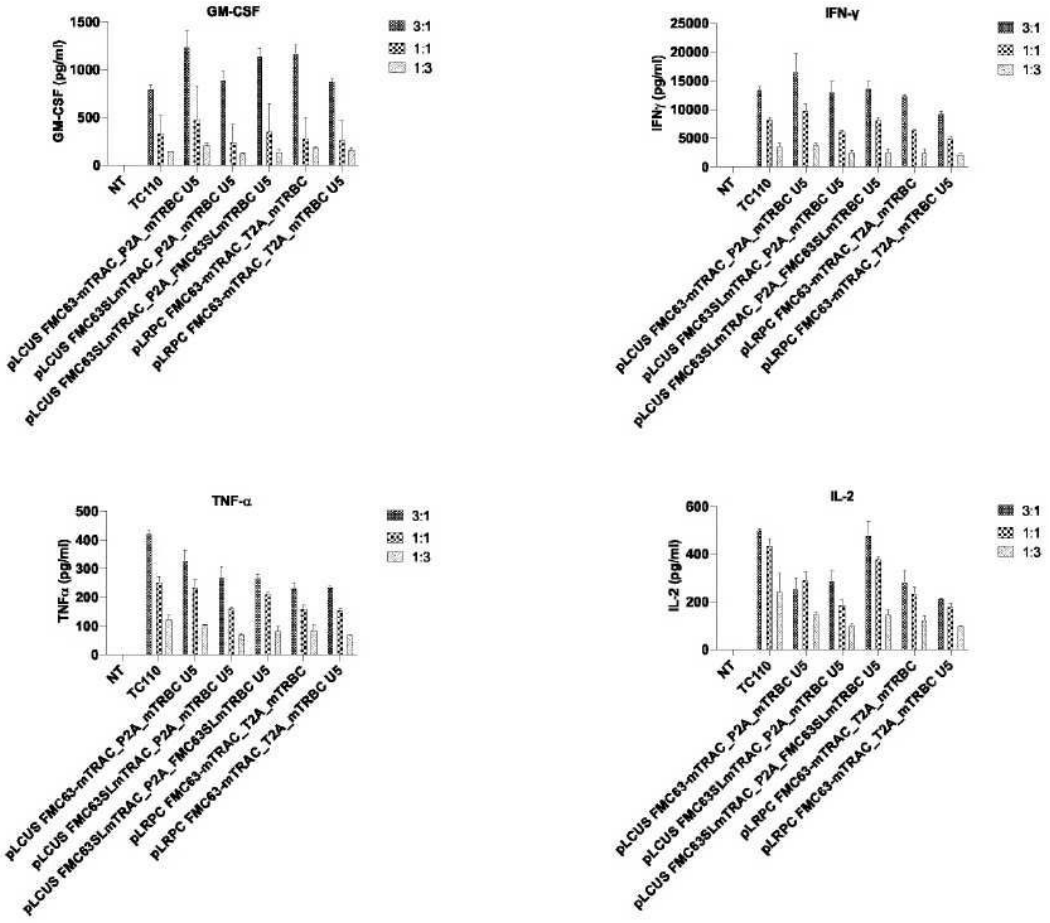
도면19


마우스 #1
마우스 #2
TC-110
αCD19-γ/δ
γC/αCD19-δC
αCD19-[mm]αC/βC
CD7+
45.0
1.96
0.25
0.33
CD7
편집안됨
TRuC-T 세포
Allo TRuC-T 세포
마우스
CD45
CD7

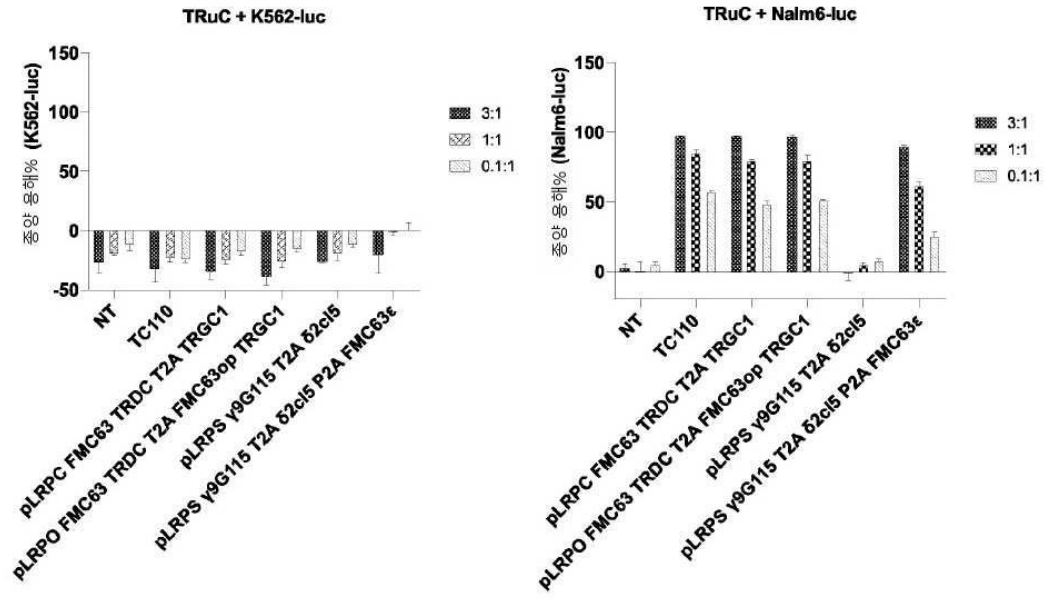
도면20


TRuC + Nalm6-luc
종양 용해% (Nakm6-luc)
TRuC + K562-luc
종양 용해% (5622-luc)
3:1
1:1
1:3
NT
TC110
pLCUS FMC63-mTRAC_P2A_mTRBC U5
pLCUS FMC63SLmTRAC_P2A_mTRBC U5
pLCUS FMC63SLmTRAC_P2A_FMC63SLmTRBC U5
pLRPC FMC63-mTRAC_T2A_mTRBC
pLRPC FMC63-mTRAC_T2A_mTRBC U5

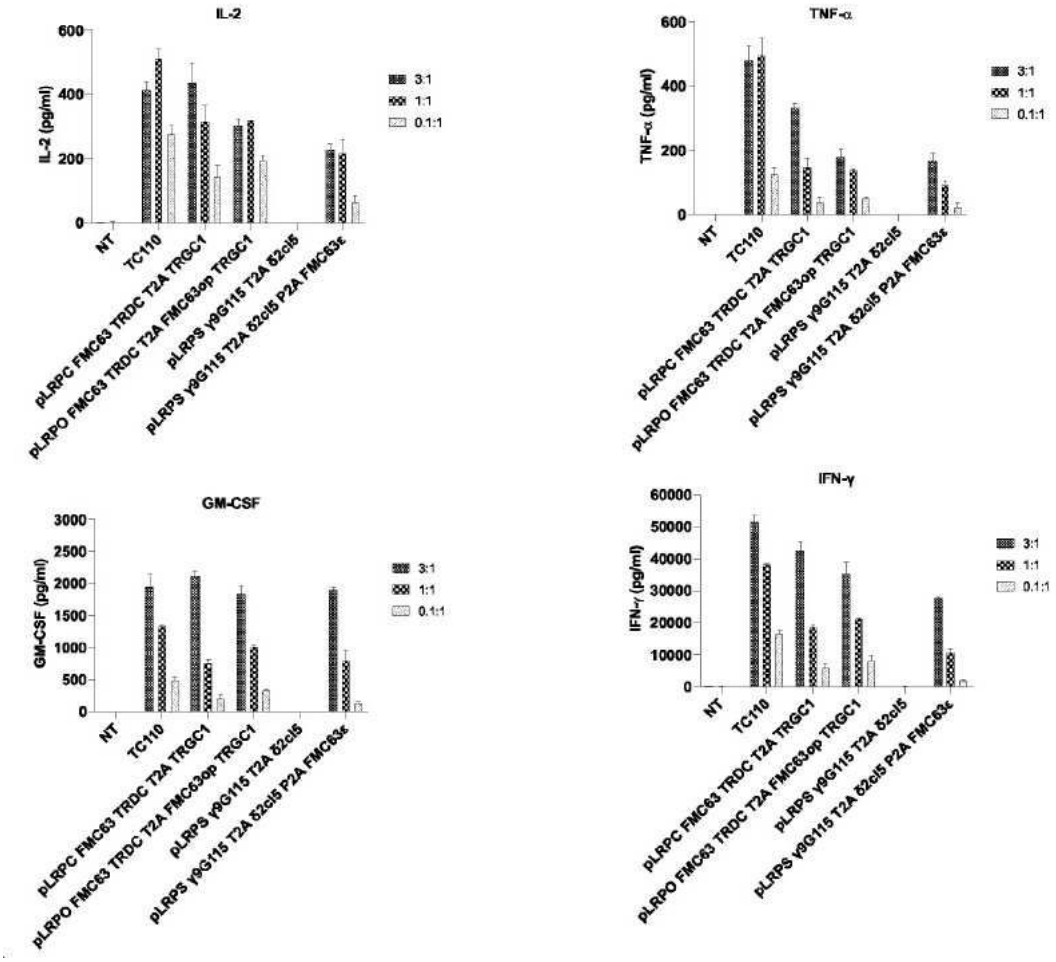
도면21


GM-CSF
GM-CSF (pg/ml)
1500
1000
500
0
3:1
1:1
1:3
NT
TC110
pLCUS FMC63-mTRAC_P2A_mTRBC U5
pLCUS FMC63SLmTRAC_P2A_mTRBC U5
pLCUS FMC63SLmTRAC_P2A_FMC63SLmTRBC U5
pLRPC FMC63-mTRAC_T2A_mTRBC
pLRPC FMC63-mTRAC_T2A_mTRBC U5
IFN-γ
IFNγ (pg/ml)
25000
20000
15000
10000
5000
0
TNF-α
TNFα (pg/ml)
500
400
300
200
100
0
IL-2
IL-2 (pg/ml)
600
400
200
0

도면22


TRuC + K562-luc
종양 용해% (K562-luc)
150
100
50
0
-50
3:1
1:1
0.1:1
NT
TC110
pLRPC FMC63 TRDC T2A TRGC1
pLRPO FMC63 TRDC T2A FMC63op TRGC1
pLRPS γ9G115 T2A δ2cl5
pLRPS γ9G115 T2A δ2cl5 P2A FMC63ε
TRuC + Nalm6-luc
종양 용해% (Nalm6-luc)

도면23



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> TCR2 THERAPEUTICS INC.

<120> COMPOSITIONS AND METHODS FOR TCR REPROGRAMMING USING FUSION PROTEINS

<130> 48538-735.601

<140> PCT/US2020/050503

<141> 2020-09-11

<150> 62/971,682

<151> 2020-02-07

<150> 62/899,563

<151> 2019-09-12

<160> 360

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 656

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ser

275 280 285

Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr Asn

290 295 300

Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn

305 310 315 320

Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile

325 330 335

Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp

340 345 350

Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His

355 360 365

Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro

370 375 380

Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro

385 390 395 400

Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val

405 410 415

Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu

420 425 430

Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser

435 440 445

Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu

450 455 460

Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu

465 470 475 480

Leu Ile Pro Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr

485 490 495

Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr

500 505 510

Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His

515 520 525

Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn

530 535 540

Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val

545 550 555 560

Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu

565 570 575

Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys

580 585 590

Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala

595 600 605

Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met

610 615 620

Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr

625 630 635 640

Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

645 650 655

<210> 2

<211> 921

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 2

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60

Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110

Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125

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

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu
180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser
195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln
210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ser

275 280 285

Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr Asn

290 295 300

Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn

305 310 315 320

Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile

325 330 335

Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp

340 345 350

Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His

355 360 365

Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro

370 375 380

Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro

385 390 395 400

Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val

405 410 415

Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu

420 425 430

Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser

435 440 445

Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu

450 455 460

Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu

465 470 475 480

Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala

485 490 495

Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile

500 505 510

Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys

515 520 525

Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg

530 535 540

Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn

545 550 555 560

Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr

565 570 575

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

580 585 590

Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly

595 600 605

Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln

610 615 620

Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr

625 630 635 640

Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu

645 650 655

Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys

660 665 670

Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu

675 680 685

Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala

690 695 700

Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln

705 710 715 720

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser

725 730 735

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln Leu

740 745 750

Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala

755 760 765

Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys

770 775 780

Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn

785 790 795 800

Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr

805 810 815

Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys

820 825 830

Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp

835 840 845

Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met Asp

850 855 860

Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln

865 870 875 880

Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys

885 890 895

Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr

900 905 910

Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

915 920

<210> 3

<211> 884

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 3

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe
20 25 30

Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr
35 40 45

Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu
50 55 60

Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val
65 70 75 80

Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln
85 90 95

His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp
100 105 110

Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro
115 120 125

Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val
130 135 140

Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys
145 150 155 160

Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly
165 170 175

Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu
180 185 190

Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu
195 200 205

Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Lys Gln Leu Asp Ala
210 215 220

Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr
225 230 235 240

Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe
245 250 255

Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile
260 265 270
Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met
275 280 285
Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His
290 295 300
Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu
305 310 315 320

Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys
325 330 335
Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr
340 345 350
Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val
355 360 365
Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe
370 375 380

Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu
385 390 395 400
Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu
405 410 415
Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu
420 425 430
Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser
435 440 445

Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser
450 455 460
Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu
465 470 475 480
Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe

485 490 495

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu

500 505 510

Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu

515 520 525

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

530 535 540

Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu

545 550 555 560

Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser

565 570 575

Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly

580 585 590

Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly

595 600 605

Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser

610 615 620

Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys

625 630 635 640

Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys

645 650 655

His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

660 665 670

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly

675 680 685

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Gly Asn Glu Glu

690 695 700

Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys Val Ser Ile Ser Gly Thr

705 710 715 720

Thr Val Ile Leu Thr Cys Pro Gln Tyr Pro Gly Ser Glu Ile Leu Trp

725 730 735

Gln His Asn Asp Lys Asn Ile Gly Gly Asp Glu Asp Asp Lys Asn Ile
740 745 750
Gly Ser Asp Glu Asp His Leu Ser Leu Lys Glu Phe Ser Glu Leu Glu
755 760 765

Gln Ser Gly Tyr Tyr Val Cys Tyr Pro Arg Gly Ser Lys Pro Glu Asp
770 775 780
Ala Asn Phe Tyr Leu Tyr Leu Arg Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Met
785 790 795 800
Glu Met Asp Val Met Ser Val Ala Thr Ile Val Ile Val Asp Ile Cys
805 810 815
Ile Thr Gly Gly Leu Leu Leu Leu Val Tyr Tyr Trp Ser Lys Asn Arg
820 825 830

Lys Ala Lys Ala Lys Pro Val Thr Arg Gly Ala Gly Ala Gly Gly Arg
835 840 845
Gln Arg Gly Gln Asn Lys Glu Arg Pro Pro Pro Val Pro Asn Pro Asp
850 855 860
Tyr Glu Pro Ile Arg Lys Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser Gly Leu Asn
865 870 875 880
Gln Arg Arg Ile

<210> 4
<211> 656
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 4
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe
20 25 30
Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr

35 40 45

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

50 55 60

Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val

65 70 75 80

Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln

85 90 95

His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp

100 105 110

Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro

115 120 125

Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val

130 135 140

Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys

145 150 155 160

Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly

165 170 175

Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu

180 185 190

Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu

195 200 205

Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln

210 215 220

Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser

225 230 235 240

Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln

245 250 255

Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu

260 265 270

His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

275 280 285

Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr
290 295 300
Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr
305 310 315 320

Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
325 330 335
Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro
340 345 350
Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser
355 360 365
Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro
370 375 380

Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr
385 390 395 400
Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn
405 410 415
Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp
420 425 430
Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr
435 440 445

Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala
450 455 460
Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
465 470 475 480
Ser Leu Glu Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr
485 490 495
Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr
500 505 510

Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His
515 520 525
Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn

530 535 540

Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val
545 550 555 560

Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu
565 570 575

Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys
580 585 590

Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala
595 600 605

Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met
610 615 620

Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr
625 630 635 640

Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser
645 650 655

<210> 5

<211> 887

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 5

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60

Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110
Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125
Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser
130 135 140
Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175
Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu
180 185 190
Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser
195 200 205
Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln
210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr
225 230 235 240
Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
245 250 255
Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly
260 265 270
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ser
275 280 285

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

325 330 335

Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp

340 345 350

Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His

355 360 365

Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro

370 375 380

Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro

385 390 395 400

Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val

405 410 415

Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu

420 425 430

Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly

435 440 445

Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu

450 455 460

Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe

465 470 475 480

Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser

485 490 495

Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp

500 505 510

Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val

515 520 525

Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser

530 535 540

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser

545 550 555 560

Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn

565 570 575

Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly
580 585 590
Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys
595 600 605

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

Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe
675 680 685
Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys
690 695 700
Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly
705 710 715 720
Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly
725 730 735

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln
740 745 750
Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile
755 760 765
Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu
770 775 780
Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser
785 790 795 800

Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp
805 810 815
Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp

820 825 830

Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val

835 840 845

Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly

850 855 860

Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala

865 870 875 880

Met Val Lys Arg Lys Asp Phe

885

<210> 6

<211> 634

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 6

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly

100 105 110

Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys

115 120 125

Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser
130 135 140
Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser

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

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

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

340 345 350
Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr
355 360 365
Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val His Thr

370 375 380

Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg Met Leu

385 390 395 400

Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe

405 410 415

Phe Leu Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp

420 425 430

Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu

435 440 445

Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Lys Gln

450 455 460

Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile

465 470 475 480

Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu

485 490 495

Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser

500 505 510

Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp

515 520 525

Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp

530 535 540

Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val

545 550 555 560

Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met

565 570 575

Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu

580 585 590

Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu

595 600 605

Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg

610 615 620

Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

625 630

<210> 7

<211> 1902

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 7

gacatccaga tgacacagac tacatcctcc ctgtctgcct ctctgggaga cagagtcacc 60

atcagttgca gggcaagtca ggacattagt aaatatttaa attggtatca gcagaaacca 120

gatggaactg ttaaactcct gatctaccat acatcaagat tacactcagg agtcccatca 180

aggttcagtg gcagtgggtc tggaacagat tattctctca ccattagcaa cctggagcaa 240

gaagatattg ccacttactt ttgccaacag ggtaatacgc ttccgtacac gttcggaggg 300

gggactaagt tggaaataac aggctccacc tctggatccg gcaagcccgg atctggcgag 360

ggatccacca agggcgaggt gaaactgcag gagtcaggac ctggcctggt ggcgccctca 420

cagagcctgt ccgtcacatg cactgtctca ggggtctcat tacccgacta tggtgtaagc 480

tggattcgcc agcctccacg aaagggtctg gagtggctgg gagtaatatg gggtagtgaa 540

accacatact ataattcagc tctcaaatcc agactgacca tcatcaagga caactccaag 600

agccaagttt tcttaaaaat gaacagtctg caaactgatg acacagccat ttactactgt 660

gccaaacatt attactacgg tggtagctat gctatggact actggggtca aggaacctca 720

gtcaccgtct cctcagcggc cgcaggtgga ggaggttctg gaggtggtgg atcaggtggt 780

ggaggatctt tagaaagtca gcctcatacc aaaccatccg tttttgtcat gaaaaatgga 840

acaaatgtcg cttgtctggt gaaggaattc taccccaagg atataagaat aaatctcgtg 900

tcatccaaga agataacaga gtttgatcct gctattgtca tctctcccag tgggaagtac 960

aatgctgtca agcttggtaa atatgaagat tcaaattcag tgacatgttc agttcaacac 1020

gacaataaaa ctgtgcactc cactgacttt gaagtgaaga cagattctac agatcacgta 1080

aaaccaaagg aaactgaaaa cacaaagcaa ccttcaaaga gctgccataa acccaaagcc 1140

atagttcata ccgagaaggt gaacatgatg tccctcacag tgcttgggct acgaatgctg 1200

tttgcaaaga ctgttgccgt caattttctc ttgactgcca agttatttt cttggggtca 1260

ggcgagggca gaggaagtct gctaacatgc ggtgacgtcg aggagaatcc tggacctatg 1320

ctactacttg tgacctcact attgttatgc gaactccctc atcccgcatt cttgctgatt 1380

ccagataaac aacttgatgc agatgtttcc cccaagccca ctatttttct tccttcaatt 1440

gctgaaacaa agctccagaa ggctggaaca tacctttgtc ttcttgagaa atttttccct 1500

gatgttatta agatacattg gcaagaaaag aagagcaaca cgattctggg atcccaggag 1560

gggaacacca tgaagactaa cgacacatac atgaaattta gctggttaac ggtgccagaa 1620

aagtcactgg acaaagaaca cagatgtatc gtcagacatg agaataataa aaacggagtt 1680

gatcaagaaa ttatctttcc tccaataaag acagatgtca tcacaatgga tcccaaagac 1740

aattgttcaa aagatgcaaa tgatacacta ctgctgcagc tcacaaacac ctctgcatat 1800

tacatgtacc tcctcctgct cctcaagagt gtggtctatt ttgccatcat cacctgctgt 1860

ctgcttagaa gaacggcttt ctgctgcaat ggagagaaat ca 1902

<210> 8

<211> 634

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 8

Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr
1 5 10 15

Asn Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile
20 25 30

Asn Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val
35 40 45

Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu
50 55 60

Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val
65 70 75 80

His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys
85 90 95

Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys
100 105 110

Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr

115 120 125

Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe

130 135 140

Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly

145 150 155 160

Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu

165 170 175

Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe

180 185 190

Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser

195 200 205

Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp

210 215 220

Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val

225 230 235 240

Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser

245 250 255

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser

260 265 270

Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn

275 280 285

Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly

290 295 300

Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys

305 310 315 320

Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser

325 330 335

Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp

340 345 350

Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp

355 360 365

Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu
370 375 380
Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe
385 390 395 400

Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys
405 410 415
Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly
420 425 430
Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly
435 440 445
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln
450 455 460

Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile
465 470 475 480
Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu
485 490 495
Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser
500 505 510
Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp
515 520 525

Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp
530 535 540
Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val
545 550 555 560
Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met
565 570 575
Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu
580 585 590

Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu
595 600 605
Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg

610 615 620

Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

625 630

<210> 9

<211> 1902

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 9

agtcagcctc ataccaaacc atccgttttt gtcatgaaaa atggaacaaa tgtcgcttgt 60

ctggtgaagg aattctaccc caaggatata agaataaatc tcgtgtcatc caagaagata 120

acagagtttg atcctgctat tgtcatctct cccagtggga agtacaatgc tgtcaagctt 180

ggtaaatatg aagattcaaa ttcagtgaca tgttcagttc aacacgacaa taaaactgtg 240

cactccactg actttgaagt gaagacagat tctacagatc acgtaaaacc aaaggaaact 300

gaaaacacaa agcaaccttc aaagagctgc ataaaaccca aagccatagt tcataccgag 360

aaggtgaaca tgatgtccct cacagtgctt gggctacgaa tgctgtttgc aaagactgtt 420

gccgtcaatt ttctcttgac tgccaagtta ttttttcttgg ggtcaggcga gggcagagga 480

agtctgctaa catgcggtga cgtcgaggag aatcctggac ctatgctact acttgtgacc 540

tcactattgt tatgcgaact ccctcatccc gcattcttgc tgattccaga cattcagatg 600

actcaaacaa cttccagcct ctccgcctca ctcggcgacc gcgtaacaat aagctgtcgg 660

gcctcgcaag atattagtaa gtacctgaat tggtatcagc aaaaacccga tggtacagtc 720

aagcttctga tctaccatac cagtcgtctg cacagcggtg tccccagcag gttcagcggc 780

tcaggatctg gtaccgatta ttcactgacg atttccaacc ttgagcagga ggacatcgcc 840

acctacttct gccagcaggg taatactctg ccgtacacat tcgggggcgg taccaagctc 900

gagatcacgg gttcaacaag cggttctggc aagccaggca gcggcgaggg gagtacaaag 960

ggggaggtga agttgcagga aagtggccct ggattggtgg ccccgagcca gagtctgtct 1020

gtcacctgca cagtttccgg agtaagtctg cctgattacg gagtgtcctg gatcagacag 1080

ccacctcgaa agggcttgga gtggcttggg gtcatttggg gcagtgaaac cacatactac 1140

aacagcgctc ttaagtccag gctcactatc atcaaggaca attcaaagag ccaagtattc 1200

ttgaaaatga attccctgca gactgatgac accgctattt attattgcgc taaacattat 1260

tactatggag gttcttatgc catggactac tgggggcagg gtacctctgt gacagtgagt 1320

tcagctgcag ctggaggtgg aggtagcgga ggcggtggta gtggaggggg tggttctctg 1380
gaagataaac aacttgatgc agatgtttcc cccaagccca ctatttttct tccttcaatt 1440
gctgaaacaa agctccagaa ggctggaaca tacctttgtc ttcttgagaa atttttccct 1500
gatgttatta agatacattg gcaagaaaag aagagcaaca cgattctggg atcccaggag 1560
gggaacacca tgaagactaa cgacacatac atgaaattta gctggttaac ggtgccagaa 1620
aagtcactgg acaaagaaca cagatgtatc gtcagacatg agaataataa aaacggagtt 1680
gatcaagaaa ttatctttcc tccaataaag acagatgtca tcacaatgga tcccaaagac 1740

aattgttcaa aagatgcaaa tgatacacta ctgctgcagc tcacaaacac ctctgcatat 1800
tacatgtacc tcctcctgct cctcaagagt gtggtctatt ttgccatcat cacctgctgt 1860
ctgcttagaa gaacggcttt ctgctgcaat ggagagaaat ca 1902

<210> 10
<211> 371
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 10

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15

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

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Gly Gly Gly Ser

100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Lys Leu Gln Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys

130 135 140

Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg

145 150 155 160

Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser

165 170 175

Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile

180 185 190

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

195 200 205

Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly

210 215 220

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

225 230 235 240

Ser Ser Gly Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys Asp Ala Thr

245 250 255

Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn Phe Gln Asn

260 265 270

Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe

275 280 285

Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gly

290 295 300

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

305 310 315 320

Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val

325 330 335

Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu

340 345 350

Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg

355 360 365

Lys Asn Ser

370

<210> 11

<211> 1113

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 11

gacatccaga tgacacagac tacatcctcc ctgtctgcct ctctgggaga cagagtcacc 60

atcagttgca gggcaagtca ggacattagt aaatatttaa attggtatca gcagaaacca 120

gatggaactg ttaaactcct gatctaccat acatcaagat tacactcagg agtcccatca 180

aggttcagtg gcagtgggtc tggaacagat tattctctca ccattagcaa cctggagcaa 240

gaagatattg ccacttactt ttgccaacag ggtaatacgc ttccgtacac gttcggaggg 300

gggactaagt tggaaataac aggaggtgga ggttctggtg gaggaggttc aggaggtggt 360

ggaagtgagg tgaaactgca ggagtcagga cctggcctgg tggcgccctc acagagcctg 420

tccgtcacat gcactgtctc aggggtctca ttacccgact atggtgtaag ctggattcgc 480

cagcctccac gaaagggtct ggagtggctg ggagtaatat ggggtagtga aaccacatac 540

tataattcag ctctcaaatc cagactgacc atcatcaagg acaactccaa gagccaagtt 600

ttcttaaaaa tgaacagtct gcaaactgat gacacagcca tttactactg tgccaaacat 660

tattactacg gtggtagcta tgctatggac tactggggtc aaggaacctc agtcaccgtc 720

tcctcaggag ccacctaccc cagttcagac gttccctgtg atgccacgtt gactgagaaa 780

agctttgaaa cagatatgaa cctaaacttt caaaacctgt cagttatggg actccgaatc 840

ctcctgctga aagtagccgg atttaacctg ctcatgacgc tgaggctgtg gtccagtggc 900

agcggcgagg gcagaggaag tctgctaaca tgcggtgacg tcgaggagaa tcctggacct 960

ggtcgagcag actgtggtat tacctcagca tcctatcaac aaggagtctt gtctgccacc 1020

atcctctatg agatcctgct agggaaagcc accctgtatg ctgtgcttgt cagtacactg 1080

gtggtgatgg ctatggtcaa aagaaagaat tca 1113

<210> 12

<211> 562

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 12

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly

100 105 110

Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys

115 120 125

Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser

130 135 140

Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser

145 150 155 160

Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile

165 170 175

Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu

180 185 190

Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn

195 200 205

Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr
210 215 220
Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser
225 230 235 240
Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
245 250 255
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Leu Gly Ala Gly Pro Val Asp

260 265 270
Ser Gly Val Thr Gln Thr Pro Lys His Leu Ile Thr Ala Thr Gly Gln
275 280 285
Arg Val Thr Leu Arg Cys Ser Pro Arg Ser Gly Asp Leu Ser Val Ser
290 295 300
Trp Tyr Gln Gln Ser Leu Asp Gln Gly Leu Gln Phe Leu Ile Gln Tyr
305 310 315 320
Tyr Asn Gly Glu Glu Arg Ala Lys Gly Asn Ile Leu Glu Arg Phe Ser

325 330 335
Ala Gln Gln Phe Pro Asp Leu His Ser Glu Leu Asn Leu Ser Ser Leu
340 345 350
Glu Leu Gly Asp Ser Ala Leu Tyr Phe Cys Ala Ser Ser Pro Arg Thr
355 360 365
Gly Leu Asn Thr Glu Ala Phe Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Thr Val
370 375 380
Val Glu Asp Leu Asn Lys Val Phe Pro Pro Glu Val Ala Val Phe Glu

385 390 395 400
Pro Ser Glu Ala Glu Ile Ser His Thr Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys
405 410 415
Leu Ala Thr Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val
420 425 430
Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Pro Leu
435 440 445
Lys Glu Gln Pro Ala Leu Asn Asp Ser Arg Tyr Cys Leu Ser Ser Arg

450 455 460

Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp Gln Asn Pro Arg Asn His Phe Arg
465 470 475 480

Cys Gln Val Gln Phe Tyr Gly Leu Ser Glu Asn Asp Glu Trp Thr Gln
485 490 495

Asp Arg Ala Lys Pro Val Thr Gln Ile Val Ser Ala Glu Ala Trp Gly
500 505 510

Arg Ala Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu

515 520 525

Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr
530 535 540

Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys
545 550 555 560

Asp Phe

<210> 13

<211> 1686

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 13

gacatccaga tgacacagac tacatcctcc ctgtctgcct ctctgggaga cagagtcacc 60

atcagttgca gggcaagtca ggacattagt aaatatttaa attggtatca gcagaaacca 120

gatggaactg ttaaactcct gatctaccat acatcaagat tacactcagg agtcccatca 180

aggttcagtg gcagtgggtc tggaacagat tattctctca ccattagcaa cctggagcaa 240

gaagatattg ccacttactt ttgccaacag ggtaatacgc ttccgtacac gttcggaggg 300

gggactaagt tggaaataac aggctccacc tctggatccg gcaagcccgg atctggcgag 360

ggatccacca agggcgaggt gaaactgcag gagtcaggac ctggcctggt ggcgccctca 420

cagagcctgt ccgtcacatg cactgtctca ggggtctcat tacccgacta tggtgtaagc 480

tggattcgcc agcctccacg aaagggtctg gagtggctgg gagtaatatg gggtagtgaa 540

accacatact ataattcagc tctcaaatcc agactgacca tcatcaagga caactccaag 600

agccaagttt tcttaaaaat gaacagtctg caaactgatg acacagccat ttactactgt 660

gccaaacatt attactacgg tggtagctat gctatggact actggggtca aggaacctca 720

gtcaccgtct cctcagcggc cgcaggtgga ggaggttctg gaggtggagg ttcaggtgga 780

ggtggttcac tcgagctggg agcaggccca gtggattctg gagtcacaca aaccccaaag 840

cacctgatca cagcaactgg acagcgagtg acgctgagat gctcccctag gtctggagac 900

ctctctgtgt catggtacca acagagcctg gaccagggcc tccagttcct cattcagtat 960

tataatggag aagagagagc aaaaggaaac attcttgaac gattctccgc acaacagttc 1020

cctgacttgc actctgaact aaacctgagc tctctggagc tgggggactc agctttgtat 1080

ttctgtgcca gcagcccccg gacaggcctg aacactgaag ctttctttgg acaaggcacc 1140

agactcacag ttgtagagga cctgaacaag gtgttcccac ccgaggtcgc tgtgtttgag 1200

ccatcagaag cagagatctc ccacacccaa aaggccacac tggtgtgcct ggccacaggc 1260

ttcttccccg accacgtgga gctgagctgg tgggtgaatg ggaaggaggt gcacagtggg 1320

gtcagcacgg acccgcagcc cctcaaggag cagcccgccc tcaatgactc cagatactgc 1380

ctgagcagcc gcctgagggt ctcggccacc ttctggcaga acccccgcaa ccacttccgc 1440

tgtcaagtcc agttctacgg gctctcggag aatgacgagt ggacccagga tagggccaaa 1500

cccgtcaccc agatcgtcag cgccgaggcc tggggtagag cagactgtgg ctttacctcg 1560

gtgtcctacc agcaaggggt cctgtctgcc accatcctct atgagatcct gctagggaag 1620

gccaccctgt atgctgtgct ggtcagcgcc cttgtgttga tggccatggt caagagaaag 1680

gatttc 1686

<210> 14

<211> 424

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 14

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile

35 40 45

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

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

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

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

Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser
290 295 300

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

Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser
370 375 380
Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu
385 390 395 400
Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met
405 410 415
Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe
420

<210> 15
<211> 1272
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 15
gacatccaga tgacacagac tacatcctcc ctgtctgcct ctctgggaga cagagtcacc 60
atcagttgca gggcaagtca ggacattagt aaatatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gatggaactg ttaaactcct gatctaccat acatcaagat tacactcagg agtcccatca 180
aggttcagtg gcagtgggtc tggaacagat tattctctca ccattagcaa cctggagcaa 240
gaagatattg ccacttactt ttgccaacag ggtaatacgc ttccgtacac gttcggaggg 300
gggactaagt tggaaataac aggctccacc tctggatccg gcaagcccgg atctggcgag 360

ggatccacca agggcgaggt gaaactgcag gagtcaggac ctggcctggt ggcgccctca 420

cagagcctgt ccgtcacatg cactgtctca ggggtctcat tacccgacta tggtgtaagc 480

tggattcgcc agcctccacg aaagggtctg gagtggctgg gagtaatatg gggtagtgaa 540

accacatact ataattcagc tctcaaatcc agactgacca tcatcaagga caactccaag 600

agccaagttt tcttaaaaat gaacagtctg caaactgatg acacagccat ttactactgt 660

gccaaacatt attactacgg tggtagctat gctatggact actggggtca aggaacctca 720

gtcaccgtct cctcaggagt agaggacctg aacaaggtgt tcccacccga ggtcgctgtg 780

tttgagccat cagaagcaga gatctcccac acccaaaagg ccactctagt atgtctagct 840

acaggcttct tccctgacca cgtggagctg agctggtggg tgaatgggaa ggaggtgcac 900

agtggggtca gcacggaccc gcagccactt aaagaacagc cagctctcaa tgactccaga 960

tactgtctaa gcagtcgact tagagtctcg gctacatttt ggcaaaatcc tcgaaaccac 1020

ttccgctgtc aagtccagtt ctacgggctc tcggagaatg acgagtggac ccaggatagg 1080

gccaaacccg tcacccagat cgtcagcgcc gaggcctggg gtagagcaga ctgtggcttt 1140

acctcggtgt cctaccagca aggggtcctg tctgccacca tcctctatga gatcctgcta 1200

gggaaggcca ccctgtatgc tgtgctggtc agcgcccttg tgttgatggc catggtcaag 1260

agaaaggatt tc 1272

<210> 16

<211> 178

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 16

Val Glu Asp Leu Asn Lys Val Phe Pro Pro Glu Val Ala Val Phe Glu

1 5 10 15

Pro Ser Glu Ala Glu Ile Ser His Thr Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys

20 25 30

Leu Ala Thr Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val

35 40 45

Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Pro Leu

50 55 60

Lys Glu Gln Pro Ala Leu Asn Asp Ser Arg Tyr Cys Leu Ser Ser Arg

65 70 75 80

Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp Gln Asn Pro Arg Asn His Phe Arg

85 90 95

Cys Gln Val Gln Phe Tyr Gly Leu Ser Glu Asn Asp Glu Trp Thr Gln

100 105 110

Asp Arg Ala Lys Pro Val Thr Gln Ile Val Ser Ala Glu Ala Trp Gly

115 120 125

Arg Ala Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu

130 135 140

Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr

145 150 155 160

Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys

165 170 175

Asp Phe

<210> 17

<211> 56

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 17

Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu

1 5 10 15

Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val

20 25 30

Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu

35 40 45

Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser

50 55

<210> 18

<211> 51

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 18

Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val

1 5 10 15

Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu

20 25 30

Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg

35 40 45

Lys Asn Ser

50

<210> 19

<211> 293

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 19

Pro Val Asp Ser Gly Val Thr Gln Thr Pro Lys His Leu Ile Thr Ala

1 5 10 15

Thr Gly Gln Arg Val Thr Leu Arg Cys Ser Pro Arg Ser Gly Asp Leu

20 25 30

Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln Ser Leu Asp Gln Gly Leu Gln Phe Leu

35 40 45

Ile Gln Tyr Tyr Asn Gly Glu Glu Arg Ala Lys Gly Asn Ile Leu Glu

50 55 60

Arg Phe Ser Ala Gln Gln Phe Pro Asp Leu His Ser Glu Leu Asn Leu

65 70 75 80

Ser Ser Leu Glu Leu Gly Asp Ser Ala Leu Tyr Phe Cys Ala Ser Ser

85 90 95

Pro Arg Thr Gly Leu Asn Thr Glu Ala Phe Phe Gly Gln Gly Thr Arg

100 105 110

Leu Thr Val Val Glu Asp Leu Asn Lys Val Phe Pro Pro Glu Val Ala

115 120 125

Val Phe Glu Pro Ser Glu Ala Glu Ile Ser His Thr Gln Lys Ala Thr

130 135 140

Leu Val Cys Leu Ala Thr Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser

145 150 155 160

Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro
165 170 175
Gln Pro Leu Lys Glu Gln Pro Ala Leu Asn Asp Ser Arg Tyr Cys Leu

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

245 250 255
Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala
260 265 270
Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val
275 280 285
Lys Arg Lys Asp Phe
290

<210> 20
<211> 152
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 20
Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr
1 5 10 15

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

65 70 75 80

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

Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe
145 150

<210> 21
<211> 173
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 21

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

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

Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr

115 120 125

Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu

130 135 140

Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu

145 150 155 160

Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

165 170

<210> 22

<211> 149

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 22

Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr

1 5 10 15

Asn Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile

20 25 30

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

35 40 45

Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu

50 55 60

Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val

65 70 75 80

His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys

85 90 95

Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys

100 105 110

Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr

115 120 125

Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe

130 135 140

Leu Leu Thr Ala Lys

145

<210> 23

<211> 18

<212> PRT

<213> Thosea asigna virus

<400> 23

Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro
1 5 10 15

Gly Pro

<210> 24

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 24

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Thr Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Phe Phe Cys Ser Gln Ser
85 90 95

Thr His Val Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 25

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 25

gatgttgtga tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tcaagcctcc 60

atctcttgca gatctagtca gagccttgta cacagtaatg gaaacaccta tttacattgg 120

tacctgcaga agccaggcca gtctccaaag ctcctgatct acaaagtttc caaccgattt 180

tctggggtcc cagacaggtt cagtggcagt ggatcaggga ctgatttcac actcaagatc 240

accagagtgg aggctgagga tctgggagtt tttttctgct ctcaaagtac acatgttcca 300

ttcacgttcg gctcggggac aaagttggaa ataaaa 336

<210> 26

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 26

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Phe Asp Tyr
20 25 30

Glu Met His Trp Val Lys Gln Thr Pro Val His Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Ala Ile Asp Pro Glu Ile Asp Gly Thr Ala Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Ile Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Tyr Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Thr
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 27

<211> 359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 27

caggttcaac tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctggggcttc agtgacgctg 60

tcctgcaagg cttcgggcta cacatttttt gactatgaaa tgcactgggt gaagcagaca 120

cctgtgcatg gcctggaatg gattggagct attgatcctg aaattgatgg tactgcctac 180

aatcagaagt tcaagggcaa ggccatactg actgcagaca aatcctccag cacagcctac 240

atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgccgtct attactgtac agattactac 300

ggtagtagct actggtactt cgatgtctgg ggcacaggga ccacggtcac cgtctcctc 359

<210> 28

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 28

Asp Val Met Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Phe Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Thr

85 90 95

Thr His Val Pro Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
100 105 110

<210> 29

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 29

gatgttatga tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tcaagcctcc 60

atctcttgca gatctagtca gagccttgta cacagtaatg gaaacaccta tttacattgg 120

ttcctgcaga agccaggcca gtctccaaag ctcctgatct acaaagtttc caaccgattt 180

tctggggtcc cagacaggtt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actcaagatc 240

agcagagtgg aggctgagga tctgggagtt tatttctgct ctcaaactac acatgttccg 300

ctcacgttcg gtgctgggac caagctggag ctgaaa 336

<210> 30

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 30

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30

Glu Met His Trp Val Lys Gln Thr Pro Val His Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Ala Ile Asp Pro Glu Ile Ala Gly Thr Ala Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Ile Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ser Arg Tyr Gly Gly Asn Tyr Leu Tyr Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 31

<211> 360

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 31

caggttcaac tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctggggcttc agtgacgctg 60

tcctgcaagg cttcgggcta cacttttact gactatgaaa tgcactgggt gaagcagaca 120

cctgtccatg gcctggaatg gattggagct attgatcctg aaattgctgg tactgcctac 180

aatcagaagt tcaagggcaa ggccatactg actgcagaca aatcctccag cacagcctac 240

atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgccgtct attactgttc aagatacggt 300

ggtaactacc tttactactt tgactactgg ggccaaggca ccactctcac agtctcctca 360

<210> 32

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 32

Asp Val Leu Met Thr Gln Ile Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Asn Ile Val Tyr Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95

Ser His Val Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 33

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 33

gatgttttga tgacccaaat tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tcaagcctcc 60

atctcttgca gatctagtca gaacattgtg tatagtaatg gaaacaccta tttagagtgg 120

tacctgcaga aaccaggcca gtctccaaag ctcctgatct acaaagtttc caaccgattt 180

tctggggtcc cagacaggtt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actcaagatc 240

agcagagtgg aggctgagga tctgggagtt tattactgct ttcaaggttc acatgttcca 300

ttcacgttcg gctcggggac aaagttggaa ataaaa 336

<210> 34

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 34

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

1 5 10 15

Ser Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Glu Met His Trp Val Lys Gln Thr Pro Val His Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Asp Pro Glu Ile Gly Gly Ser Ala Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Ile Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Gly Tyr Asp Gly Tyr Phe Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 35

<211> 354

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 35

caggttcaac tgcagcagtc cggggctgag ctggtgaggc ctggggcttc agtgacgctg 60

tcctgcaagg cttcgggcta cacatttact gactatgaaa tgcactgggt gaagcagaca 120

cctgtgcatg gcctggaatg gattggagct attgatcctg aaattggtgg ttctgcctac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccatattg actgcagaca aatcctccag cacagcctac 240

atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgccgtct attattgtac gggctatgat 300

ggttactttt ggtttgctta ctggggccaa gggactctgg tcactgtctc ttca 354

<210> 36

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 36

Glu Asn 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

His Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Ser Thr Ser Pro Lys Leu Trp Ile Tyr
35 40 45

Asp Thr Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Gly Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Asn Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Met Glu Ala Glu
65 70 75 80

Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Gly Tyr Pro Leu Thr
85 90 95

Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 37

<211> 318

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 37

gaaaatgttc tcacccagtc tccagcaatc atgtccgcat ctccagggga aaaggtcacc 60

atgacctgca gtgctagctc aagtgtaagt tacatgcact ggtaccagca gaagtcaagc 120

acctccccca aactctggat ttatgacaca tccaaactgg cttctggagt cccaggtcgc 180

ttcagtggca gtgggtctgg aaactcttac tctctcacga tcagcagcat ggaggctgaa 240

gatgttgcca cttattactg ttttcagggg agtgggtacc cactcacgtt cggctcgggg 300

acaaagttgg aaataaaa 318

<210> 38

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 38

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30

Glu Met His Trp Val Lys Gln Thr Pro Val His Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Glu Thr Gly Gly Thr Ala Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Ile Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Ser Tyr Tyr Gly Ser Arg Val Phe Trp Gly Thr Gly Thr Thr Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 39

<211> 348

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 39

caggttcaac tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctggggcttc agtgacgctg 60

tcctgcaagg cttcgggcta cacatttact gactatgaaa tgcactgggt gaaacagaca 120

cctgtgcatg gcctggaatg gattggaggt attgatcctg aaactggtgg tactgcctac 180

aatcagaagt tcaagggtaa ggccatactg actgcagaca aatcctccag cacagcctac 240

atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgccgtct attactgtac aagttactat 300

ggtagtagag tcttctgggg cacagggacc acggtcaccg tctcctca 348

<210> 40

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 40

Gln Ile Val Leu Ser Gln Ser Pro Ala Ile Leu Ser Ala Phe 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

His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Ser Ser Pro Lys Pro Trp Ile Tyr
35 40 45

Ala Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu
65 70 75 80

Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Asn Pro Pro Thr
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
100 105

<210> 41

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 41

caaattgttc tctcccagtc tccagcaatc ctgtctgcat ttccagggga gaaggtcact 60

atgacttgca gggccagctc aagtgtaagt tacatgcact ggtaccagca gaagccagga 120

tcctccccca aaccctggat ttatgccaca tccaacctgg cttctggagt ccctgctcgc 180

ttcagtggca gtgggtctgg gacctcttac tctctcacaa tcagcagtgt ggaggctgaa 240

gatgctgcca cttattactg ccagcagtgg agtagtaacc cacccacgct cacgttcggt 300

gctgggacca agctggagct gaaa 324

<210> 42

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 42

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Gly Ile Ser Trp Val Lys Gln Arg Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Tyr Pro Arg Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Glu Ser Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Gly Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Trp Gly Ser Tyr Gly Ser Pro Pro Phe Tyr Tyr Gly Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 43

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 43

caggttcagc tgcagcagtc tggagctgag ctggcgaggc ctggggcttc agtgaagctg 60

tcctgcaagg cttctggcta caccttcaca agctatggta taagctgggt gaagcagagg 120

actggacagg gccttgagtg gattggagag atttatccta gaagtggtaa tacttactac 180

aatgagagct tcaagggcaa ggtcacactg accgcagaca aatcttccgg cacagcgtac 240

atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagatggggc 300

tcctacggta gtccccccctt ttactatggt atggactact ggggtcaagg aacctcagtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 44

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 44

Asp Val Leu Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asn Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

Ser Gly Ser Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 45

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 45

gatgttttga tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaaa tcaagcctcc 60

atctcttgca gatctagtca gagcattgta catagtagtg gaagcaccta tttagaatgg 120

tacctgcaga aaccaggcca gtctccaaag ctcctgatct acaaagtttc caaccgattt 180

tctggggtcc cagacaggtt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actcaagatc 240

agcagagtgg aggctgagga tctgggagtt tattactgct ttcaaggctc acatgttcca 300

tacacgttcg gaggggggac caagctggaa ataaaa 336

<210> 46

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 46

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Ala Arg Pro Gly Thr
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Gly Ile Ser Trp Val Lys Gln Arg Ile Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile His Pro Arg Ser Gly Asn Ser Tyr Tyr Asn Glu Lys Ile
50 55 60

Arg Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Ile Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Leu Ile Thr Thr Val Val Ala Asn Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 47

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 47

caggttcagc tgcagcagtc tggagctgag ctggcgaggc ctgggacttc agtgaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggcta taccttcaca agttatggta taagctgggt gaagcagaga 120

attggacagg gccttgagtg gattggagag attcatccta gaagtggtaa tagttactat 180

aatgagaaga tcaggggcaa ggccacactg actgcagaca aatcctccag cacagcgtac 240

atggagctcc gcagcctgat atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aaggctgatt 300

actacggtag ttgctaatta ctatgctatg gactactggg gtcaaggaac ctcagtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 48

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 48

Asp Ile Val Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Val Ser Ala Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Arg Thr Arg Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Lys Gln

85 90 95

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

100 105 110

<210> 49

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 49

gacattgtga tgtcacagtc tccatcctcc ctggctgtgt cagcaggaga gaaggtcact 60

atgagctgca aatccagtca gagtctgctc aacagtagaa cccgaaagaa ctacttggct 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct aaactgctga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttcacaggc agtggatctg ggacagattt cactctcacc 240

atcagcagtg tgcaggctga agacctggca gtttattact gcaaacaatc ttataatctg 300

gtcacgttcg gtgctgggac caagctggag ctgaaa 336

<210> 50

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 50

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

1 5 10 15

Ser Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Phe Asp Tyr

20 25 30

Glu Met His Trp Val Lys Gln Thr Pro Val His Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Asp Pro Glu Ile Asp Gly Thr Ala Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Ile Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Tyr Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Thr

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 51

<211> 359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 51

caggttcaac tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctggggcttc agtgacgctg 60

tcctgcaagg cttcgggcta cacatttttt gactatgaaa tgcactgggt gaagcagaca 120

cctgtgcatg gcctggaatg gattggagct attgatcctg aaattgatgg tactgcctac 180

aatcagaagt tcaagggcaa ggccatactg actgcagaca aatcctccag cacagcctac 240

atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgccgtct attactgtac agattactac 300

ggtagtagct actggtactt cgatgtctgg ggcacaggga ccacggtcac cgtctcctc 359

<210> 52

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 52

Gln Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ile Met Ser Ala Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Ser Tyr Met

20 25 30

Tyr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Ser Ser Pro Lys Pro Trp Ile Tyr

35 40 45

Arg Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro Ala 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 Tyr His Ser Tyr Pro Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
100 105

<210> 53
<211> 318
<212> DNA

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 53
caaattgttc tcacccagtc tccagcaatc atgtctgcat ctccagggga gaaggtcacc 60
atatcctgca gtgccagctc aagtgtaagt tacatgtact ggtaccagca gaagccagga 120
tcctccccca aaccctggat ttatcgcaca tccaacctgg cttctggagt ccctgctcgc 180
ttcagtggca gtgggtctgg gacctcttac tctctcacaa tcagcagcat ggaggctgaa 240
gatgctgcca cttattactg ccagcagtat catagttacc cactcacgtt cggtgctggg 300
accaagctgg agctgaaa 318

<210> 54
<211> 109
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 54
Gln Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ile Met Ser Ala Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Val Thr Met Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Ser Ser Ser

20 25 30

Tyr Leu Tyr Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Ser Ser Pro Lys Leu Trp

35 40 45

Ile Tyr Ser Ile Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Asn Ser Met Glu

65 70 75 80

Ala Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Asn Pro

85 90 95

Gln Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys

100 105

<210>

55

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 55

caaattgttc tcacccagtc tccagcaatc atgtctgcat ctcctgggga acgggtcacc 60

atgacctgca gtgccagctc aagtgtaagt tccagctact tgtactggta ccagcagaag 120

tcaggatcct ccccaaaact ctggatttat agcatatcca acctggcttc tggagtccca 180

gctcgcttca gtggcagtgg gtctgggacc tcttactctc tcacaatcaa cagcatggag 240

gctgaagatg ctgccactta ttactgccag cagtggagta gtaacccaca gctcacgttc 300

ggtgctggga ccaagctgga gctgaaa 327

<210> 56

<211> 121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 56

Gln Val Gln Leu Lys Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala 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 Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Tyr Tyr Val Gly Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 57

<211> 363

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 57

caggtccagc tgaagcagtc tggagctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata 60

tcctgcaagg cttctggcta caccttcact gactactata taaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gccttgagtg gattggaaag attggtcctg gaagtggtag tacttactac 180

aatgagaagt tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca aatcctccag cacagcctac 240

atgcagctca gcagcctgac atctgaggac tctgcagtct atttctgtgc aagaactggt 300

tactacgttg gttactatgc tatggactac tggggtcaag gaacctcagt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 58

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 58

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ile Tyr

20 25 30

Gly Ile Ser Trp Val Lys Gln Arg Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

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

100 105 110

Ser Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 59

<211> 354

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 59

caggttcagc tgcagcagtc tggagctgag ctggcgaggc ctggggcttc agtgaagctg 60

tcctgcaagg cttctggcta caccttcaca atctatggta taagctgggt gaaacagaga 120

actggacagg gccttgagtg gattggagag atttatccta gaagtgataa tacttactac 180

aatgagaagt tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca aatcctccag cacagcgtac 240

atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagatggtac 300

tcgttctatg ctatggacta ctggggtcaa ggaacctcag tcaccgtctc ctca 354

<210> 60

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 60

Gly Gly Asp Trp Ser Ala Asn Phe Met Tyr
1 5 10

<210> 61

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 61

Arg Ile Ser Gly Arg Gly Val Val Asp Tyr Val Glu Ser Val Lys Gly
1 5 10 15

Arg Phe Thr

<210> 62

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 62

Ala Ser Tyr
1

<210> 63

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 63

Gly Ser Thr Ser Ser Ile Asn Thr Met Tyr

1 5 10

<210> 64

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 64

Phe Ile Ser Ser Gly Gly Ser Thr Asn Val Arg Asp Ser Val Lys Gly

1 5 10 15

Arg Phe Thr

<210> 65

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 65

Tyr Ile Pro Tyr Gly Gly Thr Leu His Asp Phe

1 5 10

<210> 66

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 66

Gly Ser Thr Phe Ser Ile Arg Ala Met Arg

1 5 10

<210> 67

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 67

Val Ile Tyr Gly Ser Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys Gly Arg

1 5 10 15

Phe Thr

<210> 68

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 68

Asp Thr Ile Gly Thr Ala Arg Asp Tyr

1 5

<210> 69

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 69

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 Gly Asp Trp Ser Ala Asn

20 25 30

Phe Met Tyr Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Arg Ile Ser Gly Arg Gly Val Val Asp Tyr Val Glu Ser Val Lys
50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu
65 70 75 80

Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Val Ala Ser Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

<210> 70

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 70

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 Ser Thr Ser Ser Ile Asn
20 25 30

Thr Met Tyr Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Glu Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Phe Ile Ser Ser Gly Gly Ser Thr Asn Val Arg Asp Ser Val Lys
50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu
65 70 75 80

Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Asn
85 90 95

Thr Tyr Ile Pro Tyr Gly Gly Thr Leu His Asp Phe Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 71

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 71

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Ala Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Ser Thr Phe Ser Ile Arg

20 25 30

Ala Met Arg Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Thr Glu Arg Asp Leu Val
35 40 45

Ala Val Ile Tyr Gly Ser Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Asn Ala

85 90 95

Asp Thr Ile Gly Thr Ala Arg Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 72

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 72

agggcaagtc aggacattag taaa 24

<210> 73

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 73

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys
1 5

<210> 74

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 74

atctaccata catcaagatt a 21

<210> 75

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 75

Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu
1 5

<210> 76

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 76

caacagggta atacgcttcc gtacacg 27

<210> 77

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 77

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr
1 5

<210> 78

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 78

ggggtctcat tacccgacta tggtgtaagc 30

<210> 79

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 79

Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser
1 5 10

<210> 80

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 80

gtaatatggg gtagtgaaac cacatactat aattcagctc tc 42

<210> 81

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 81

Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu
1 5 10

<210> 82

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 82

cattattact acggtggtag ctatgctatg gactac 36

<210> 83

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 83

His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10

<210> 84

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 84

gacatccaga tgacacagac tacatcctcc ctgtctgcct ctctgggaga cagagtcacc 60

atcagttgca gggcaagtca ggacattagt aaatatttaa attggtatca gcagaaacca 120

gatggaactg ttaaactcct gatctaccat acatcaagat tacactcagg agtcccatca 180

aggttcagtg gcagtgggtc tggaacagat tattctctca ccattagcaa cctggagcaa 240

gaagatattg ccacttactt ttgccaacag ggtaatacgc ttccgtacac gttcggaggg 300

gggactaagt tggaaataac a 321

<210> 85

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 85

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr
100 105

<210> 86

<211> 360

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 86

gaggtgaaac tgcaggagtc aggacctggc ctggtggcgc cctcacagag cctgtccgtc 60

acatgcactg tctcaggggt ctcattaccc gactatggtg taagctggat tcgccagcct 120

ccacgaaagg gtctggagtg gctgggagta atatggggta gtgaaaccac atactataat 180

tcagctctca aatccagact gaccatcatc aaggacaact ccaagagcca agttttctta 240

aaaatgaaca gtctgcaaac tgatgacaca gccatttact actgtgccaa acattattac 300

tacggtggta gctatgctat ggactactgg ggtcaaggaa cctcagtcac cgtctcctca 360

<210> 87

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 87

Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln
1 5 10 15

Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr
20 25 30

Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu
35 40 45

Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys
50 55 60

Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu
65 70 75 80

Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 88

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 88

Ser Ile Phe Asp Ile Val Arg Gly Ser

1 5

<210> 89

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 89

Ala Ile Ile Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Tyr Ala

1 5 10

<210> 90

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 90

Cys Asn Met Glu Ser Val Arg Tyr Arg Asn Tyr Trp

1 5 10

<210> 91

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 91

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Thr Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Ser Ile Phe Asp Ile Val
20 25 30

Arg Gly Ser Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Asn Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ile Ile Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Ala
50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ala Trp Lys Ala Leu Tyr Leu
65 70 75 80

Gln Met Asn Ser Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Asn
85 90 95

Met Glu Ser Val Arg Tyr Arg Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 92

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 92

Phe Thr Leu Glu His Tyr Ser Ile Gly
1 5

<210> 93

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 93

Ser Cys Ile Thr Ser Ser Gly Gly Ile Pro Lys Tyr Ala

1 5 10

<210> 94

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 94

Cys Gly Ala Ala Thr Pro Asp Asp Asp Cys Ser Val Pro Gly His Tyr

1 5 10 15

Gly Leu Asn Tyr Trp

20

<210> 95

<211> 126

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 95

Gln Val Gln Leu Gln 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 Leu Glu His Tyr

20 25 30

Ser Ile Gly Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Asp Leu Glu Gly Val

35 40 45

Ser Cys Ile Thr Ser Ser Gly Gly Ile Pro Lys Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Gly Ala Ala Thr Pro Asp Asp Asp Cys Ser Val Pro Gly His Tyr Gly

100 105 110

Leu Asn Tyr Trp Gly Lys Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 96

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 96

Phe Thr Phe Asp Ala Tyr Ala Ile Gly

1 5

<210> 97

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 97

Ile Cys Leu Ser Pro Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala

1 5 10

<210> 98

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 98

Cys Ala Thr Pro Ser Trp Cys Ser Leu Lys Ala Asp Phe Gly Ser Trp

1 5 10 15

<210> 99

<211> 121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 99

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Ala Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Pro Gly Phe Thr Phe Asp Ala Tyr
20 25 30

Ala Ile Gly Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Glu Arg Glu Gly Val
35 40 45

Ile Cys Leu Ser Pro Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ala Lys Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Thr Pro Ser Trp Cys Ser Leu Lys Ala Asp Phe Gly Ser Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 100

<211> 9

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 100

Ser Ile Phe Ser Ala Thr Arg Met Glu
1 5

<210> 101

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 101

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

1 5 10

<210> 102

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 102

Cys Lys Phe Glu Arg Tyr Asp Tyr Val Asn Tyr Trp

1 5 10

<210> 103

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 103

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Ser Ile Phe Ser Ala Thr

20 25 30

Arg Met Glu Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

Gln Met Asn Asn Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Lys
85 90 95

Phe Glu Arg Tyr Asp Tyr Val Asn Tyr Trp Gly Arg Gly Thr Gln Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 104

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 104

Ser Ile Phe Ser Ile Ala Arg Met Asn
1 5

<210> 105

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 105

Ala Ile Leu Asn Arg Ala Gly Arg Thr Asp Tyr Ala
1 5 10

<210> 106

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 106

Cys Asn Leu Gln Thr Ile Ser Tyr His Asp Phe Trp
1 5 10

<210> 107

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 107

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Ala Ser Gly Ser Ile Phe Ser Ile Ala
20 25 30

Arg Met Asn Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ile Leu Asn Arg Ala Gly Arg Thr Asp Tyr Ala Asp Ser Val Lys
50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ala Lys Thr Thr Val Tyr Leu
65 70 75 80

Gln Met Asn Ser Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn
85 90 95

Leu Gln Thr Ile Ser Tyr His Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 108

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 108

Ser Ile Phe Asp Ile Ala Arg Gly Asn
1 5

<210> 109

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 109

Ala Ile Ile Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Tyr Ala

1 5 10

<210> 110

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 110

Cys Asn Met Glu Ser Leu Ser Tyr Arg His Tyr Trp

1 5 10

<210> 111

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 111

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Thr Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Ser Ile Phe Asp Ile Ala

20 25 30

Arg Gly Asn Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ile Ile Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Ala

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ala Lys Asn Thr Val Tyr Leu

65 70 75 80

Gln Met Asn Gly Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Asn

85 90 95

Met Glu Ser Leu Ser Tyr Arg His Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val

100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 112

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 112

Ser Ile Ile Arg Asp Asn Val Met Ala

1 5

<210> 113

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 113

Ala Ile Ile Asn Thr Gly Gly Ser Ala Asn Val Asp

1 5 10

<210> 114

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 114

Cys Asn Val Tyr Tyr Arg Asp Leu Trp
1 5

<210> 115
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 115

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Ala Gly Gly
1 5 10 15

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

Gln Met Asn Asn Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Asn
85 90 95
Val Tyr Tyr Arg Asp Leu Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser
100 105 110
Ser

<210> 116
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<400> 116

Phe Thr Leu Asp Arg Tyr Ala Val Gly

1 5

<210> 117

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 117

Ser Cys Ile Ser Ser Ser Gly Asp Ile Ile Lys Tyr Ala
1 5 10

<210> 118

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 118

Cys Thr Ala Ala Asp Pro Lys Asp Asp Cys Ser Val Pro Gly Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Leu Asn Tyr Trp
20

<210> 119

<211> 126

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 119

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Ala Ser Gly Phe Thr Leu Asp Arg Tyr
20 25 30

Ala Val Gly Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Glu Leu Glu Gly Val

35 40 45

Ser Cys Ile Ser Ser Ser Gly Asp Ile Ile Lys Tyr Ala Asp Ser Ala

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ala Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Ala Ala Asp Pro Lys Asp Asp Cys Ser Val Pro Gly Tyr Tyr Gly

100 105 110

Leu Asn Tyr Trp Gly Lys Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 120

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 120

Phe Thr Leu Asp Lys Tyr Ala Ile Gly

1 5

<210> 121

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 121

Ser Cys Ile Thr Ser Ser Ser Gly Val Val Lys Tyr Ala

1 5 10

<210> 122

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 122

Cys Ala Ala Ala Gly Pro Pro Asp Asp Cys Ser Val Pro Gly Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Leu Asn Tyr Trp
20

<210> 123

<211> 126

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 123

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Ala Ser Gly Phe Thr Leu Asp Lys Tyr
20 25 30

Ala Ile Gly Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Glu Leu Glu Gly Val
35 40 45

Ser Cys Ile Thr Ser Ser Ser Gly Val Val Lys Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Thr Asn Asn Arg Ala Phe
65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Ser Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Ala Ala Gly Pro Pro Asp Asp Cys Ser Val Pro Gly Tyr Tyr Gly
100 105 110

Leu Asn Tyr Trp Gly Lys Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 124

<211> 207

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 124

Met Gln Ser Gly Thr His Trp Arg Val Leu Gly Leu Cys Leu Leu Ser
1 5 10 15

Val Gly Val Trp Gly Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr
20 25 30

Gln Thr Pro Tyr Lys Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr
35 40 45

Cys Pro Gln Tyr Pro Gly Ser Glu Ile Leu Trp Gln His Asn Asp Lys
50 55 60

Asn Ile Gly Gly Asp Glu Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser Asp Glu Asp
65 70 75 80

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

Val Cys Tyr Pro Arg Gly Ser Lys Pro Glu Asp Ala Asn Phe Tyr Leu
100 105 110

Tyr Leu Arg Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Met Glu Met Asp Val Met
115 120 125

Ser Val Ala Thr Ile Val Ile Val Asp Ile Cys Ile Thr Gly Gly Leu
130 135 140

Leu Leu Leu Val Tyr Tyr Trp Ser Lys Asn Arg Lys Ala Lys Ala Lys
145 150 155 160

Pro Val Thr Arg Gly Ala Gly Ala Gly Gly Arg Gln Arg Gly Gln Asn
165 170 175

Lys Glu Arg Pro Pro Pro Val Pro Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile Arg
180 185 190

Lys Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser Gly Leu Asn Gln Arg Arg Ile
195 200 205

<210> 125

<211> 22

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 125

Met Gln Ser Gly Thr His Trp Arg Val Leu Gly Leu Cys Leu Leu Ser
1 5 10 15

Val Gly Val Trp Gly Gln
20

<

210> 126

<211> 104

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 126

Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys Val
1 5 10 15

Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr Cys Pro Gln Tyr Pro Gly
20 25 30

Ser Glu Ile Leu Trp Gln His Asn Asp Lys Asn Ile Gly Gly Asp Glu
35 40 45

Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser Asp Glu Asp His Leu Ser Leu Lys Glu

50 55 60

Phe Ser Glu Leu Glu Gln Ser Gly Tyr Tyr Val Cys Tyr Pro Arg Gly
65 70 75 80

Ser Lys Pro Glu Asp Ala Asn Phe Tyr Leu Tyr Leu Arg Ala Arg Val
85 90 95

Cys Glu Asn Cys Met Glu Met Asp
100

<210> 127

<211> 26

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 127

Val Met Ser Val Ala Thr Ile Val Ile Val Asp Ile Cys Ile Thr Gly

1 5 10 15

Gly Leu Leu Leu Leu Val Tyr Tyr Trp Ser

20 25

<210> 128

<211> 55

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 128

Lys Asn Arg Lys Ala Lys Ala Lys Pro Val Thr Arg Gly Ala Gly Ala

1 5 10 15

Gly Gly Arg Gln Arg Gly Gln Asn Lys Glu Arg Pro Pro Pro Val Pro

20 25 30

Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile Arg Lys Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser

35 40 45

Gly Leu Asn Gln Arg Arg Ile

50 55

<210> 129

<211> 182

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 129

Met Glu Gln Gly Lys Gly Leu Ala Val Leu Ile Leu Ala Ile Ile Leu

1 5 10 15

Leu Gln Gly Thr Leu Ala Gln Ser Ile Lys Gly Asn His Leu Val Lys

20 25 30

Val Tyr Asp Tyr Gln Glu Asp Gly Ser Val Leu Leu Thr Cys Asp Ala

35 40 45

Glu Ala Lys Asn Ile Thr Trp Phe Lys Asp Gly Lys Met Ile Gly Phe

50 55 60

Leu Thr Glu Asp Lys Lys Lys Trp Asn Leu Gly Ser Asn Ala Lys Asp

65 70 75 80

Pro Arg Gly Met Tyr Gln Cys Lys Gly Ser Gln Asn Lys Ser Lys Pro
85 90 95
Leu Gln Val Tyr Tyr Arg Met Cys Gln Asn Cys Ile Glu Leu Asn Ala

100 105 110
Ala Thr Ile Ser Gly Phe Leu Phe Ala Glu Ile Val Ser Ile Phe Val
115 120 125
Leu Ala Val Gly Val Tyr Phe Ile Ala Gly Gln Asp Gly Val Arg Gln
130 135 140
Ser Arg Ala Ser Asp Lys Gln Thr Leu Leu Pro Asn Asp Gln Leu Tyr
145 150 155 160
Gln Pro Leu Lys Asp Arg Glu Asp Asp Gln Tyr Ser His Leu Gln Gly

165 170 175
Asn Gln Leu Arg Arg Asn
180

<210> 130
<211> 160
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 130
Gln Ser Ile Lys Gly Asn His Leu Val Lys Val Tyr Asp Tyr Gln Glu
1 5 10 15
Asp Gly Ser Val Leu Leu Thr Cys Asp Ala Glu Ala Lys Asn Ile Thr
20 25 30
Trp Phe Lys Asp Gly Lys Met Ile Gly Phe Leu Thr Glu Asp Lys Lys

35 40 45
Lys Trp Asn Leu Gly Ser Asn Ala Lys Asp Pro Arg Gly Met Tyr Gln
50 55 60
Cys Lys Gly Ser Gln Asn Lys Ser Lys Pro Leu Gln Val Tyr Tyr Arg
65 70 75 80
Met Cys Gln Asn Cys Ile Glu Leu Asn Ala Ala Thr Ile Ser Gly Phe
85 90 95

Leu Phe Ala Glu Ile Val Ser Ile Phe Val Leu Ala Val Gly Val Tyr

100 105 110

Phe Ile Ala Gly Gln Asp Gly Val Arg Gln Ser Arg Ala Ser Asp Lys

115 120 125

Gln Thr Leu Leu Pro Asn Asp Gln Leu Tyr Gln Pro Leu Lys Asp Arg

130 135 140

Glu Asp Asp Gln Tyr Ser His Leu Gln Gly Asn Gln Leu Arg Arg Asn

145 150 155 160

<210> 131

<211> 22

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 131

Met Glu Gln Gly Lys Gly Leu Ala Val Leu Ile Leu Ala Ile Ile Leu

1 5 10 15

Leu Gln Gly Thr Leu Ala

20

<210> 132

<211> 94

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 132

Gln Ser Ile Lys Gly Asn His Leu Val Lys Val Tyr Asp Tyr Gln Glu

1 5 10 15

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

20 25 30

Trp Phe Lys Asp Gly Lys Met Ile Gly Phe Leu Thr Glu Asp Lys Lys

35 40 45

Lys Trp Asn Leu Gly Ser Asn Ala Lys Asp Pro Arg Gly Met Tyr Gln

50 55 60

Cys Lys Gly Ser Gln Asn Lys Ser Lys Pro Leu Gln Val Tyr Tyr Arg

65 70 75 80

Met Cys Gln Asn Cys Ile Glu Leu Asn Ala Ala Thr Ile Ser
85 90

<210> 133
<211> 21
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 133
Gly Phe Leu Phe Ala Glu Ile Val Ser Ile Phe Val Leu Ala Val Gly
1 5 10 15
Val Tyr Phe Ile Ala
20

<210> 134
<211> 45
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 134
Gly Gln Asp Gly Val Arg Gln Ser Arg Ala Ser Asp Lys Gln Thr Leu
1 5 10 15
Leu Pro Asn Asp Gln Leu Tyr Gln Pro Leu Lys Asp Arg Glu Asp Asp

20 25 30
Gln Tyr Ser His Leu Gln Gly Asn Gln Leu Arg Arg Asn
35 40 45

<210> 135
<211> 172
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 135
Met Glu His Ser Thr Phe Leu Ser Gly Leu Val Leu Ala Thr Leu Leu
1 5 10 15
Ser Gln Val Ser Pro Phe Lys Ile Pro Ile Glu Glu Leu Glu Asp Arg
20 25 30
Val Phe Val Asn Cys Asn Thr Ser Ile Thr Trp Val Glu Gly Thr Val

35 40 45

Gly Thr Leu Leu Ser Asp Ile Thr Arg Leu Asp Leu Gly Lys Arg Ile

50 55 60

Leu Asp Pro Arg Gly Ile Tyr Arg Cys Asn Gly Thr Asp Ile Tyr Lys

65 70 75 80

Asp Lys Glu Ser Thr Val Gln Val His Tyr Arg Met Cys Gln Ser Cys

85 90 95

Val Glu Leu Asp Pro Ala Thr Val Ala Gly Ile Ile Val Thr Asp Val

100 105 110

Ile Ala Thr Leu Leu Leu Ala Leu Gly Val Phe Cys Phe Ala Gly His

115 120 125

Glu Thr Gly Arg Leu Ser Gly Ala Ala Asp Thr Gln Ala Leu Leu Arg

130 135 140

Asn Asp Gln Val Tyr Gln Pro Leu Arg Asp Arg Asp Asp Ala Gln Tyr

145 150 155 160

Ser His Leu Gly Gly Asn Trp Ala Arg Asn Lys Ser

165 170

<210> 136

<211> 151

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 136

Phe Lys Ile Pro Ile Glu Glu Leu Glu Asp Arg Val Phe Val Asn Cys

1 5 10 15

Asn Thr Ser Ile Thr Trp Val Glu Gly Thr Val Gly Thr Leu Leu Ser

20 25 30

Asp Ile Thr Arg Leu Asp Leu Gly Lys Arg Ile Leu Asp Pro Arg Gly

35 40 45

Ile Tyr Arg Cys Asn Gly Thr Asp Ile Tyr Lys Asp Lys Glu Ser Thr

50 55 60

Val Gln Val His Tyr Arg Met Cys Gln Ser Cys Val Glu Leu Asp Pro

65 70 75 80

Ala Thr Val Ala Gly Ile Ile Val Thr Asp Val Ile Ala Thr Leu Leu
85 90 95
Leu Ala Leu Gly Val Phe Cys Phe Ala Gly His Glu Thr Gly Arg Leu
100 105 110

Ser Gly Ala Ala Asp Thr Gln Ala Leu Leu Arg Asn Asp Gln Val Tyr
115 120 125
Gln Pro Leu Arg Asp Arg Asp Asp Ala Gln Tyr Ser His Leu Gly Gly
130 135 140
Asn Trp Ala Arg Asn Lys Ser
145 150

<210> 137
<211> 21
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 137
Met Glu His Ser Thr Phe Leu Ser Gly Leu Val Leu Ala Thr Leu Leu
1 5 10 15

Ser Gln Val Ser Pro
20

<210> 138
<211> 84
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 138
Phe Lys Ile Pro Ile Glu Glu Leu Glu Asp Arg Val Phe Val Asn Cys
1 5 10 15
Asn Thr Ser Ile Thr Trp Val Glu Gly Thr Val Gly Thr Leu Leu Ser
20 25 30
Asp Ile Thr Arg Leu Asp Leu Gly Lys Arg Ile Leu Asp Pro Arg Gly
35 40 45
Ile Tyr Arg Cys Asn Gly Thr Asp Ile Tyr Lys Asp Lys Glu Ser Thr

50 55 60

Val Gln Val His Tyr Arg Met Cys Gln Ser Cys Val Glu Leu Asp Pro
65 70 75 80
Ala Thr Val Ala

<210> 139
<211> 21
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 139
Gly Ile Ile Val Thr Asp Val Ile Ala Thr Leu Leu Leu Ala Leu Gly
1 5 10 15
Val Phe Cys Phe Ala
20
<210> 140
<211> 45
<212> PRT

<213> Homo sapiens
<400> 140
Gly His Glu Thr Gly Arg Leu Ser Gly Ala Ala Asp Thr Gln Ala Leu
1 5 10 15
Leu Arg Asn Asp Gln Val Tyr Gln Pro Leu Arg Asp Arg Asp Asp Ala
20 25 30
Gln Tyr Ser His Leu Gly Gly Asn Trp Ala Arg Asn Lys
35 40 45
<210> 141
<211> 164
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 141
Met Lys Trp Lys Ala Leu Phe Thr Ala Ala Ile Leu Gln Ala Gln Leu

1 5 10 15
Pro Ile Thr Glu Ala Gln Ser Phe Gly Leu Leu Asp Pro Lys Leu Cys
20 25 30

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

65 70 75 80
Glu Glu Tyr Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met
85 90 95
Gly Gly Lys Pro Gln Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn
100 105 110
Glu Leu Gln Lys Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met
115 120 125
Lys Gly Glu Arg Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly

130 135 140
Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala
145 150 155 160
Leu Pro Pro Arg

<210> 142
<211> 140
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 142
Ile Gln Asn Pro Asp Pro Ala Val Tyr Gln Leu Arg Asp Ser Lys Ser
1 5 10 15
Ser Asp Lys Ser Val Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Thr Asn
20 25 30

Val Ser Gln Ser Lys Asp Ser Asp Val Tyr Ile Thr Asp Lys Thr Val
35 40 45
Leu Asp Met Arg Ser Met Asp Phe Lys Ser Asn Ser Ala Val Ala Trp
50 55 60
Ser Asn Lys Ser Asp Phe Ala Cys Ala Asn Ala Phe Asn Asn Ser Ile

65 70 75 80

Ile Pro Glu Asp Thr Phe Phe Pro Ser Pro Glu Ser Ser Cys Asp Val

85 90 95

Lys Leu Val Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Thr Asn Leu Asn Phe Gln

100 105 110

Asn Leu Ser Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly

115 120 125

Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser

130 135 140

<210> 143

<211> 115

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 143

Ile Gln Asn Pro Asp Pro Ala Val Tyr Gln Leu Arg Asp Ser Lys Ser

1 5 10 15

Ser Asp Lys Ser Val Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Thr Asn

20 25 30

Val Ser Gln Ser Lys Asp Ser Asp Val Tyr Ile Thr Asp Lys Thr Val

35 40 45

Leu Asp Met Arg Ser Met Asp Phe Lys Ser Asn Ser Ala Val Ala Trp

50 55 60

Ser Asn Lys Ser Asp Phe Ala Cys Ala Asn Ala Phe Asn Asn Ser Ile

65 70 75 80

Ile Pro Glu Asp Thr Phe Phe Pro Ser Pro Glu Ser Ser Cys Asp Val

85 90 95

Lys Leu Val Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Thr Asn Leu Asn Phe Gln

100 105 110

Asn Leu Ser

115

<210> 144

<211> 23

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 144

Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu

1 5 10 15

Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp

20

<210> 145

<211> 2

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 145

Ser Ser

1

<210> 146

<211> 137

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220><221> MOD_RES

<222> (1)..(1)

<223> Any amino acid

<400> 146

Xaa Ile Gln Asn Pro Glu Pro Ala Val Tyr Gln Leu Lys Asp Pro Arg

1 5 10 15

Ser Gln Asp Ser Thr Leu Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Ile

20 25 30

Asn Val Pro Lys Thr Met Glu Ser Gly Thr Phe Ile Thr Asp Lys Thr

35 40 45

Val Leu Asp Met Lys Ala Met Asp Ser Lys Ser Asn Gly Ala Ile Ala

50 55 60

Trp Ser Asn Gln Thr Ser Phe Thr Cys Gln Asp Ile Phe Lys Glu Thr

65 70 75 80

Asn Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr

85 90 95

Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser
100 105 110
Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu
115 120 125
Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser
130 135

<210> 147
<211> 22
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 147
Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu
1 5 10 15

Met Thr Leu Arg Leu Trp
20

<210> 148
<211> 177
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 148
Glu Asp Leu Asn Lys Val Phe Pro Pro Glu Val Ala Val Phe Glu Pro
1 5 10 15
Ser Glu Ala Glu Ile Ser His Thr Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu
20 25 30
Ala Thr Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn
35 40 45

Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Pro Leu Lys
50 55 60
Glu Gln Pro Ala Leu Asn Asp Ser Arg Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu
65 70 75 80
Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp Gln Asn Pro Arg Asn His Phe Arg Cys

85 90 95

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

100 105 110

Arg Ala Lys Pro Val Thr Gln Ile Val Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg

115 120 125

Ala Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser

130 135 140

Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala

145 150 155 160

Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asp

165 170 175

Phe

<210> 149

<211> 150

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 149

Glu Asp Leu Asn Lys Val Phe Pro Pro Glu Val Ala Val Phe Glu Pro

1 5 10 15

Ser Glu Ala Glu Ile Ser His Thr Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu

20 25 30

Ala Thr Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn

35 40 45

Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Pro Leu Lys

50 55 60

Glu Gln Pro Ala Leu Asn Asp Ser Arg Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu

65 70 75 80

Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp Gln Asn Pro Arg Asn His Phe Arg Cys

85 90 95

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

100 105 110

Arg Ala Lys Pro Val Thr Gln Ile Val Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg

115 120 125

Ala Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser

130 135 140

Ala Thr Ile Leu Tyr Glu

145 150

<210> 150

<211> 21

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 150

Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Ala Leu

1 5 10 15

Val Leu Met Ala Met

20

<210> 151

<211

> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 151

Val Lys Arg Lys Asp Phe

1 5

<210> 152

<211> 173

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 152

Glu Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys Val Ser Leu Phe Glu Pro

1 5 10 15

Ser Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu

20 25 30

Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn

35 40 45

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

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

<210> 153

<211> 27

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 153

Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu
1 5 10 15
Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys
20 25

<210> 154

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 154

Lys Arg Lys Asn Ser

1 5

<210> 155

<211> 138

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 155

Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu

1 5 10 15

Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys

20 25 30

Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu

35 40 45

Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys

50 55 60

Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys

65 70 75 80

Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys

85 90 95

Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val

100 105 110

Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr

115 120 125

Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala

130 135

<210> 156

<211> 23

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 156

Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala

1 5 10 15

Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu

20

<210> 157

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 157

Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

1 5 10

<210> 158

<211> 23

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 158

Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu

1 5 10 15

Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe

20

<210> 159

<211> 8412

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 159

ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60

cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120

ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180

tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240

atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300

gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360

gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420

attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480

ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540

ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600

aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660
tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720
cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780
gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa cacccttgt 840
attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900
aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960
acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080
aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140
gtttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200
ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260
gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320
ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380
aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500
aggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560
ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620
attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680
ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740
atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800
cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920
tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980
ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040
acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100
gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160
tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220
cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280

accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340

ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460

agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520

gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580

cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640

ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700

caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760

cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820

cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880

gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940

caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000

cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060

attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120

gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180

gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240

caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300

caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360

ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420

ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480

agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540

agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600

taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660

aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720

accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780

attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840

agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900

tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960

ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080

gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140

gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200

gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320

gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380

ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttt 4500

ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560

ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620

gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740

accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800

gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220

tcctcctgat cccaggtaag cctatcccta accctctcct cggtctcgat tctacgggag 5280

ccacctaccc cagttcagac gttccctgtg atgccacgtt gactgagaaa agctttgaaa 5340

cagatatgaa cctaaacttt caaaacctgt cagttatggg actccgaatc ctcctgctga 5400

aagtagccgg atttaacctg ctcatgacgc tgaggctgtg gtccagtggc agcggcgagg 5460

gcagaggaag tctgctaaca tgcggtgacg tcgaggagaa tcctggacct ggtcgagcag 5520

actgtggtat tacctcagca tcctatcaac aaggagtctt gtctgccacc atcctctatg 5580

agatcctgct agggaaagcc accctgtatg ctgtgcttgt cagtacactg gtggtgatgg 5640

ctatggtcaa aagaaagaat tcatgagata tcgagcatct taccgccatt tatacccata 5700

tttgttctgt ttttcttgat ttgggtatac atttaaatgt taataaaaca aaatggtggg 5760

gcaatcattt acatttttag ggatatgtaa ttactagttc aggtgtattg ccacaagaca 5820

aacatgttaa gaaactttcc cgttatttac gctctgttcc tgttaatcaa cctctggatt 5880

acaaaatttg tgaaagattg actgatattc ttaactatgt tgctcctttt acgctgtgtg 5940

gatatgctgc tttatagcct ctgtatctag ctattgcttc ccgtacggct ttcgttttct 6000

cctccttgta taaatcctgg ttgctgtctc ttttagagga gttgtggccc gttgtccgtc 6060

aacgtggcgt ggtgtgctct gtgtttgctg acgcaacccc cactggctgg ggcattgcca 6120
ccacctgtca actccttttct gggactttcg ctttcccccc cccgatcgcc acggcagaac 6180
tcatcgccgc ctgccttgcc cgctgctgga caggggctag gttgctgggc actgataatt 6240
ccgtggtgtt gtcagtactg gtacctttaa gaccaatgac ttacaaggca gctgtagatc 6300
ttagccactt tttaaaagaa aaggggggac tggaagggct aattcactcc caaagaagac 6360
aagatctgct ttttgcctgt actgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc 6420
tctctggcta actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgcttc 6480

aatgatcata atcaagccat atcacatctg tagaggttta cttgctttaa aaaacctcca 6540
cacctccccc tgaacctgaa acataaaatg aatgcaattg ttgttgttaa cttgtttatt 6600
gcagcttata atggttacaa ataaagcaat agcatcacaa atttcacaaa taaagcattt 6660
ttttcactgc attctagttg tggtttgtcc aaactcatca atgtatctta tcatgtctgg 6720
atctgcgtcg acacgaagag acgactgact gactgactgg aaagaggaag ggctggaaga 6780
ggaaggagct tgatccagat cccgatctcg atccagatcc ggatcgcagc ttggcgtaat 6840
catggtcata gctgtttcct gtgtgaaatt gttatccgct cacaattcca cacaacatac 6900

gagccggaag cataaagtgt aaagcctggg gtgcctaatg agtgagctaa ctcacattaa 6960
ttgcgttgcg ctcactgccc gctttccagt cgggaaacct gtcgtgccag ctgcattaat 7020
gaatcggcca acgcgcgggg agaggcggtt tgcgtattgg gcgctcttcc gcttcctcgc 7080
tcactgactc gctgcgctcg gtcgttcggc tgcggcgagc ggtatcagct cactcaaagg 7140
cggtaatacg gttatccaca gaatcagggg ataacgcagg aaagaacatg tgagcaaaag 7200
gccagcaaaa ggccaggaac cgtaaaaagg ccgcgttgct ggcgtttttc cataggctcc 7260
gccccccctga cgagcatcac aaaaatcgac gctcaagtca gaggtggcga aacccgacag 7320

gactataaag ataccaggcg tttcccccctg gaagctccct cgtgcgctct cctgttccga 7380
ccctgccgct taccggatac ctgtccgcct ttctcccttc gggaagcgtg gcgctttctc 7440
atagctcacg ctgtaggtat ctcagttcgg tgtaggtcgt tcgctccaag ctgggctgtg 7500
tgcacgaacc ccccgttcag cccgaccgct gcgccttatc cggtaactat cgtcttgagt 7560
ccaacccggt aagacacgac ttatcgccac tggcagcagc cactggtaac aggattagca 7620
gagcgaggta tgtaggcggt gctacagagt tcttgaagtg gtggcctaac tacggctaca 7680
ctagaagaac agtatttggt atctgcgctc tgctgaagcc agttaccttc ggaaaaagag 7740

ttggtagctc ttgatccggc aaacaaacca ccgctggtag cggtggtttt tttgtttgca 7800

agcagcagat tacgcgcaga aaaaaaggat ctcaagaaga tcctttgatc ttttctacgg 7860

ggtctgacgc tcagtggaac gaaaactcac gttaagggat tttggtcatg agattatcaa 7920

aaaggatctt cacctagatc cttttaaatt aaaaatgaag ttttaaatca atctaaagta 7980

tatatgagta aacttggtct gacagttacc aatgcttaat cagtgaggca cctatctcag 8040

cgatctgtct atttcgttca tccatagttg cctgactccc cgtcgtgtag ataactacga 8100

tacgggaggg cttaccatct ggccccagtg ctgcaatgat accgcagctt gggaaaccat 8160

aagagctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag ctcttgatcc ggcaaacaaa 8220

ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt gcaagcagca gattacgcgc agaaaaaaag 8280

gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga cgctcagtgg aacgaaaact 8340

cacgttaagg gattttggtc atgagcttgc gccgtcccgt caagtcagcg taatgctctg 8400

ccagtgttac aa 8412

<210> 160

<211> 9096

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 160

ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60

cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120

ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180

tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240

atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300

gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360

gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420

attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480

ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540

ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600

aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660

tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720

cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780

gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa cacccttgt 840

attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900

aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960

acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080

aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140

gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200

ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260

gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320

ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380

aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500

aggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560

ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620

attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680

ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740

atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800

cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920

tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980

ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040

acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100

gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160

tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220

cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280

accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340

ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460

agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520

gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580

cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640

ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700

caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760

cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820

cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880

gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940

caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000

cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060

attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120

gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180

gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240

caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300

caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360

ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420

ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480

agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540

agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600

taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660

aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720

accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780

attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840

agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900

tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960

ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080

gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140

gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200

gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320

gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380

ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgcttttttt 4500

ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560

ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620

gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740

accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800

gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220

tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct gcctctctgg 5280

gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat ttaaattggt 5340

atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca agattacact 5400

caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct ctcaccatta 5460

gcaacctgga gcaagaagat attgccactt acttttgcca acagggtaat acgcttccgt 5520

acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggagg tggaggttct ggtggaggag 5580

gttcaggagg tggtggaagt gaggtgaaac tgcaggagtc aggacctggc ctggtggcgc 5640

cctcacagag cctgtccgtc acatgcactg tctcaggggt ctcattaccc gactatggtg 5700

taagctggat tcgccagcct ccacgaaagg gtctggagtg gctgggagta atatggggta 5760

gtgaaaccac atactataat tcagctctca aatccagact gaccatcatc aaggacaact 5820

ccaagagcca agttttctta aaaatgaaca gtctgcaaac tgatgacaca gccatttact 5880

actgtgccaa acattattac tacggtggta gctatgctat ggactactgg ggtcaaggaa 5940

cctcagtcac cgtctcctca ggagccacct accccagttc agacgttccc tgtgatgcca 6000

cgttgactga gaaaagcttt gaaacagata tgaacctaaa ctttcaaaac ctgtcagtta 6060

tgggactccg aatcctcctg ctgaaagtag ccggatttaa cctgctcatg acgctgaggc 6120

tgtggtccag tggcagcggc gagggcagag gaagtctgct aacatgcggt gacgtcgagg 6180

agaatcctgg acctggtcga gcagactgtg gtattacctc agcatcctat caacaaggag 6240

tcttgtctgc caccatcctc tatgagatcc tgctagggaa agccaccctg tatgctgtgc 6300

ttgtcagtac actggtggtg atggctatgg tcaaaagaaa gaattcatga gatatcgagc 6360
atcttaccgc catttatacc catatttgtt ctgtttttct tgatttgggt atacatttaa 6420
atgttaataa aacaaaatgg tggggcaatc atttacattt ttagggatat gtaattacta 6480
gttcaggtgt attgccacaa gacaaacatg ttaagaaact ttcccgttat ttacgctctg 6540
ttcctgttaa tcaacctctg gattacaaaa tttgtgaaag attgactgat attcttaact 6600
atgttgctcc ttttacgctg tgtggatatg ctgctttata gcctctgtat ctagctattg 6660
cttcccgtac ggctttcgtt ttctcctcct tgtataaatc ctggttgctg tctcttttag 6720

aggagttgtg gcccgttgtc cgtcaacgtg gcgtggtgtg ctctgtgttt gctgacgcaa 6780
cccccactgg ctggggcatt gccaccacct gtcaactcct ttctgggact ttcgctttcc 6840
ccctcccgat cgccacggca gaactcatcg ccgcctgcct tgcccgctgc tggacagggg 6900
ctaggttgct gggcactgat aattccgtgg tgttgtcagt actggtacct ttaagaccaa 6960
tgacttacaa ggcagctgta gatcttagcc actttttaaa agaaaagggg ggactggaag 7020
ggctaattca ctcccaaaga agacaagatc tgctttttgc ctgtactggg tctctctggt 7080
tagaccagat ctgagcctgg gagctctctg gctaactagg gaacccactg cttaagcctc 7140

aataaagctt gccttgagtg cttcaatgat cataatcaag ccatatcaca tctgtagagg 7200
tttacttgct ttaaaaaacc tccacacctc cccctgaacc tgaaacataa aatgaatgca 7260
attgttgttg ttaacttgtt tattgcagct tataatggtt acaaataaag caatagcatc 7320
acaaatttca caaataaagc attttttttca ctgcattcta gttgtggttt gtccaaactc 7380
atcaatgtat cttatcatgt ctggatctgc gtcgacacga agagacgact gactgactga 7440
ctggaaagag gaagggctgg aagaggaagg agcttgatcc agatcccgat ctcgatccag 7500
atccggatcg cagcttggcg taatcatggt catagctgtt tcctgtgtga aattgttatc 7560

cgctcacaat tccacacaac atacgagccg gaagcataaa gtgtaaagcc tggggtgcct 7620
aatgagtgag ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact gcccgctttc agtcgggaa 7680
acctgtcgtg ccagctgcat taatgaatcg gccaacgcgc ggggagaggc ggtttgcgta 7740
ttgggcgctc ttccgcttcc tcgctcactg actcgctgcg ctcggtcgtt cggctgcggc 7800
gagcggtatc agctcactca aaggcggtaa tacggttatc cacagaatca ggggataacg 7860
caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag gaaccgtaaa aaggccgcgt 7920
tgctggcgtt tttccatagg ctccgccccc ctgacgagca tcacaaaaat cgacgctcaa 7980

gtcagaggtg gcgaaacccg acaggactat aaagatacca ggcgtttccc cctggaagct 8040

ccctcgtgcg ctctcctgtt ccgaccctgc cgcttaccgg atacctgtcc gcctttctcc 8100

cttcgggaag cgtggcgctt tctcatagct cacgctgtag gtatctcagt tcggtgtagg 8160

tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcacg aacccccccgt tcagcccgac cgctgcgcct 8220

tatccggtaa ctatcgtctt gagtccaacc cggtaagaca cgacttatcg ccactggcag 8280

cagccactgg taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg cggtgctaca gagttcttga 8340

agtggtggcc taactacggc tacactagaa gaacagtatt tggtatctgc gctctgctga 8400

agccagttac cttcggaaaa agagttggta gctcttgatc cggcaaacaa accaccgctg 8460

gtagcggtgg ttttttttgtt tgcaagcagc agattacgcg cagaaaaaaa ggatctcaag 8520

aagatccttt gatcttttct acggggtctg acgctcagtg gaacgaaaac tcacgttaag 8580

ggattttggt catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta gatcctttta aattaaaaat 8640

gaagttttaa atcaatctaa agtatatatg agtaaacttg gtctgacagt taccaatgct 8700

taatcagtga ggcacctatc tcagcgatct gtctatttcg ttcatccata gttgcctgac 8760

tccccgtcgt gtagataact acgatacggg agggcttacc atctggcccc agtgctgcaa 8820

tgataccgca gcttgggaaa ccataagagc tgaagccagt taccttcgga aaaagagttg 8880

gtagctcttg atccggcaaa caaaccaccg ctggtagcgg tggttttttt gtttgcaagc 8940

agcagattac gcgcagaaaa aaaggatctc aagaagatcc tttgatcttt tctacggggt 9000

ctgacgctca gtggaacgaa aactcacgtt aagggatttt ggtcatgagc ttgcgccgtc 9060

ccgtcaagtc agcgtaatgc tctgccagtg ttacaa 9096

<210> 161

<211> 9701

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (8081)..(8081)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 161

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggcgtaatca 360

tggtcatagc tgtttcctgt gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga 420

gccggaagca taaagtgtaa agcctggggt gcctaatgag tgagctaact cacattaatt 480

gcgttgcgct cactgcccgc tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga 540

atcggccaac gcgcggggag aggcggtttg cgtattgggc gctcttccgc ttcctcgctc 600

actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg 660

gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc 720

cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc 780

ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga 840

ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc 900

ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat 960

agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg 1020

cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc 1080

aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga 1140

gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggctacact 1200

agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt 1260

ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag 1320

cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg 1380

tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag attatcaaaa 1440

aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata 1500

tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 1560

atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata 1620

cgggagggct taccatctgg ccccagtgct gcaatgatac cgcagcttgg gaaaccataa 1680

gagctgaagc cagttacctt cggaaaaaga gttggtagct cttgatccgg caaacaaacc 1740

accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga 1800

tctcaagaag atcctttgat cttttctacg gggtctgacg ctcagtggaa cgaaaactca 1860

cgttaaggga ttttggtcat gagcttgcgc cgtcccgtca agtcagcgta atgctctgcc 1920

agtgttacaa ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact 1980

gcaatttatt cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg 2040

aaggagaaaa ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga 2100
ttccgactcg tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat 2160
caagtgagaa atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca 2220
tttctttcca gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat 2280
caaccaaacc gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt 2340
taaaaggaca attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat 2400
caacaatatt ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg 2460

ggatcgcagt ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg 2520
gaagaggcat aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg 2580
caacgctacc tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc 2640
gatagattgt cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat 2700
cagcatccat gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa 2760
cacccttgt attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt 2820
tatcttgtgc aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc 2880

catgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc 2940
gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac 3000
tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca 3060
cccaaatcaa gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg 3120
agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag 3180
aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc 3240
accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta 3300

tgcggtgtga aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc 3360
cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc 3420
agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc 3480
agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga 3540
tccagatcga attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg 3600
tctcaacctc ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg 3660
tcattagttc atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg 3720

cctggctgac cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata 3780

gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc 3840

cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac 3900

ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg 3960

cagtacatct acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc 4020

aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc 4080

aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc 4140

gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct 4200

cgtttagtga accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta 4260

actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg 4320

tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg 4380

gaaaatctct agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag 4440

atctctcgac gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga 4500

ctggtgagta cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag 4560

agcgtcggta ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg 4620

gggaaagaaa caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt 4680

cgcagttaat cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct 4740

acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt 4800

cctctattgt gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat 4860

agaggaagag caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg 4920

aggcaggagg cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa 4980

aaattgaacc attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa 5040

aaagagcagt gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta 5100

tgggcgcagc gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc 5160

agcagcagaa caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag 5220

tctggggcat caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc 5280

aacagctcct ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt 5340

ggaatgctag ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg 5400

agtgggacag agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc 5460

aaaaccagca agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt 5520

ggaattggtt taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag 5580

gaggcttggt aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc 5640

agggatattc accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac 5700

aaatggcagt attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag 5760

gggaaagaat agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa 5820

ttacaaaaat tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag 5880

ctgagcatcc ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga 5940

gaagttgggg ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa 6000

ctgggaaagt gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta 6060

tataagtgca gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca 6120

ggtaagtgcc gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt 6180

gccttgaatt acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg 6240

ttggaagtgg gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt 6300

gagttgaggc ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg 6360

cctgtctcgc tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga 6420

cgctttttttt ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt 6480

cggtttttgg ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga 6540

ggcggggcct gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc 6600

ctgctctggt gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg 6660

cccggtcggc accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga 6720

gctcaaaatg gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga 6780

aaagggcctt tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt 6840

ccaggcacct cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg 6900

ggttttatgc gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt 6960

ggcacttgat gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc 7020

tcaagcctca gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac 7080

ccctcagagc cgccaccatg cttctcctgg tgacaagcct tctgctctgt gagttaccac 7140

acccagcatt cctcctgatc ccagacatcc agatgacaca gactacatcc tccctgtctg 7200

cctctctggg agacagagtc accatcagtt gcagggcaag tcaggacatt agtaaatatt 7260

taaattggta tcagcagaaa ccagatggaa ctgttaaact cctgatctac catacatcaa 7320

gattacactc aggagtccca tcaaggttca gtggcagtgg gtctggaaca gattattctc 7380

tcaccattag caacctggag caagaagata ttgccactta cttttgccaa cagggtaata 7440

cgcttccgta cacgttcgga ggggggacta agttggaaat aacaggaggt ggaggttctg 7500

gtggaggagg ttcaggaggt ggtggaagtg aggtgaaact gcaggagtca ggacctggcc 7560
tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca catgcactgt ctcaggggtc tcattacccg 7620
actatggtgt aagctggatt cgccagcctc cacgaaaggg tctggagtgg ctgggagtaa 7680
tatggggtag tgaaaccaca tactataatt cagctctcaa atccagactg accatcatca 7740
aggacaactc caagagccaa gttttcttaa aaatgaacag tctgcaaact gatgacacag 7800
ccatttacta ctgtgccaaa cattattact acggtggtag ctatgctatg gactactggg 7860
gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag gaattcagaa ccctgagcct gccgtgtacc 7920

agctgaagga ccctagaagc caggacagca ccctgtgcct gttcaccgac ttcgacagcc 7980
agatcaacgt gcccaagacc atggaaagcg gcaccttcat caccgataag actgtgctgg 8040
acatgaaggc catggacagc aagagcaacg gcgccattgc ntggtccaat cagaccagct 8100
ttacctgcca agacatcttc aaagagacaa acgccaccta ccccagttca gacgttccct 8160
gtgatgccac gttgactgag aaaagctttg aaacagatat gaacctaaac tttcaaaacc 8220
tgtcagttat gggactccga atcctcctgc tgaaagtagc cggatttaac ctgctcatga 8280
cgctgaggct gtggtccagt ggcagcggcg ctactaactt cagcctgctg aagcaggctg 8340

gagacgtgga ggagaaccct ggacctgatc tgagaaatgt gactccaccc aaggtctcct 8400
tgtttgagcc atcaaaagca gagattgcaa acaaacaaaa ggctaccctc gtgtgcttgg 8460
ccaggggctt cttccctgac cacgtggagc tgagctggtg ggtgaatggc aaggaggtcc 8520
acagtggggt cagcacggac cctcaggcct acaaggagag caattatagc tactgcctga 8580
gcagccgcct gagggtctct gctaccttct ggcacaatcc tcgcaaccac ttccgctgcc 8640
aagtgcagtt ccatgggctt tcagaggagg acaagtggcc agagggctca cccaaacctg 8700
tcacacagaa catcagtgca gaggcctggg gtcgagcaga ctgtggtatt acctcagcat 8760

cctatcaaca aggagtcttg tctgccacca tcctctatga gatcctgcta gggaaagcca 8820
ccctgtatgc tgtgcttgtc agtacactgg tggtgatggc tatggtcaaa agaaagaatt 8880
catgagatat cgagcatctt accgccattt atacccatat ttgttctgtt tttcttgatt 8940
tgggtataca tttaaatgtt aataaaacaa aatggtgggg caatcattta catttttagg 9000
gatatgtaat tactagttca ggtgtattgc cacaagacaa acatgttaag aaactttccc 9060
gttatttacg ctctgttcct gttaatcaac ctctggatta caaaatttgt gaaagattga 9120
ctgatattct taactatgtt gctccttta cgctgtgtgg atatgctgct ttatagcctc 9180

tgtatctagc tattgcttcc cgtacggctt tcgttttctc ctccttgtat aaatcctggt 9240

tgctgtctct tttagaggag ttgtggcccg ttgtccgtca acgtggcgtg gtgtgctctg 9300

tgtttgctga cgcaaccccc actggctggg gcattgccac cacctgtcaa ctcctttctg 9360

ggactttcgc tttccccctc ccgatcgcca cggcagaact catcgccgcc tgccttgccc 9420

gctgctggac aggggctagg ttgctgggca ctgataattc cgtggtgttg tcagtactgg 9480

taccttaag accaatgact tacaaggcag ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa 9540

agggggggact ggaagggcta attcactccc aaagaagaca agatctgctt tttgcctgta 9600

ctgggtctct ctggttagac cagatctgag cctgggagct ctctggctaa ctagggaacc 9660

cactgcttaa gcctcaataa agcttgcctt gagtgcttca a 9701

<210> 162

<211> 8669

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (7052)..(7052)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 162

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggcgtaatca 360

tggtcatagc tgtttcctgt gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga 420

gccggaagca taaagtgtaa agcctggggt gcctaatgag tgagctaact cacattaatt 480

gcgttgcgct cactgcccgc tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga 540

atcggccaac gcgcggggag aggcggtttg cgtattgggc gctcttccgc ttcctcgctc 600

actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg 660

gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc 720

cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc 780

ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga 840

ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc 900

ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat 960

agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg 1020

cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc 1080

aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga 1140

gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggctacact 1200

agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt 1260

ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag 1320

cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg 1380

tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag attatcaaaa 1440

aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata 1500

tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 1560

atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata 1620

cgggagggct taccatctgg ccccagtgct gcaatgatac cgcagcttgg gaaaccataa 1680

gagctgaagc cagttacctt cggaaaaaga gttggtagct cttgatccgg caaacaaacc 1740

accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga 1800

tctcaagaag atcctttgat cttttctacg gggtctgacg ctcagtggaa cgaaaactca 1860

cgttaaggga ttttggtcat gagcttgcgc cgtcccgtca agtcagcgta atgctctgcc 1920

agtgttacaa ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact 1980

gcaatttatt cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg 2040

aaggagaaaa ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga 2100

ttccgactcg tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat 2160

caagtgagaa atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca 2220

tttctttcca gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat 2280

caaccaaacc gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt 2340

taaaaggaca attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat 2400

caacaatatt ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg 2460

ggatcgcagt ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg 2520

gaagaggcat aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg 2580

caacgctacc tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc 2640

gatagattgt cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat 2700
cagcatccat gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa 2760
cacccttgt attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt 2820
tatcttgtgc aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc 2880
catgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc 2940
gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac 3000
tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca 3060

cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg 3120
agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag 3180
aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc 3240
accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta 3300
tgcggtgtga aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc 3360
cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc 3420
agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc 3480

agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga 3540
tccagatcga attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg 3600
tctcaacctc ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg 3660
tcattagttc atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg 3720
cctggctgac cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata 3780
gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc 3840
cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac 3900

ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg 3960
cagtacatct acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc 4020
aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc 4080
aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc 4140
gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct 4200
cgtttagtga accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta 4260
actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg 4320

tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg 4380

gaaaatctct agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag 4440

atctctcgac gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga 4500

ctggtgagta cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag 4560

agcgtcggta ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg 4620

gggaaagaaa caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt 4680

cgcagttaat cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct 4740

acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt 4800

cctctattgt gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat 4860

agaggaagag caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg 4920

aggcaggagg cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa 4980

aaattgaacc attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa 5040

aaagagcagt gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta 5100

tgggcgcagc gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc 5160

agcagcagaa caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag 5220

tctggggcat caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc 5280

aacagctcct ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt 5340

ggaatgctag ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg 5400

agtgggacag agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc 5460

aaaaccagca agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt 5520

ggaattggtt taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag 5580

gaggcttggt aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc 5640

agggatattc accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac 5700

aaatggcagt attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag 5760

gggaaagaat agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa 5820

ttacaaaaat tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag 5880

ctgagctagc gggcggagtt agggcggagc caatcagcgt gcgccgttcc gaaagttgcc 5940

ttttatggct gggcggagaa tgggcggtga acgccgatga ttatataagg acgcgccggg 6000

tgtggcacag ctagttccgt cgcagccggg atttgggtcg cggttcttgt ttgttcagag 6060

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 6120

tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct gcctctctgg 6180

gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat ttaaattggt 6240

atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca agattacact 6300

caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct ctcaccatta 6360

gcaacctgga gcaagaagat attgccactt acttttgcca acagggtaat acgcttccgt 6420

acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggagg tggaggttct ggtggaggag 6480

gttcaggagg tggtggaagt gaggtgaaac tgcaggagtc aggacctggc ctggtggcgc 6540

cctcacagag cctgtccgtc acatgcactg tctcaggggt ctcattaccc gactatggtg 6600

taagctggat tcgccagcct ccacgaaagg gtctggagtg gctgggagta atatggggta 6660

gtgaaaccac atactataat tcagctctca aatccagact gaccatcatc aaggacaact 6720

ccaagagcca agttttctta aaaatgaaca gtctgcaaac tgatgacaca gccatttact 6780

actgtgccaa acattattac tacggtggta gctatgctat ggactactgg ggtcaaggaa 6840

cctcagtcac cgtctcctca ggaattcaga accctgagcc tgccgtgtac cagctgaagg 6900

accctagaag ccaggacagc accctgtgcc tgttcaccga cttcgacagc cagatcaacg 6960

tgcccaagac catggaaagc ggcaccttca tcaccgataa gactgtgctg gacatgaagg 7020

ccatggacag caagagcaac ggcgccattg cntggtccaa tcagaccagc tttacctgcc 7080

aagacatctt caaagagaca aacgccacct accccagttc agacgttccc tgtgatgcca 7140

cgttgactga gaaaagcttt gaaacagata tgaacctaaa ctttcaaaac ctgtcagtta 7200

tgggactccg aatcctcctg ctgaaagtag ccggatttaa cctgctcatg acgctgaggc 7260

tgtggtccag tggcagcggc gagggcagag gaagtctgct aacatgcggt gacgtcgagg 7320

agaatcctgg acctgatctg agaaatgtga ctccacccaa ggtctccttg tttgagccat 7380

caaaagcaga gattgcaaac aaacaaaagg ctaccctcgt gtgcttggcc aggggcttct 7440

tccctgacca cgtggagctg agctggtggg tgaatggcaa ggaggtccac agtggggtca 7500

gcacggaccc tcaggcctac aaggagagca attatagcta ctgcctgagc agccgcctga 7560

gggtctctgc taccttctgg cacaatcctc gcaaccactt ccgctgccaa gtgcagttcc 7620

atgggctttc agaggaggac aagtggccag agggctcacc caaacctgtc acacagaaca 7680

tcagtgcaga ggcctggggt cgagcagact gtggtattac ctcagcatcc tatcaacaag 7740

gagtcttgtc tgccaccatc ctctatgaga tcctgctagg gaaagccacc ctgtatgctg 7800

tgcttgtcag tacactggtg gtgatggcta tggtcaaaag aaagaattca tgagatatcg 7860

agcatcttac cgccatttat acccatattt gttctgtttt tcttgatttg ggtatacatt 7920

taaatgttaa taaaacaaaa tggtggggca atcatttaca tttttaggga tatgtaatta 7980

ctagttcagg tgtattgcca caagacaaac atgttaagaa actttcccgt tatttacgct 8040

ctgttcctgt taatcaacct ctggattaca aaatttgtga aagattgact gatattctta 8100

actatgttgc tccttttacg ctgtgtggat atgctgcttt atagcctctg tatctagcta 8160
ttgcttcccg tacggctttc gttttctcct ccttgtataa atcctggttg ctgtctcttt 8220
tagaggagtt gtggcccgtt gtccgtcaac gtggcgtggt gtgctctgtg tttgctgacg 8280
caacccccac tggctggggc attgccacca cctgtcaact cctttctggg actttcgctt 8340
tccccctccc gatcgccacg gcagaactca tcgccgcctg ccttgcccgc tgctggacag 8400
gggctaggtt gctgggcact gataattccg tggtgttgtc agtactggta cctttaagac 8460
caatgactta caaggcagct gtagatctta gccacttttt aaaagaaaag gggggactgg 8520

aagggctaat tcactcccaa agaagacaag atctgctttt tgcctgtact gggtctctct 8580
ggttagacca gatctgagcc tgggagctct ctggctaact agggaaccca ctgcttaagc 8640
ctcaataaag cttgccttga gtgcttcaa 8669

<210> 163
<211> 9929
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 163

aaagctgagc atccggctcc ggtgcccgtc agtgggcaga gcgcacatcg cccacagtcc 60
ccgagaagtt ggggggaggg gtcggcaatt gaaccggtgc ctagagaagg tggcgcgggg 120

taaactggga aagtgatgtc gtgtactggc tccgcctttt tcccgagggt gggggagaac 180
cgtatataag tgcagtagtc gccgtgaacg ttcttttttcg caacgggttt gccgccagaa 240
cacaggtaag tgccgtgtgt ggttcccgcg ggcctggcct ctttacgggt tatggccctt 300
gcgtgccttg aattacttcc acgcccctgg ctgcagtacg tgattcttga tcccgagctt 360
cgggttggaa gtgggtggga gagttcgagg ccttgcgctt aaggagcccc ttcgcctcgt 420
gcttgagttg aggcctggcc tgggcgctgg ggccgccgcg tgcgaatctg gtggcacctt 480
cgcgcctgtc tcgctgcttt cgataagtct ctagccattt aaaatttttg atgacctgct 540

gcgacgcttt ttttctggca agatagtctt gtaaatgcgg gccaagatct gcacactggt 600
atttcggttt ttggggccgc gggcggcgac ggggcccgtg cgtcccagcg cacatgttcg 660
gcgaggcggg gcctgcgagc gcggccaccg agaatcggac ggggtagtc tcaagctggc 720
cggcctgctc tggtgcctgg cctcgcgccg ccgtgtatcg ccccgccctg ggcggcaagg 780

ctggcccggt cggcaccagt tgcgtgagcg gaaagatggc cgcttcccgg ccctgctgca 840

gggagctcaa aatggaggac gcggcgctcg ggagagcggg cgggtgagtc acccacacaa 900

aggaaaaggg cctttccgtc ctcagccgtc gcttcatgtg actccacgga gtaccgggcg 960

ccgtccaggc acctcgatta gttctcgagc ttttggagta cgtcgtcttt aggttggggg 1020

gaggggtttt atgcgatgga gtttccccac actgagtggg tggagactga agttaggcca 1080

gcttggcact tgatgtaatt ctccttggaa tttgcccttt ttgagtttgg atcttggttc 1140

attctcaagc ctcagacagt ggttcaaagt ttttttcttc catttcaggt gtcgtgaaaa 1200

ctacccctct agagccgcca ccatgcttct cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt 1260

accacaccca gcattcctcc tgatcccaga catccagatg acacagacta catcctccct 1320

gtctgcctct ctgggagaca gagtcaccat cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa 1380

atatttaaat tggtatcagc agaaaccaga tggaactgtt aaactcctga tctaccatac 1440

atcaagatta cactcaggag tcccatcaag gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta 1500

ttctctcacc attagcaacc tggagcaaga agatattgcc acttactttt gccaacaggg 1560

taatacgctt ccgtacacgt tcggaggggg gactaagttg gaaataacag gctccacctc 1620

tggatccggc aagcccggat ctggcgaggg atccaccaag ggcgaggtga aactgcagga 1680

gtcaggacct ggcctggtgg cgccctcaca gagcctgtcc gtcacatgca ctgtctcagg 1740

ggtctcatta cccgactatg gtgtaagctg gattcgccag cctccacgaa agggtctgga 1800

gtggctggga gtaatatggg gtagtgaaac cacatactat aattcagctc tcaaatccag 1860

actgaccatc atcaaggaca actccaagag ccaagttttc ttaaaaatga acagtctgca 1920

aactgatgac acagccattt actactgtgc caaacattat tactacggtg gtagctatgc 1980

tatggactac tggggtcaag gaacctcagt caccgtctcc tcagcggccg caggtggagg 2040

aggttctgga ggtggtggat caggtggtgg aggatcttta gaaggagcca cctaccccag 2100

ttcagacgtt ccctgtgatg ccacgttgac tgagaaaagc tttgaaacag atatgaacct 2160

aaactttcaa aacctgtcag ttatgggact ccgaatcctc ctgctgaaag tagccggatt 2220

taacctgctc atgacgctga ggctgtggtc cagtgggtca ggcgagggca gaggaagtct 2280

gctaacatgc ggtgacgtcg aggagaatcc tggacctatg ctactacttg tgacctcact 2340

attgttatgc gaactccctc atcccgcatt cttgctgatt ccagacattc agatgactca 2400

aacaacttcc agcctctccg cctcactcgg cgaccgcgta acaataagct gtcgggcctc 2460

gcaagatatt agtaagtacc tgaattggta tcagcaaaaa cccgatggta cagtcaagct 2520

tctgatctac cataccagtc gtctgcacag cggtgtcccc agcaggttca gcggctcagg 2580

atctggtacc gattattcac tgacgatttc caaccttgag caggaggaca tcgccaccta 2640

cttctgccag cagggtaata ctctgccgta cacattcggg ggcggtacca agctcgagat 2700
cacgggttca acaagcggtt ctggcaagcc aggcagcggc gaggggagta caaaggggga 2760
ggtgaagttg caggaaagtg gccctggatt ggtggccccg agccagagtc tgtctgtcac 2820
ctgcacagtt tccggagtaa gtctgcctga ttacggagtg tcctggatca gacagccacc 2880
tcgaaagggc ttggagtggc ttggggtcat ttggggcagt gaaaccacat actacaacag 2940
cgctcttaag tccaggctca ctatcatcaa ggacaattca aagagccaag tattcttgaa 3000
aatgaattcc ctgcagactg atgacaccgc tatttattat tgcgctaaac attattacta 3060

tggaggttct tatgccatgg actactgggg gcagggtacc tctgtgacag tgagttcagc 3120
tgcagctgga ggtggaggta gcggaggcgg tggtagtgga gggggtggtt ctctggaagg 3180
tcgagcagac tgtggtatta cctcagcatc ctatcaacaa ggagtcttgt ctgccaccat 3240
cctctatgag atcctgctag ggaaagccac cctgtatgct gtgcttgtca gtacactggt 3300
ggtgatggct atggtcaaaa gaaagaattc atgagatatc gagcatctta ccgccattta 3360
tacccatatt tgttctgttt ttcttgattt gggtatacat ttaaatgtta ataaaacaaa 3420
atggtggggc aatcatttac atttttaggg atatgtaatt actagttcag gtgtattgcc 3480

acaagacaaa catgttaaga aactttcccg ttatttacgc tctgttcctg ttaatcaacc 3540
tctggattac aaaatttgtg aaagattgac tgatattctt aactatgttg ctccttttac 3600
gctgtgtgga tatgctgctt tatagcctct gtatctagct attgcttccc gtacggcttt 3660
cgttttctcc tccttgtata aatcctggtt gctgtctctt ttagaggagt tgtggcccgt 3720
tgtccgtcaa cgtggcgtgg tgtgctctgt gtttgctgac gcaaccccca ctggctgggg 3780
cattgccacc acctgtcaac tcctttctgg gactttcgct ttccccctcc cgatcgccac 3840
ggcagaactc atcgccgcct gccttgcccg ctgctggaca ggggctaggt tgctgggcac 3900

tgataattcc gtggtgttgt cagtactggt acctttaaga ccaatgactt acaaggcagc 3960
tgtagatctt agccactttt taaaagaaaa ggggggactg gaagggctaa ttcactccca 4020
aagaagacaa gatctgcttt ttgcctgtac tgggtctctc tggttagacc agatctgagc 4080
ctgggagctc tctggctaac tagggaaccc actgcttaag cctcaataaa gcttgccttg 4140
agtgcttcaa tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa 4200
aacctccaca cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact 4260
tgtttattgc agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata 4320

aagcattttt ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc 4380

atgtctggat ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg 4440

ctggaagagg aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt 4500

ggcgtaatca tggtcatagc tgtttcctgt gtgaaattgt tatccgctca caattccaca 4560

caacatacga gccggaagca taaagtgtaa agcctggggt gcctaatgag tgagctaact 4620

cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct 4680

gcattaatga atcggccaac gcgcggggag aggcggtttg cgtattgggc gctcttccgc 4740

ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca 4800

ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg 4860

agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca 4920

taggctccgc ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa 4980

cccgacagga ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc 5040

tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc 5100

gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct 5160

gggctgtgtg cacgaacccc cccggtaaga cacgacttat cgccactggc agcagccact 5220

ggtaacagga ttagcagagc gaggtatgta ggcggtgcta cagagttctt gaagtggtgg 5280

cctaactacg gctacactag aagaacagta tttggtatct gcgctctgct gaagccagtt 5340

accttcggaa aaagagttgg tagctcttga tccggcaaac aaaccaccgc tggtagcggt 5400

ggtttttttg tttgcaagca gcagattacg cgcagaaaaa aaggatctca agaagatcct 5460

ttgatctttt ctacggggtc tgacgctcag tggaacgaaa actcacgtta agggattttg 5520

gtcatgagat tatcaaaaag gatcttcacc tagatccttt taaattaaaa atgaagtttt 5580

aaatcaatct aaagtatata tgagtaaact tggtctgaca gttaccaatg cttaatcagt 5640

gaggcaccta tctcagcgat ctgtctattt cgttcatcca tagttgcctg actccccgtc 5700

gttgctaggt tactgtcatg agcggataca tatttgaatg tatttagaaa aataaacaaa 5760

agagtttgta gaaacgcaaa aaggccatcc gtcaggatgg ccttctgctt aatttgatcg 5820

gtggcagttt atggcgggcg tcctgcccgc caccctccgg gccgttgctt cgcaacgttc 5880

aaatccgctc ccggcggatt tgtcctactc aggagagcgt tcaccgacaa acaacagata 5940

aaacgaaagg cccagtcttt cgactgagcc tttcgtttta tttgatgcct ggcagttccc 6000

tactctcgca tgggttgcgg ccgcccgggc cgtcgaccaa ttctcatgtt tgacagctta 6060

tcatcgaatt tctgccattc atccgcttat tatcacttat tcaggcgtag caaccaggcg 6120

tttaagggca ccaataactg ccttaaaaaa attacgcccc gccctgccac tcatcgcagt 6180

actgttgtaa ttcattaagc attctgccga catggaagcc atcacaaacg gcatgatgaa 6240

cctgaatcgc cagcggcatc agcaccttgt cgccttgcgt ataatatttg cccatggtga 6300

aaacgggggc gaagaagttg tccatattgg ccacgtttaa atcaaaactg gtgaaactca 6360

cccagggatt ggctgagacg aaaaacatat tctcaataaa ccctttaggg aaataggcca 6420

ggttttcacc gtaacacgcc acatcttgcg aatatatgtg tagaaactgc cggaaatcgt 6480

cgtggtattc actccagagc gatgaaaacg tttcagtttg ctcatggaaa acggtgtaac 6540

aagggtgaac actatcccat atcaccagct caccgtcttt cattgccata cgaaattccg 6600

gatgagcatt catcaggcgg gcaagaatgt gaataaaggc cggataaaac ttgtgcttat 6660

ttttctttac ggtctttaaa aaggccgtaa tatccagctg aacggtctgg ttataggtac 6720

attgagcaac tgactgaaat gcctcaaaat gttctttacg atgccattgg gatatatcaa 6780

cggtggtata tccagtgatt tttttctcca ttttagcttc cttagctcct gaaaatctcg 6840

ataactcaaa aaatacgccc ggtagtgatc ttatttcatt atggtgaaag ttggaacctc 6900

ttacgtgccg atcaacgtct cattttcgcc aaaagtgaca ttaacctata aaaataggcg 6960

tatcacgagg ccagcttggg aaaccataag accgagatag agttgagtgt tgttccagtt 7020

tggaacaaga gtccactatt aaagaacgtg gactccaacg tcaaagggcg aaaaaccgtc 7080

tatcagggcg atggcccact acgtgaacca tcacccaaat caagtttttt ggggtcgagg 7140

tgccgtaaag cactaaatcg gaaccctaaa gggagccccc gatttagagc ttgacgggga 7200

aagccggcga acgtggcgag aaaggaaggg aagaaagcga aaggagcggg cgctaaggcg 7260

ctggcaagtg tagcggtcac gctgcgcgta accaccacac ccgccgcgct taatgcgccg 7320

ctacagggcg cgtactatgg ttgctttgac gtatgcggtg tgaaataccg cacagatgcg 7380

taaggagaaa ataccgcatc aggcgccatt cgccattcag gctgcgcaac tgttgggaag 7440

ggcgatcggt gcgggcctct tcgctattac gccagctggc gaaaggggga tgtgctgcaa 7500

ggcgattaag ttgggtaacg ccagggtttt cccagtcacg acgttgtaaa acgacggcca 7560

gtgaattgat cgagatcgtg atccggatca agatccagat cgaattggag gctacagtca 7620

gtggagagga ctttcactga ctgactgact gcgtctcaac ctcctagggg acattgatta 7680

ttgactagtt attaatagta atcaattacg gggtcattag ttcatagccc atatatggag 7740

ttccgcgtta cataacttac ggtaaatggc ccgcctggct gaccgcccaa cgacccccgc 7800

ccattgacgt caataatgac gtatgttccc atagtaacgc caatagggac tttccattga 7860

cgtcaatggg tggagtattt acggtaaact gcccacttgg cagtacatca agtgtatcat 7920

atgccaagta cgcccccctat tgacgtcaat gacggtaaat ggcccgcctg gcattatgcc 7980

cagtacatga ccttatggga ctttcctact tggcagtaca tctacgtatt agtcatcgct 8040

attaccatgg tgatgcggtt ttggcagtac atcaatgggc gtggatagcg gtttgactca 8100

cggggatttc caagtctcca ccccattgac gtcaatggga gtttgttttg gcaccaaaat 8160
caacgggact ttccaaaatg tcgtaacaac tccgccccat tgacgcaaat gggcggtagg 8220
cgtgtacggt gggaggtcta tataagcaga gctcgtttag tgaaccgggt ctctctggtt 8280
agaccagatc tgagcctggg agctctctgg ctaactaggg aacccactgc ttaagcctca 8340
ataaagcttg ccttgagtgc tcaaagtagt gtgtgcccgt ctgttgtgtg actctggtaa 8400
ctagagatcc ctcagaccct tttagtcagt gtggaaaatc tctagcagtg gcgcccgaac 8460
agggacttga aagcgaaagt aaagccagag gagatctctc gacgcaggac tcggcttgct 8520

gaagcgcgca cggcaagagg cgaggggcgg cgactggtga gtacgccaaa aattttgact 8580
agcggaggct agaaggagag agtagggtgc gagagcgtcg gtattaagcg ggggagaatt 8640
agataaatgg gaaaaaattc ggttaaggcc agggggaaag aaacaatata aactaaaaca 8700
tatagttagg gcaagcaggg agctagaacg attcgcagtt aatcctggcc ttttagagac 8760
atcagaaggc tgtagacaaa tactgggaca gctacaacca tcccttcaga caggatcaga 8820
agaacttaga tcattatata atacaatagc agtcctctat tgtgtgcatc aaaggataga 8880
tgtaaaagac accaaggaag ccttagataa gatagaggaa gagcaaaaca aaagtaagaa 8940

aaaggcacag caagcgatct tcagacctgg aggaggcagg aggcgatatg agggacaatt 9000
ggagaagtga attatataaa tataaagtag taaaaattga accattagga gtagcaccca 9060
ccaaggcaaa gagaagagtg gtgcagagag aaaaaagagc agtgggaata ggagctttgt 9120
tccttgggtt cttgggagca gcaggaagca ctatgggcgc agcgtcaatg acgctgacgg 9180
tacaggccag acaattattg tctgatatag tgcagcagca gaacaatttg ctgagggcta 9240
ttgaggcgca acagcatctg ttgcaactca cagtctgggg catcaaacag ctccaggcaa 9300
gaatcctggc tgtggaaaga tacctaaagg atcaacagct cctggggatt tggggttgct 9360

ctggaaaact catttgcacc actgctgtgc cttggaatgc tagttggagt aataaatctc 9420
tggaacagat ttggaataac atgacctgga tggagtggga cagagaaatt aacaattaca 9480
caagcttaat acactcctta attgaagaat cgcaaaacca gcaagaaaag aatgaacaag 9540
aattattgga attagataaa tgggcaagtt tgtggaattg gtttaacata acaaattggc 9600
tgtggtatat aaaattattc ataatgatag taggaggctt ggtaggttta agaatagttt 9660
ttgctgtact ttctatagtg aatagagtta ggcagggata ttcaccatta tcgtttcaga 9720
cccacctccc aatcccgagg ggaccacgcg tacaaatggc agtattcatc cacaatttta 9780

aaagaaaagg ggggattggg gggtacagtg caggggaaag aatagtagac ataatagcaa 9840

cagacataca aactaaagaa ttacaaaaac aaattacaaa aattcaaaat tttcgggttt 9900

attacaggga cagcagaaat ccactttgg 9929

<210> 164

<211> 9654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (8037)..(8037)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 164

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggcgtaatca 360

tggtcatagc tgtttcctgt gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga 420

gccggaagca taaagtgtaa agcctggggt gcctaatgag tgagctaact cacattaatt 480

gcgttgcgct cactgcccgc tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga 540

atcggccaac gcgcggggag aggcggtttg cgtattgggc gctcttccgc ttcctcgctc 600

actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg 660

gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc 720

cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc 780

ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga 840

ctataaagat accaggcgtt tcccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc 900

ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat 960

agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg 1020

cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc 1080

aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga 1140

gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggctacact 1200

agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt 1260

ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag 1320

cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg 1380

tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag attatcaaaa 1440

aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata 1500

tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 1560

atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgttgctag gttactgtca 1620

tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca aaagagtttg tagaaacgca 1680

aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat cggtggcagt ttatggcggg 1740

cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt tcaaatccgc tcccggcgga 1800

tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga taaaacgaaa ggcccagtct 1860

ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc cctactctcg catgggttgc 1920

ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct tatcatcgaa tttctgccat 1980

tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg cgtttaaggg caccaataac 2040

tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca gtactgttgt aattcattaa 2100

gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg aacctgaatc gccagcggca 2160

tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt gaaaacgggg gcgaagaagt 2220

tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact cacccaggga ttggctgaga 2280

cgaaaaacat attctcaata aacccttag ggaaataggc caggttttca ccgtaacacg 2340

ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc gtcgtggtat tcactccaga 2400

gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta acaagggtga acactatccc 2460

atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc cggatgagca ttcatcaggc 2520

gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt atttttcttt acggtcttta 2580

aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt acattgagca actgactgaa 2640

atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc aacggtggta tatccagtga 2700

ttttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct cgataactca aaaaatacgc 2760

ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc tcttacgtgc cgatcaacgt 2820

ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg cgtatcacga ggccagcttg 2880

ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag tttggaacaa gagtccacta 2940

ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg tctatcaggg cgatggccca 3000

ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga ggtgccgtaa agcactaaat 3060
cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg gaaagccggc gaacgtggcg 3120
agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg cgctggcaag tgtagcggtc 3180
acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc cgctacaggg cgcgtactat 3240
ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg cgtaaggaga aaataccgca 3300
tcaggcgcca ttcgccattc aggctgcgca actgttggga agggcgatcg gtgcgggcct 3360
cttcgctatt acgccagctg gcgaaagggg gatgtgctgc aaggcgatta agttgggtaa 3420

cgccagggtt ttcccagtca cgacgttgta aaacgacggc cagtgaattg atcgagatcg 3480
tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt cagtggagag gactttcact 3540
gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat tattgactag ttattaatag 3600
taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg agttccgcgt tacataactt 3660
acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgaccccc gcccattgac gtcaataatg 3720
acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt gacgtcaatg ggtggagtat 3780
ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc atatgccaag tacgcccccc 3840

attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg cccagtacat gaccttatgg 3900
gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg ctattaccat ggtgatgcgg 3960
ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact cacggggatt tccaagtctc 4020
caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa atcaacggga ctttccaaaa 4080
tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta ggcgtgtacg gtgggaggtc 4140
tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg ttagaccaga tctgagcctg 4200
ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct caataaagct tgccttgagt 4260

gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt aactagagat ccctcagacc 4320
cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga acagggactt gaaagcgaaa 4380
gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg ctgaagcgcg cacggcaaga 4440
ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga ctagcggagg ctagaaggag 4500
agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa ttagataaat gggaaaaaat 4560
tcggttaagg ccaggggggaa agaaacaata taaactaaaa catatagtta gggcaagcag 4620
ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag acatcagaag gctgtagaca 4680

aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca gaagaactta gatcattata 4740

taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata gatgtaaaag acaccaagga 4800

agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag aaaaaggcac agcaagcgat 4860

cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa ttggagaagt gaattatata 4920

aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc caccaaggca aagagaagag 4980

tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt gttccttggg ttcttgggag 5040

cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac ggtacaggcc agacaattat 5100

tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc tattgaggcg caacagcatc 5160

tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc aagaatcctg gctgtggaaa 5220

gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg ctctggaaaa ctcatttgca 5280

ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc tctggaacag atttggaata 5340

acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta cacaagctta atacactcct 5400

taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca agaattattg gaattagata 5460

aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg gctgtggtat ataaaattat 5520

tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt ttttgctgta ctttctatag 5580

tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca gacccacctc ccaatcccga 5640

ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt taaaagaaaa ggggggattg 5700

gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc aacagacata caaactaaag 5760

aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt ttattacagg gacagcagaa 5820

atccactttg gaaagctgag catccggctc cggtgcccgt cagtgggcag agcgcacatc 5880

gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat tgaaccggtg cctagagaag 5940

gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg ctccgccttt ttcccgaggg 6000

tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac gttctttttc gcaacgggtt 6060

tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc gggcctggcc tctttacggg 6120

ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacgcccctg gctgcagtac gtgattcttg 6180

atcccgagct tcgggttgga agtgggtggg agagttcgag gccttgcgct taaggagccc 6240

cttcgcctcg tgcttgagtt gaggcctggc ctgggcgctg gggccgccgc gtgcgaatct 6300

ggtggcacct tcgcgcctgt ctcgctgctt tcgataagtc tctagccatt taaaattttt 6360

gatgacctgc tgcgacgctt tttttctggc aagatagtct tgtaaatgcg ggccaagatc 6420

tgcacactgg tatttcggtt tttggggccg cgggcggcga cggggcccgt gcgtcccagc 6480

gcacatgttc ggcgaggcgg ggcctgcgag cgcggccacc gagaatcgga cgggggtagt 6540

ctcaagctgg ccggcctgct ctggtgcctg gcctcgcgcc gccgtgtatc gccccgccct 6600

gggcggcaag gctggcccgg tcggcaccag ttgcgtgagc ggaaagatgg ccgcttcccg 6660

gccctgctgc agggagctca aaatggagga cgcggcgctc gggagagcgg gcgggtgagt 6720

cacccacaca aaggaaaagg gcctttccgt cctcagccgt cgcttcatgt gactccacgg 6780

agtaccgggc gccgtccagg cacctcgatt agttctcgag cttttggagt acgtcgtctt 6840

taggttgggg ggaggggttt tatgcgatgg agtttcccca cactgagtgg gtggagactg 6900

aagttaggcc agcttggcac ttgatgtaat tctccttgga atttgccctt tttgagtttg 6960

gatcttggtt cattctcaag cctcagacag tggttcaaag ttttttttctt ccatttcagg 7020

tgtcgtgaaa actacccctc tagagccgcc accatgcttc tcctggtgac aagccttctg 7080

ctctgtgagt taccacaccc agcattcctc ctgatcccag acatccagat gacacagact 7140

acatcctccc tgtctgcctc tctgggagac agagtcacca tcagttgcag ggcaagtcag 7200

gacattagta aatatttaaa ttggtatcag cagaaaccag atggaactgt taaactcctg 7260

atctaccata catcaagatt acactcagga gtcccatcaa ggttcagtgg cagtgggtct 7320

ggaacagatt attctctcac cattagcaac ctggagcaag aagatattgc cacttacttt 7380

tgccaacagg gtaatacgct tccgtacacg ttcggagggg ggactaagtt ggaaataaca 7440

ggaggtggag gttctggtgg aggaggttca ggaggtggtg gaagtgaggt gaaactgcag 7500

gagtcaggac ctggcctggt ggcgccctca cagagcctgt ccgtcacatg cactgtctca 7560

ggggtctcat tacccgacta tggtgtaagc tggattcgcc agcctccacg aaagggtctg 7620

gagtggctgg gagtaatatg gggtagtgaa accacatact ataattcagc tctcaaatcc 7680

agactgacca tcatcaagga caactccaag agccaagttt tcttaaaaat gaacagtctg 7740

caaactgatg acacagccat ttactactgt gccaaacatt attactacgg tggtagctat 7800

gctatggact actggggtca aggaacctca gtcaccgtct cctcaggaat tcagaaccct 7860

gagcctgccg tgtaccagct gaaggaccct agaagccagg acagcaccct gtgcctgttc 7920

accgacttcg acagccagat caacgtgccc aagaccatgg aaagcggcac cttcatcacc 7980

gataagactg tgctggacat gaaggccatg gacagcaaga gcaacggcgc cattgcntgg 8040

tccaatcaga ccagctttac ctgccaagac atcttcaaag agacaaacgc cacctacccc 8100

agttcagacg ttccctgtga tgccacgttg actgagaaaa gctttgaaac agatatgaac 8160

ctaaactttc aaaacctgtc agttatggga ctccgaatcc tcctgctgaa agtagccgga 8220

tttaacctgc tcatgacgct gaggctgtgg tccagtggca gcggcgaggg cagaggaagt 8280

ctgctaacat gcggtgacgt cgaggagaat cctggacctg atctgagaaa tgtgactcca 8340

cccaaggtct ccttgtttga gccatcaaaa gcagagattg caaacaaaca aaaggctacc 8400

ctcgtgtgct tggccagggg cttcttccct gaccacgtgg agctgagctg gtgggtgaat 8460

ggcaaggagg tccacagtgg ggtcagcacg gaccctcagg cctacaagga gagcaattat 8520
agctactgcc tgagcagccg cctgagggtc tctgctacct tctggcacaa tcctcgcaac 8580
cacttccgct gccaagtgca gttccatggg ctttcagagg aggacaagtg gccagagggc 8640
tcacccaaac ctgtcacaca gaacatcagt gcagaggcct ggggtcgagc agactgtggt 8700
attacctcag catcctatca acaaggagtc ttgtctgcca ccatcctcta tgagatcctg 8760
ctagggaaag ccaccctgta tgctgtgctt gtcagtacac tggtggtgat ggctatggtc 8820
aaaagaaaga attcatgaga tatcgagcat cttaccgcca tttataccca tatttgttct 8880

gtttttcttg atttgggtat acatttaaat gttaataaaa caaaatggtg gggcaatcat 8940
ttacattttt agggatatgt aattactagt tcaggtgtat tgccacaaga caaacatgtt 9000
aagaaacttt cccgttattt acgctctgtt cctgttaatc aacctctgga ttacaaaatt 9060
tgtgaaagat tgactgatat tcttaactat gttgctcctt ttacgctgtg tggatatgct 9120
gctttatagc ctctgtatct agctattgct tcccgtacgg ctttcgtttt ctcctccttg 9180
tataaatcct ggttgctgtc tcttttagag gagttgtggc ccgttgtccg tcaacgtggc 9240
gtggtgtgct ctgtgtttgc tgacgcaacc cccactggct ggggcattgc caccacctgt 9300

caactccttt ctgggacttt cgctttcccc ctcccgatcg ccacggcaga actcatcgcc 9360
gcctgccttg cccgctgctg gacaggggct aggttgctgg gcactgataa ttccgtggtg 9420
ttgtcagtac tggtaccttt aagaccaatg acttacaagg cagctgtaga tcttagccac 9480
tttttaaaag aaaaggggag actggaaggg ctaattcact cccaaagaag acaagatctg 9540
ctttttgcct gtactgggtc tctctggtta gaccagatct gagcctggga gctctctggc 9600
taactaggga acccactgct taagcctcaa taaagcttgc cttgagtgct tcaa 9654

<210> 165
<211> 9736
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 165

gacattgatt attgactagt tattaatagt aatcaattac ggggtcatta gttcatagcc 60
catatatgga gttccgcgtt acataactta cggtaaatgg cccgcctggc tgaccgccca 120
acgacccccg cccattgacg tcaataatga cgtatgttcc catagtaacg ccaataggga 180

ctttccattg acgtcaatgg gtggagtatt tacggtaaac tgcccacttg gcagtacatc 240

aagtgtatca tatgccaagt acgcccccta ttgacgtcaa tgacggtaaa tggcccgcct 300

ggcattatgc ccagtacatg accttatggg actttcctac ttggcagtac atctacgtat 360

tagtcatcgc tattaccatg gtgatgcggt tttggcagta catcaatggg cgtggatagc 420

ggtttgactc acggggattt ccaagtctcc accccattga cgtcaatggg agtttgtttt 480

ggcaccaaaa tcaacgggac tttccaaaat gtcgtaacaa ctccgcccca ttgacgcaaa 540

tgggcggtag gcgtgtacgg tgggaggtct atataagcag agctcgttta gtgaaccggg 600

tctctctggt tagaccagat ctgagcctgg gagctctctg gctaactagg gaacccactg 660

cttaagcctc aataaagctt gccttgagtg ctcaaagtag tgtgtgcccg tctgttgtgt 720

gactctggta actagagatc cctcagaccc ttttagtcag tgtggaaaat ctctagcagt 780

ggcgcccgaa cagggacttg aaagcgaaag taaagccaga ggagatctct cgacgcagga 840

ctcggcttgc tgaagcgcgc acggcaagag gcgaggggcg gcgactggtg agtacgccaa 900

aaattttgac tagcggaggc tagaaggaga gagtagggtg cgagagcgtc ggtattaagc 960

gggggagaat tagataaatg ggaaaaaatt cggttaaggc caggggaaa gaaacaatat 1020

aaactaaaac atatagttag ggcaagcagg gagctagaac gattcgcagt taatcctggc 1080

cttttagaga catcagaagg ctgtagacaa atactgggac agctacaacc atcccttcag 1140

acaggatcag aagaacttag atcattatat aatacaatag cagtcctcta ttgtgtgcat 1200

caaaggatag atgtaaaaga caccaaggaa gccttagata agatagagga agagcaaaac 1260

aaaagtaaga aaaaggcaca gcaagcgatc ttcagacctg gaggaggcag gaggcgatat 1320

gagggacaat tggagaagtg aattatataa atataaagta gtaaaaattg aaccattagg 1380

agtagcaccc accaaggcaa agagaagagt ggtgcagaga gaaaaaagag cagtgggaat 1440

aggagctttg ttccttgggt tcttgggagc agcaggaagc actatgggcg cagcgtcaat 1500

gacgctgacg gtacaggcca gacaattatt gtctgatata gtgcagcagc agaacaattt 1560

gctgagggct attgaggcgc aacagcatct gttgcaactc acagtctggg gcatcaaaca 1620

gctccaggca agaatcctgg ctgtggaaag atacctaaag gatcaacagc tcctggggat 1680

ttggggttgc tctggaaaac tcatttgcac cactgctgtg ccttggaatg ctagttggag 1740

taataaatct ctggaacaga tttggaataa catgacctgg atggagtggg acagagaaat 1800

taacaattac acaagcttaa tacactcctt aattgaagaa tcgcaaaacc agcaagaaaa 1860

gaatgaacaa gaattattgg aattagataa atgggcaagt ttgtggaatt ggtttaacat 1920

aacaaattgg ctgtggtata taaaattatt cataatgata gtaggaggct tggtaggttt 1980

aagaatagtt tttgctgtac tttctatagt gaatagagtt aggcagggat attcaccatt 2040

atcgtttcag acccacctcc caatcccgag gggaccacgc gtacaaatgg cagtattcat 2100
ccacaatttt aaaagaaaag gggggattgg ggggtacagt gcaggggaaa gaatagtaga 2160
cataatagca acagacatac aaactaaaga attacaaaaa caaattacaa aaattcaaaa 2220
ttttcgggtt tattacaggg acagcagaaa tccactttgg aaagctgagc atccggctcc 2280
ggtgcccgtc agtgggcaga gcgcacatcg cccacagtcc ccgagaagtt gggggggaggg 2340
gtcggcaatt gaaccggtgc ctagagaagg tggcgcgggg taaactggga aagtgatgtc 2400
gtgtactggc tccgcctttt tcccgagggt gggggagaac cgtatataag tgcagtagtc 2460

gccgtgaacg ttctttttcg caacgggttt gccgccagaa cacaggtaag tgccgtgtgt 2520
ggttcccgcg ggcctggcct ctttacgggt tatggccctt gcgtgccttg aattacttcc 2580
acgcccctgg ctgcagtacg tgattcttga tcccgagctt cgggttggaa gtgggtggga 2640
gagttcgagg ccttgcgctt aaggagcccc ttcgcctcgt gcttgagttg aggcctggcc 2700
tgggcgctgg ggccgccgcg tgcgaatctg gtggcacctt cgcgcctgtc tcgctgcttt 2760
cgataagtct ctagccattt aaaatttttg atgacctgct gcgacgcttt ttttctggca 2820
agatagtctt gtaaatgcgg gccaagatct gcacactggt atttcggttt ttggggccgc 2880

gggcggcgac ggggcccgtg cgtcccagcg cacatgttcg gcgaggcggg gcctgcgagc 2940
gcggccaccg agaatcggac gggggtagtc tcaagctggc cggcctgctc tggtgcctgg 3000
cctcgcgccg ccgtgtatcg ccccgccctg ggcggcaagg ctggcccggt cggcaccagt 3060
tgcgtgagcg gaaagatggc cgcttcccgg ccctgctgca gggagctcaa aatggaggac 3120
gcggcgctcg ggagagcggg cgggtgagtc acccacacaa aggaaaaggg cctttccgtc 3180
ctcagccgtc gcttcatgtg actccacgga gtaccgggcg ccgtccaggc acctcgatta 3240
gttctcgagc ttttggagta cgtcgtcttt aggttggggg gaggggtttt atgcgatgga 3300

gtttccccac actgagtggg tggagactga agttaggcca gcttggcact tgatgtaatt 3360
ctccttggaa tttgcccttt ttgagtttgg atcttggttc attctcaagc ctcagacagt 3420
ggttcaaagt ttttttcttc catttcaggt gtcgtgaaaa ctacccctct agagccgcca 3480
ccatgcttct cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt accacaccca gcattcctcc 3540
tgatcccaga catccagatg acacagacta catcctccct gtctgcctct ctgggagaca 3600
gagtcaccat cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa atatttaaat tggtatcagc 3660
agaaaccaga tggaactgtt aaactcctga tctaccatac atcaagatta cactcaggag 3720

tcccatcaag gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta ttctctcacc attagcaacc 3780

tggagcaaga agatattgcc acttactttt gccaacaggg taatacgctt ccgtacacgt 3840

tcggaggggg gactaagttg gaaataacag gaggtggagg ttctggtgga ggaggttcag 3900

gaggtggtgg aagtgaggtg aaactgcagg agtcaggacc tggcctggtg gcgccctcac 3960

agagcctgtc cgtcacatgc actgtctcag gggtctcatt acccgactat ggtgtaagct 4020

ggattcgcca gcctccacga aagggtctgg agtggctggg agtaatatgg ggtagtgaaa 4080

ccacatacta taattcagct ctcaaatcca gactgaccat catcaaggac aactccaaga 4140

gccaagtttt cttaaaaatg aacagtctgc aaactgatga cacagccatt tactactgtg 4200

ccaaacatta ttactacggt ggtagctatg ctatggacta ctggggtcaa ggaacctcag 4260

tcaccgtctc ctcaggaatt cagaaccctg agcctgccgt gtaccagctg aaggacccta 4320

gaagccagga cagcaccctg tgcctgttca ccgacttcga cagccagatc aacgtgccca 4380

agaccatgga aagcggcacc ttcatcaccg ataagactgt gctggacatg aaggccatgg 4440

acagcaagag caacggcgcc attgcttggt ccaatcagac cagctttacc tgccaagaca 4500

tcttcaaaga gacaaacgcc acctacccca gttcagacgt tccctgtgat gccacgttga 4560

ctgagaaaag ctttgaaaca gatatgaacc taaactttca aaacctgtca gttatgggac 4620

tccgaatcct cctgctgaaa gtagccggat ttaacctgct catgacgctg aggctgtggt 4680

ccagtggcag cggcgagggc agaggaagtc tgctaacatg cggtgacgtc gaggagaatc 4740

ctggacctga tctgagaaat gtgactccac ccaaggtctc cttgtttgag ccatcaaaag 4800

cagagattgc aaacaaacaa aaggctaccc tcgtgtgctt ggccaggggc ttcttccctg 4860

accacgtgga gctgagctgg tgggtgaatg gcaaggaggt ccacagtggg gtcagcacgg 4920

accctcaggc ctacaaggag agcaattata gctactgcct gagcagccgc ctgagggtct 4980

ctgctacctt ctggcacaat cctcgcaacc acttccgctg ccaagtgcag ttccatgggc 5040

tttcagagga ggacaagtgg ccagagggct cacccaaacc tgtcacacag aacatcagtg 5100

cagaggcctg gggtcgagca gactgtggta ttacctcagc atcctatcaa caaggagtct 5160

tgtctgccac catcctctat gagatcctgc tagggaaagc caccctgtat gctgtgcttg 5220

tcagtacact ggtggtgatg gctatggtca aaagaaagaa ttcatgagat atcgagcatc 5280

ttaccgccat ttatacccat atttgttctg tttttcttga tttgggtata catttaaatg 5340

ttaataaaac aaaatggtgg ggcaatcatt tacattttta gggatatgta attactagtt 5400

caggtgtatt gccacaagac aaacatgtta agaaactttc ccgttattta cgctctgttc 5460

ctgttaatca acctctggat tacaaaattt gtgaaagatt gactgatatt cttaactatg 5520

ttgctccttt tacgctgtgt ggatatgctg ctttatagcc tctgtatcta gctattgctt 5580

cccgtacggc tttcgttttc tcctccttgt ataaatcctg gttgctgtct cttttagagg 5640

agttgtggcc cgttgtccgt caacgtggcg tggtgtgctc tgtgtttgct gacgcaaccc 5700

ccactggctg gggcattgcc accacctgtc aactcctttc tgggactttc gctttccccc 5760

tcccgatcgc cacggcagaa ctcatcgccg cctgccttgc ccgctgctgg acaggggcta 5820

ggttgctggg cactgataat tccgtggtgt tgtcagtact ggtaccttta agaccaatga 5880

cttacaaggc agctgtagat cttagccact ttttaaaaga aaaggggga ctggaagggc 5940

taattcactc ccaaagaaga caagatctgc tttttgcctg tactgggtct ctctggttag 6000

accagatctg agcctgggag ctctctggct aactagggaa cccactgctt aagcctcaat 6060

aaagcttgcc ttgagtgctt caagtagtgt gtgcccgtct gttgtgtgac tctggtaact 6120

agagatccct cagacccttt tagtcagtgt ggaaaatctc tagcatgatc ataatcaagc 6180

catatcacat ctgtagaggt ttacttgctt taaaaaacct ccacacctcc ccctgaacct 6240

gaaacataaa atgaatgcaa ttgttgttgt taacttgttt attgcagctt ataatggtta 6300

caaataaagc aatagcatca caaatttcac aaataaagca ttttttttcac tgcattctag 6360

ttgtggtttg tccaaactca tcaatgtatc ttatcatgtc tggatctgcg tcgacacgaa 6420

gagacgactg actgactgac tggaaagagg aagggctgga agaggaagga gcttgatcca 6480

gatcccgatc tcgatccaga tccggatcgc agcttggcgt aatcatggtc atagctgttt 6540

cctgtgtgaa attgttatcc gctcacaatt ccacacaaca tacgagccgg aagcataaag 6600

tgtaaagcct ggggtgccta atgagtgagc taactcacat taattgcgtt gcgctcactg 6660

cccgctttcc agtcgggaaa cctgtcgtgc cagctgcatt aatgaatcgg ccaacgcgcg 6720

gggagaggcg gtttgcgtat tgggcgctct tccgcttcct cgctcactga ctcgctgcgc 6780

tcggtcgttc ggctgcggcg agcggtatca gctcactcaa aggcggtaat acggttatcc 6840

acagaatcag gggataacgc aggaaagaac atgtgagcaa aaggccagca aaaggccagg 6900

aaccgtaaaa aggccgcgtt gctggcgttt ttccataggc tccgcccccc tgacgagcat 6960

cacaaaaatc gacgctcaag tcagaggtgg cgaaacccga caggactata aagataccag 7020

gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc cgaccctgcc gcttaccgga 7080

tacctgtccg cctttctccc ttcgggaagc gtggcgcttt ctcatagctc acgctgtagg 7140

tatctcagtt cggtgtaggt cgttcgctcc aagctgggct gtgtgcacga acccccgtt 7200

cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaaccc ggtaagacac 7260

gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta gcagagcgag gtatgtaggc 7320

ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct acactagaag aacagtattt 7380

ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag ctcttgatcc 7440

ggcaaacaaa ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt gcaagcagca gattacgcgc 7500

agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga cgctcagtgg 7560
aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgagattat caaaaaggat cttcacctag 7620
atccttttaa attaaaaatg aagttttaaa tcaatctaaa gtatatatga gtaaacttgg 7680
tctgacagtt accaatgctt aatcagtgag gcacctatct cagcgatctg tctatttcgt 7740
tcatccatag ttgcctgact ccccgtcgtt gctaggttac tgtcatgagc ggatacatat 7800
ttgaatgtat ttagaaaaat aaacaaaaga gtttgtagaa acgcaaaaag gccatccgtc 7860
aggatggcct tctgcttaat ttgatcggtg gcagtttatg gcgggcgtcc tgcccgccac 7920

cctccgggcc gttgcttcgc aacgttcaaa tccgctcccg gcggatttgt cctactcagg 7980
agagcgttca ccgacaaaca acagataaaa cgaaaggccc agtctttcga ctgagccttt 8040
cgttttattt gatgcctggc agttccctac tctcgcatgg gttgcggccg cccgggccgt 8100
cgaccaattc tcatgtttga cagcttatca tcgaatttct gccattcatc cgcttattat 8160
cacttattca ggcgtagcaa ccaggcgttt aagggcacca ataactgcct taaaaaaatt 8220
acgccccgcc ctgccactca tcgcagtact gttgtaattc attaagcatt ctgccgacat 8280
ggaagccatc acaaacggca tgatgaacct gaatcgccag cggcatcagc accttgtcgc 8340

cttgcgtata atatttgccc atggtgaaaa cgggggcgaa gaagttgtcc atattggcca 8400
cgtttaaatc aaaactggtg aaactcaccc agggattggc tgagacgaaa aacatattct 8460
caataaaccc tttagggaaa taggccaggt tttcaccgta acacgccaca tcttgcgaat 8520
atatgtgtag aaactgccgg aaatcgtcgt ggtattcact ccagagcgat gaaaacgttt 8580
cagtttgctc atggaaaacg gtgtaacaag ggtgaacact atcccatatc accagctcac 8640
cgtctttcat tgccatacga aattccggat gagcattcat caggcgggca agaatgtgaa 8700
taaaggccgg ataaaacttg tgcttatttt tctttacggt ctttaaaaag gccgtaatat 8760

ccagctgaac ggtctggtta taggtacatt gagcaactga ctgaaatgcc tcaaaatgtt 8820
ctttacgatg ccattgggat atatcaacgg tggtatatcc agtgattttt ttctccattt 8880
tagcttcctt agctcctgaa aatctcgata actcaaaaaa tacgcccggt agtgatctta 8940
tttcattatg gtgaaagttg gaacctctta cgtgccgatc aacgtctcat tttcgccaaa 9000
agtgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc 9060
gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac 9120
tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca 9180

cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg 9240

agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag 9300

aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc 9360

accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta 9420

tgcggtgtga aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc 9480

cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc 9540

agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc 9600

agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga 9660

tccagatcga attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg 9720

tctcaacctc ctaggg 9736

<210> 166

<211> 9290

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (7522)..(7522)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 166

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggtcttccgc 360

ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca 420

ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg 480

agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca 540

taggctccgc ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa 600

cccgacagga ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc 660

tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc 720

gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct 780

gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg 840

tcttgagtcc aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag 900

gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta 960

cggctacact agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg 1020

aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt 1080

tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt 1140

ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag 1200

gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg 1260

tcgttgctag gttactgtca tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 1320

aaagagtttg tagaaacgca aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat 1380

cggtggcagt ttatggcggg cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt 1440

tcaaatccgc tcccggcgga tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga 1500

taaaacgaaa ggcccagtct ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc 1560

cctactctcg catgggttgc ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct 1620

tatcatcgaa tttctgccat tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg 1680

cgtttaaggg caccaataac tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca 1740

gtactgttgt aattcattaa gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg 1800

aacctgaatc gccagcggca tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt 1860

gaaaacgggg gcgaagaagt tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact 1920

cacccaggga ttggctgaga cgaaaaacat attctcaata aacccttag ggaaataggc 1980

caggttttca ccgtaacacg ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc 2040

gtcgtggtat tcactccaga gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta 2100

acaagggtga acactatccc atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc 2160

cggatgagca ttcatcaggc gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt 2220

atttttcttt acggtcttta aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt 2280

acattgagca actgactgaa atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc 2340

aacggtggta tatccagtga ttttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct 2400

cgataactca aaaaatacgc ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc 2460

tcttacgtgc cgatcaacgt ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg 2520

cgtatcacga ggccagcttg ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag 2580

tttggaacaa gagtccacta ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg 2640
tctatcaggg cgatggccca ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga 2700
ggtgccgtaa agcactaaat cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg 2760
gaaagccggc gaacgtggcg agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg 2820
cgctggcaag tgtagcggtc acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc 2880
cgctacaggg cgcgtactat ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg 2940
cgtaaggaga aaatacatcg tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt 3000

cagtggagag gactttcact gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat 3060
tattgactag ttattaatag taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg 3120
agttccgcgt tacataactt acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgacccccc 3180
gcccattgac gtcaataatg acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt 3240
gacgtcaatg ggtggagtat ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc 3300
atatgccaag tacgcccccc attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg 3360
cccagtacat gaccttatgg gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg 3420

ctattaccat ggtgatgcgg ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact 3480
cacggggatt tccaagtctc caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa 3540
atcaacggga ctttccaaaa tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta 3600
ggcgtgtacg gtgggaggtc tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg 3660
ttagaccaga tctgagcctg ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct 3720
caataaagct tgccttgagt gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt 3780
aactagagat ccctcagacc cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga 3840

acagggactt gaaagcgaaa gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg 3900
ctgaagcgcg cacggcaaga ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga 3960
ctagcggagg ctagaaggag agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa 4020
ttagataaat gggaaaaaat tcggttaagg ccaggggggaa agaaacaata taaactaaaa 4080
catatagtta gggcaagcag ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag 4140
acatcagaag gctgtagaca aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca 4200
gaagaactta gatcattata taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata 4260

gatgtaaaag acaccaagga agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag 4320

aaaaaggcac agcaagcgat cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa 4380

ttggagaagt gaattatata aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc 4440

caccaaggca aagagaagag tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt 4500

gttccttggg ttcttgggag cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac 4560

ggtacaggcc agacaattat tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc 4620

tattgaggcg caacagcatc tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc 4680

aagaatcctg gctgtggaaa gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg 4740

ctctggaaaa ctcatttgca ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc 4800

tctggaacag atttggaata acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta 4860

cacaagctta atacactcct taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca 4920

agaattattg gaattagata aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg 4980

gctgtggtat ataaaattat tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt 5040

ttttgctgta ctttctatag tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca 5100

gacccacctc ccaatcccga ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt 5160

taaaagaaaa ggggggattg gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc 5220

aacagacata caaactaaag aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt 5280

ttattacagg gacagcagaa atccactttg gaaagctgag catccggctc cggtgcccgt 5340

cagtgggcag agcgcacatc gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat 5400

tgaaccggtg cctagagaag gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg 5460

ctccgccttt ttcccgaggg tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac 5520

gttctttttc gcaacgggtt tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc 5580

gggcctggcc tctttacggg ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacgcccctg 5640

gctgcagtac gtgattcttg atcccgagct tcgggttgga agtgggtggg agagttcgag 5700

gccttgcgct taaggagccc cttcgcctcg tgcttgagtt gaggcctggc ctgggcgctg 5760

gggccgccgc gtgcgaatct ggtggcacct tcgcgcctgt ctcgctgctt tcgataagtc 5820

tctagccatt taaaattttt gatgacctgc tgcgacgctt tttttctggc aagatagtct 5880

tgtaaatgcg ggccaagatc tgcacactgg tatttcggtt tttggggccg cgggcggcga 5940

cggggcccgt gcgtcccagc gcacatgttc ggcgaggcgg ggcctgcgag cgcggccacc 6000

gagaatcgga cgggggtagt ctcaagctgg ccggcctgct ctggtgcctg gcctcgcgcc 6060

gccgtgtatc gccccgccct gggcggcaag gctggcccgg tcggcaccag ttgcgtgagc 6120

ggaaagatgg ccgcttcccg gccctgctgc agggagctca aaatggagga cgcggcgctc 6180

gggagagcgg gcgggtgagt cacccacaca aaggaaaagg gcctttccgt cctcagccgt 6240

cgcttcatgt gactccacgg agtaccgggc gccgtccagg cacctcgatt agttctcgag 6300

cttttggagt acgtcgtctt taggttgggg ggaggggttt tatgcgatgg agtttcccca 6360

cactgagtgg gtggagactg aagttaggcc agcttggcac ttgatgtaat tctccttgga 6420

atttgccctt tttgagtttg gatcttggtt cattctcaag cctcagacag tggttcaaag 6480

tttttttctt ccatttcagg tgtcgtgaaa actacccctc agagccgcca ccatgcttct 6540

cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt accacaccca gcattcctcc tgatcccaga 6600

catccagatg acacagacta catcctccct gtctgcctct ctgggagaca gagtcaccat 6660

cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa atatttaaat tggtatcagc agaaaccaga 6720

tggaactgtt aaactcctga tctaccatac atcaagatta cactcaggag tcccatcaag 6780

gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta ttctctcacc attagcaacc tggagcaaga 6840

agatattgcc acttactttt gccaacaggg taatacgctt ccgtacacgt tcggaggggg 6900

gactaagttg gaaataacag gctccacctc tggatccggc aagcccggat ctggcgaggg 6960

atccaccaag ggcgaggtga aactgcagga gtcaggacct ggcctggtgg cgccctcaca 7020

gagcctgtcc gtcacatgca ctgtctcagg ggtctcatta cccgactatg gtgtaagctg 7080

gattcgccag cctccacgaa agggtctgga gtggctggga gtaatatggg gtagtgaaac 7140

cacatactat aattcagctc tcaaatccag actgaccatc atcaaggaca actccaagag 7200

ccaagttttc ttaaaaatga acagtctgca aactgatgac acagccattt actactgtgc 7260

caaacattat tactacggtg gtagctatgc tatggactac tggggtcaag gaacctcagt 7320

caccgtctcc tcaattcaga accctgagcc tgccgtgtac cagctgaagg accctagaag 7380

ccaggacagc accctgtgcc tgttcaccga cttcgacagc cagatcaacg tgcccaagac 7440

catggaaagc ggcaccttca tcaccgataa gactgtgctg gacatgaagg ccatggacag 7500

caagagcaac ggcgccattg cntggtccaa tcagaccagc tttacctgcc aagacatctt 7560

caaagagaca aacgccacct accccagttc agacgttccc tgtgatgcca cgttgactga 7620

gaaaagcttt gaaacagata tgaacctaaa ctttcaaaac ctgtcagtta tgggactccg 7680

aatcctcctg ctgaaagtag ccggatttaa cctgctcatg acgctgaggc tgtggtccag 7740

tggcagcggc gctactaact tcagcctgct gaagcaggct ggagacgtgg aggagaaccc 7800

tggacctatg ctactacttg tgacctcact attgttatgc gaactccctc atcccgcatt 7860

cttgctgatt ccagatctga gaaatgtgac tccacccaag gtctccttgt ttgagccatc 7920

aaaagcagag attgcaaaca aacaaaaggc taccctcgtg tgcttggcca ggggcttctt 7980

ccctgaccac gtggagctga gctggtgggt gaatggcaag gaggtccaca gtggggtcag 8040

cacggaccct caggcctaca aggagagcaa ttatagctac tgcctgagca gccgcctgag 8100
ggtctctgct accttctggc acaatcctcg caaccacttc cgctgccaag tgcagttcca 8160
tgggctttca gaggaggaca agtggccaga gggctcaccc aaacctgtca cacagaacat 8220
cagtgcagag gcctggggtc gagcagactg tggtattacc tcagcatcct atcaacaagg 8280
agtcttgtct gccaccatcc tctatgagat cctgctaggg aaagccaccc tgtatgctgt 8340
gcttgtcagt acactggtgg tgatggctat ggtcaaaaga aagaattcat gagatatcga 8400
gcatcttacc gccatttata cccatatttg ttctgttttt cttgatttgg gtatacattt 8460

aaatgttaat aaaacaaaat ggtggggcaa tcatttacat ttttagggat atgtaattac 8520
tagttcaggt gtattgccac aagacaaaca tgttaagaaa ctttcccgtt atttacgctc 8580
tgttcctgtt aatcaacctc tggattacaa aatttgtgaa agattgactg atattcttaa 8640
ctatgttgct ccttttacgc tgtgtggata tgctgcttta tagcctctgt atctagctat 8700
tgcttcccgt acggctttcg ttttctcctc cttgtataaa tcctggttgc tgtctctttt 8760
agaggagttg tggcccgttg tccgtcaacg tggcgtggtg tgctctgtgt ttgctgacgc 8820
aacccccact ggctggggca ttgccaccac ctgtcaactc ctttctggga ctttcgcttt 8880

ccccctcccg atcgccacgg cagaactcat cgccgcctgc cttgcccgct gctggacagg 8940
ggctaggttg ctgggcactg ataattccgt ggtgttgtca gtactggtac ctttaagacc 9000
aatgacttac aaggcagctg tagatcttag ccacttttta aaagaaaagg ggggactgga 9060
agggctaatt cactcccaaa gaagacaaga tctgcttttt gcctgtactg ggtctctctg 9120
gttagaccag atctgagcct gggagctctc tggctaacta gggaacccac tgcttaagcc 9180
tcaataaagc ttgccttgag tgcttcaagt agtgtgtgcc cgtctgttgt gtgactctgg 9240
taactagaga tccctcagac cctttttagtc agtgtggaaa atctctagca 9290

<210> 167
<211> 9350
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<220><221> modified_base
<222> (7582)..(7582)
<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 167

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggtcttccgc 360

ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca 420

ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg 480

agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca 540

taggctccgc ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa 600

cccgacagga ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc 660

tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc 720

gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct 780

gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg 840

tcttgagtcc aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag 900

gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta 960

cggctacact agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg 1020

aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt 1080

tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt 1140

ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag 1200

gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg 1260

tcgttgctag gttactgtca tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 1320

aaagagtttg tagaaacgca aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat 1380

cggtggcagt ttatggcggg cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt 1440

tcaaatccgc tcccggcgga tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga 1500

taaaacgaaa ggcccagtct ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc 1560

cctactctcg catgggttgc ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct 1620

tatcatcgaa tttctgccat tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg 1680

cgtttaaggg caccaataac tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca 1740

gtactgttgt aattcattaa gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg 1800

aacctgaatc gccagcggca tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt 1860

gaaaacgggg gcgaagaagt tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact 1920

cacccaggga ttggctgaga cgaaaaacat attctcaata aacccttttag ggaaataggc 1980

caggttttca ccgtaacacg ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc 2040

gtcgtggtat tcactccaga gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta 2100

acaagggtga acactatccc atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc 2160

cggatgagca ttcatcaggc gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt 2220

atttttcttt acggtcttta aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt 2280

acattgagca actgactgaa atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc 2340

aacggtggta tatccagtga ttttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct 2400

cgataactca aaaaatacgc ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc 2460

tcttacgtgc cgatcaacgt ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg 2520

cgtatcacga ggccagcttg ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag 2580

tttggaacaa gagtccacta ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg 2640

tctatcaggg cgatggccca ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga 2700

ggtgccgtaa agcactaaat cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg 2760

gaaagccggc gaacgtggcg agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg 2820

cgctggcaag tgtagcggtc acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc 2880

cgctacaggg cgcgtactat ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg 2940

cgtaaggaga aaatacatcg tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt 3000

cagtggagag gactttcact gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat 3060

tattgactag ttattaatag taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg 3120

agttccgcgt tacataactt acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgaccccc 3180

gcccattgac gtcaataatg acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt 3240

gacgtcaatg ggtggagtat ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc 3300

atatgccaag tacgcccccct attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg 3360

cccagtacat gaccttatgg gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg 3420

ctattaccat ggtgatgcgg ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact 3480

cacggggatt tccaagtctc caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa 3540

atcaacggga ctttccaaaa tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta 3600

ggcgtgtacg gtgggaggtc tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg 3660
ttagaccaga tctgagcctg ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct 3720
caataaagct tgccttgagt gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt 3780
aactagagat ccctcagacc cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga 3840
acagggactt gaaagcgaaa gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg 3900
ctgaagcgcg cacggcaaga ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga 3960
ctagcggagg ctagaaggag agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa 4020

ttagataaat gggaaaaaat tcggttaagg ccaggggaa agaaacaata taaactaaaa 4080
catatagtta gggcaagcag ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag 4140
acatcagaag gctgtagaca aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca 4200
gaagaactta gatcattata taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata 4260
gatgtaaaag acaccaagga agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag 4320
aaaaaggcac agcaagcgat cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa 4380
ttggagaagt gaattatata aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc 4440

caccaaggca aagagaagag tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt 4500
gttccttggg ttcttgggag cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac 4560
ggtacaggcc agacaattat tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc 4620
tattgaggcg caacagcatc tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc 4680
aagaatcctg gctgtggaaa gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg 4740
ctctggaaaa ctcatttgca ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc 4800
tctggaacag atttggaata acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta 4860

cacaagctta atacactcct taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca 4920
agaattattg gaattagata aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg 4980
gctgtggtat ataaaattat tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt 5040
ttttgctgta ctttctatag tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca 5100
gacccacctc ccaatcccga ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt 5160
taaaagaaaa ggggggattg gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc 5220
aacagacata caaactaaag aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt 5280

ttattacagg gacagcagaa atccactttg gaaagctgag catccggctc cggtgcccgt 5340

cagtgggcag agcgcacatc gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat 5400

tgaaccggtg cctagagaag gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg 5460

ctccgccttt ttcccgaggg tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac 5520

gttctttttc gcaacgggtt tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc 5580

gggcctggcc tctttacggg ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacgcccctg 5640

gctgcagtac gtgattcttg atcccgagct tcgggttgga agtgggtggg agagttcgag 5700

gccttgcgct taaggagccc cttcgcctcg tgcttgagtt gaggcctggc ctgggcgctg 5760

gggccgccgc gtgcgaatct ggtggcacct tcgcgcctgt ctcgctgctt tcgataagtc 5820

tctagccatt taaaattttt gatgacctgc tgcgacgctt tttttctggc aagatagtct 5880

tgtaaatgcg ggccaagatc tgcacactgg tatttcggtt tttggggccg cgggcggcga 5940

cggggcccgt gcgtcccagc gcacatgttc ggcgaggcgg ggcctgcgag cgcggccacc 6000

gagaatcgga cgggggtagt ctcaagctgg ccggcctgct ctggtgcctg gcctcgcgcc 6060

gccgtgtatc gccccgccct gggcggcaag gctggcccgg tcggcaccag ttgcgtgagc 6120

ggaaagatgg ccgcttcccg gccctgctgc agggagctca aaatggagga cgcggcgctc 6180

gggagagcgg gcgggtgagt cacccacaca aaggaaaagg gcctttccgt cctcagccgt 6240

cgcttcatgt gactccacgg agtaccgggc gccgtccagg cacctcgatt agttctcgag 6300

cttttggagt acgtcgtctt taggttgggg ggaggggttt tatgcgatgg agtttcccca 6360

cactgagtgg gtggagactg aagttaggcc agcttggcac ttgatgtaat tctccttgga 6420

atttgccctt tttgagtttg gatcttggtt cattctcaag cctcagacag tggttcaaag 6480

ttttttttctt ccatttcagg tgtcgtgaaa actacccctc agagccgcca ccatgcttct 6540

cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt accacaccca gcattcctcc tgatcccaga 6600

catccagatg acacagacta catcctccct gtctgcctct ctgggagaca gagtcaccat 6660

cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa atatttaaat tggtatcagc agaaaccaga 6720

tggaactgtt aaactcctga tctaccatac atcaagatta cactcaggag tcccatcaag 6780

gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta ttctctcacc attagcaacc tggagcaaga 6840

agatattgcc acttactttt gccaacaggg taatacgctt ccgtacacgt tcggaggggg 6900

gactaagttg gaaataacag gctccacctc tggatccggc aagcccggat ctggcgaggg 6960

atccaccaag ggcgaggtga aactgcagga gtcaggacct ggcctggtgg cgccctcaca 7020

gagcctgtcc gtcacatgca ctgtctcagg ggtctcatta cccgactatg gtgtaagctg 7080

gattcgccag cctccacgaa agggtctgga gtggctggga gtaatatggg gtagtgaaac 7140

cacatactat aattcagctc tcaaatccag actgaccatc atcaaggaca actccaagag 7200

ccaagttttc ttaaaaatga acagtctgca aactgatgac acagccattt actactgtgc 7260

caaacattat tactacggtg gtagctatgc tatggactac tggggtcaag gaacctcagt 7320

caccgtctcc tcagctgccg caggaggcgg tggcagtggt gggggaggat ctggcggagg 7380

aggtagcttg gaaattcaga accctgagcc tgccgtgtac cagctgaagg accctagaag 7440

ccaggacagc accctgtgcc tgttcaccga cttcgacagc cagatcaacg tgcccaagac 7500

catggaaagc ggcaccttca tcaccgataa gactgtgctg gacatgaagg ccatggacag 7560

caagagcaac ggcgccattg cntggtccaa tcagaccagc tttacctgcc aagacatctt 7620

caaagagaca aacgccacct accccagttc agacgttccc tgtgatgcca cgttgactga 7680

gaaaagcttt gaaacagata tgaacctaaa ctttcaaaac ctgtcagtta tgggactccg 7740

aatcctcctg ctgaaagtag ccggatttaa cctgctcatg acgctgaggc tgtggtccag 7800

tggcagcggc gctactaact tcagcctgct gaagcaggct ggagacgtgg aggagaaccc 7860

tggacctatg ctactacttg tgacctcact attgttatgc gaactccctc atcccgcatt 7920

cttgctgatt ccagatctga gaaatgtgac tccacccaag gtctccttgt ttgagccatc 7980

aaaagcagag attgcaaaca aacaaaaggc taccctcgtg tgcttggcca ggggcttctt 8040

ccctgaccac gtggagctga gctggtgggt gaatggcaag gaggtccaca gtggggtcag 8100

cacggaccct caggcctaca aggagagcaa ttatagctac tgcctgagca gccgcctgag 8160

ggtctctgct accttctggc acaatcctcg caaccacttc cgctgccaag tgcagttcca 8220

tgggctttca gaggaggaca agtggccaga gggctcaccc aaacctgtca cacagaacat 8280

cagtgcagag gcctggggtc gagcagactg tggtattacc tcagcatcct atcaacaagg 8340

agtcttgtct gccaccatcc tctatgagat cctgctaggg aaagccaccc tgtatgctgt 8400

gcttgtcagt acactggtgg tgatggctat ggtcaaaaga aagaattcat gagatatcga 8460

gcatcttacc gccatttata cccatatttg ttctgttttt cttgatttgg gtatacattt 8520

aaatgttaat aaaacaaaat ggtggggcaa tcatttacat ttttagggat atgtaattac 8580

tagttcaggt gtattgccac aagacaaaca tgttaagaaa ctttcccgtt atttacgctc 8640

tgttcctgtt aatcaacctc tggattacaa aatttgtgaa agattgactg atattcttaa 8700

ctatgttgct ccttttacgc tgtgtggata tgctgcttta tagcctctgt atctagctat 8760

tgcttcccgt acggctttcg ttttctcctc cttgtataaa tcctggttgc tgtctctttt 8820

agaggagttg tggcccgttg tccgtcaacg tggcgtggtg tgctctgtgt ttgctgacgc 8880

aacccccact ggctggggca ttgccaccac ctgtcaactc ctttctggga ctttcgcttt 8940

ccccctcccg atcgccacgg cagaactcat cgccgcctgc cttgcccgct gctggacagg 9000

ggctaggttg ctgggcactg ataattccgt ggtgttgtca gtactggtac ctttaagacc 9060

aatgacttac aaggcagctg tagatcttag ccacttttta aaagaaaagg ggggactgga 9120

agggctaatt cactcccaaa gaagacaaga tctgcttttt gcctgtactg ggtctctctg 9180

gttagaccag atctgagcct gggagctctc tggctaacta gggaacccac tgcttaagcc 9240

tcaataaagc ttgccttgag tgcttcaagt agtgtgtgcc cgtctgttgt gtgactctgg 9300

taactagaga tccctcagac ccttttagtc agtgtggaaa atctctagca 9350

<210> 168

<211> 10145

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (7582)..(7582)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 168

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggtcttccgc 360

ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca 420

ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg 480

agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca 540

taggctccgc ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa 600

cccgacagga ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc 660

tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc 720

gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct 780

gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg 840

tcttgagtcc aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag 900

gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta 960

cggctacact agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg 1020

aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt 1080

tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt 1140

ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag 1200

gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg 1260

tcgttgctag gttactgtca tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 1320

aaagagtttg tagaaacgca aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat 1380

cggtggcagt ttatggcggg cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt 1440

tcaaatccgc tcccggcgga tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga 1500

taaaacgaaa ggcccagtct ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc 1560

cctactctcg catgggttgc ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct 1620

tatcatcgaa tttctgccat tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg 1680

cgtttaaggg caccaataac tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca 1740

gtactgttgt aattcattaa gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg 1800

aacctgaatc gccagcggca tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt 1860

gaaaacgggg gcgaagaagt tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact 1920

cacccaggga ttggctgaga cgaaaaacat attctcaata aacccttag ggaaataggc 1980

caggttttca ccgtaacacg ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc 2040

gtcgtggtat tcactccaga gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta 2100

acaagggtga acactatccc atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc 2160

cggatgagca ttcatcaggc gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt 2220

atttttcttt acggtcttta aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt 2280

acattgagca actgactgaa atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc 2340

aacggtggta tatccagtga ttttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct 2400

cgataactca aaaaatacgc ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc 2460

tcttacgtgc cgatcaacgt ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg 2520

cgtatcacga ggccagcttg ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag 2580

tttggaacaa gagtccacta ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg 2640

tctatcaggg cgatggccca ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga 2700

ggtgccgtaa agcactaaat cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg 2760

gaaagccggc gaacgtggcg agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg 2820

cgctggcaag tgtagcggtc acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc 2880

cgctacaggg cgcgtactat ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg 2940

cgtaaggaga aaatacatcg tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt 3000

cagtggagag gactttcact gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat 3060

tattgactag ttattaatag taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg 3120

agttccgcgt tacataactt acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgaccccc 3180

gcccattgac gtcaataatg acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt 3240

gacgtcaatg ggtggagtat ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc 3300

atatgccaag tacgcccccc attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg 3360

cccagtacat gaccttatgg gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg 3420

ctattaccat ggtgatgcgg ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact 3480

cacggggatt tccaagtctc caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa 3540

atcaacggga ctttccaaaa tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta 3600

ggcgtgtacg gtgggaggtc tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg 3660

ttagaccaga tctgagcctg ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct 3720

caataaagct tgccttgagt gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt 3780

aactagagat ccctcagacc cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga 3840

acagggactt gaaagcgaaa gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg 3900

ctgaagcgcg cacggcaaga ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga 3960

ctagcggagg ctagaaggag agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa 4020

ttagataaat gggaaaaaat tcggttaagg ccaggggggaa agaaacaata taaactaaaa 4080

catatagtta gggcaagcag ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag 4140

acatcagaag gctgtagaca aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca 4200

gaagaactta gatcattata taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata 4260

gatgtaaaag acaccaagga agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag 4320

aaaaaggcac agcaagcgat cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa 4380

ttggagaagt gaattatata aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc 4440

caccaaggca aagagaagag tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt 4500

gttccttggg ttcttgggag cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac 4560

ggtacaggcc agacaattat tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc 4620
tattgaggcg caacagcatc tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc 4680
aagaatcctg gctgtggaaa gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg 4740
ctctggaaaa ctcatttgca ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc 4800
tctggaacag atttggaata acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta 4860
cacaagctta atacactcct taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca 4920
agaattattg gaattagata aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg 4980

gctgtggtat ataaaattat tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt 5040
ttttgctgta ctttctatag tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca 5100
gacccacctc ccaatcccga ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt 5160
taaaagaaaa ggggggattg gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc 5220
aacagacata caaactaaag aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt 5280
ttattacagg gacagcagaa atccactttg gaaagctgag catccggctc cggtgcccgt 5340
cagtgggcag agcgcacatc gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat 5400

tgaaccggtg cctagagaag gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg 5460
ctccgccttt ttcccgaggg tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac 5520
gttctttttc gcaacgggtt tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc 5580
gggcctggcc tctttacggg ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacgcccctg 5640
gctgcagtac gtgattcttg atcccgagct tcgggttgga agtgggtggg agagttcgag 5700
gccttgcgct taaggagccc cttcgcctcg tgcttgagtt gaggcctggc ctgggcgctg 5760
gggccgccgc gtgcgaatct ggtggcacct tcgcgcctgt ctcgctgctt tcgataagtc 5820

tctagccatt taaaattttt gatgacctgc tgcgacgctt tttttctggc aagatagtct 5880
tgtaaatgcg ggccaagatc tgcacactgg tatttcggtt tttggggccg cgggcggcga 5940
cggggcccgt gcgtcccagc gcacatgttc ggcgaggcgg ggcctgcgag cgcggccacc 6000
gagaatcgga cgggggtagt ctcaagctgg ccggcctgct ctggtgcctg gcctcgcgcc 6060
gccgtgtatc gccccgccct gggcggcaag gctggcccgg tcggcaccag ttgcgtgagc 6120
ggaaagatgg ccgcttcccg gccctgctgc agggagctca aaatggagga cgcggcgctc 6180
gggagagcgg gcgggtgagt cacccacaca aaggaaaagg gcctttccgt cctcagccgt 6240

cgcttcatgt gactccacgg agtaccgggc gccgtccagg cacctcgatt agttctcgag 6300

cttttggagt acgtcgtctt taggttgggg ggaggggttt tatgcgatgg agtttcccca 6360

cactgagtgg gtggagactg aagttaggcc agcttggcac ttgatgtaat tctccttgga 6420

atttgccctt tttgagtttg gatcttggtt cattctcaag cctcagacag tggttcaaag 6480

tttttttctt ccatttcagg tgtcgtgaaa actacccctc agagccgcca ccatgcttct 6540

cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt accacaccca gcattcctcc tgatcccaga 6600

catccagatg acacagacta catcctccct gtctgcctct ctgggagaca gagtcaccat 6660

cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa atatttaaat tggtatcagc agaaaccaga 6720

tggaactgtt aaactcctga tctaccatac atcaagatta cactcaggag tcccatcaag 6780

gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta ttctctcacc attagcaacc tggagcaaga 6840

agatattgcc acttactttt gccaacaggg taatacgctt ccgtacacgt tcggaggggg 6900

gactaagttg gaaataacag gctccacctc tggatccggc aagcccggat ctggcgaggg 6960

atccaccaag ggcgaggtga aactgcagga gtcaggacct ggcctggtgg cgccctcaca 7020

gagcctgtcc gtcacatgca ctgtctcagg ggtctcatta cccgactatg gtgtaagctg 7080

gattcgccag cctccacgaa agggtctgga gtggctggga gtaatatggg gtagtgaaac 7140

cacatactat aattcagctc tcaaatccag actgaccatc atcaaggaca actccaagag 7200

ccaagttttc ttaaaaatga acagtctgca aactgatgac acagccattt actactgtgc 7260

caaacattat tactacggtg gtagctatgc tatggactac tggggtcaag gaacctcagt 7320

caccgtctcc tcagctgccg caggaggcgg tggcagtggt gggggaggat ctggcggagg 7380

aggtagcttg gaaattcaga accctgagcc tgccgtgtac cagctgaagg accctagaag 7440

ccaggacagc accctgtgcc tgttcaccga cttcgacagc cagatcaacg tgcccaagac 7500

catggaaagc ggcaccttca tcaccgataa gactgtgctg gacatgaagg ccatggacag 7560

caagagcaac ggcgccattg cntggtccaa tcagaccagc tttacctgcc aagacatctt 7620

caaagagaca aacgccacct accccagttc agacgttccc tgtgatgcca cgttgactga 7680

gaaaagcttt gaaacagata tgaacctaaa ctttcaaaac ctgtcagtta tgggactccg 7740

aatcctcctg ctgaaagtag ccggatttaa cctgctcatg acgctgaggc tgtggtccag 7800

tggcagcggc gctactaact tcagcctgct gaagcaggct ggagacgtgg aggagaaccc 7860

tggacctatg ctactacttg tgacctcact attgttatgc gaactccctc atcccgcatt 7920

cttgctgatt ccagacattc agatgactca aacaacttcc agcctctccg cctcactcgg 7980

cgaccgcgta acaataagct gtcgggcctc gcaagatatt agtaagtacc tgaattggta 8040

tcagcaaaaa cccgatggta cagtcaagct tctgatctac cataccagtc gtctgcacag 8100

cggtgtcccc agcaggttca gcggctcagg atctggtacc gattattcac tgacgatttc 8160

caaccttgag caggaggaca tcgccaccta cttctgccag cagggtaata ctctgccgta 8220

cacattcggg ggcggtacca agctcgagat cacgggttca acaagcggtt ctggcaagcc 8280

aggcagcggc gaggggagta caaaggggga ggtgaagttg caggaaagtg gccctggatt 8340

ggtggccccg agccagagtc tgtctgtcac ctgcacagtt tccggagtaa gtctgcctga 8400

ttacggagtg tcctggatca gacagccacc tcgaaagggc ttggagtggc ttggggtcat 8460

ttggggcagt gaaaccacat actacaacag cgctcttaag tccaggctca ctatcatcaa 8520

ggacaattca aagagccaag tattcttgaa aatgaattcc ctgcagactg atgacaccgc 8580

tatttattat tgcgctaaac attattacta tggaggttct tatgccatgg actactgggg 8640

gcagggtacc tctgtgacag tgagttcagc tgcagctgga ggtggaggta gcggaggcgg 8700

tggtagtgga gggggtggtt ctctggaaga tctgagaaat gtgactccac ccaaggtctc 8760

cttgtttgag ccatcaaaag cagagattgc aaacaaacaa aaggctaccc tcgtgtgctt 8820

ggccaggggc ttcttccctg accacgtgga gctgagctgg tgggtgaatg gcaaggaggt 8880

ccacagtggg gtcagcacgg accctcaggc ctacaaggag agcaattata gctactgcct 8940

gagcagccgc ctgagggtct ctgctacctt ctggcacaat cctcgcaacc acttccgctg 9000

ccaagtgcag ttccatgggc tttcagagga ggacaagtgg ccagagggct cacccaaacc 9060

tgtcacacag aacatcagtg cagaggcctg gggtcgagca gactgtggta ttacctcagc 9120

atcctatcaa caaggagtct tgtctgccac catcctctat gagatcctgc tagggaaagc 9180

caccctgtat gctgtgcttg tcagtacact ggtggtgatg gctatggtca aaagaaagaa 9240

ttcatgagat atcgagcatc ttaccgccat ttatacccat atttgttctg tttttcttga 9300

tttgggtata catttaaatg ttaataaaac aaaatggtgg ggcaatcatt tacattttta 9360

gggatatgta attactagtt caggtgtatt gccacaagac aaacatgtta agaaactttc 9420

ccgttattta cgctctgttc ctgttaatca acctctggat tacaaaattt gtgaaagatt 9480

gactgatatt cttaactatg ttgctccttt tacgctgtgt ggatatgctg ctttatagcc 9540

tctgtatcta gctattgctt cccgtacggc tttcgttttc tcctccttgt ataaatcctg 9600

gttgctgtct cttttagagg agttgtggcc cgttgtccgt caacgtggcg tggtgtgctc 9660

tgtgtttgct gacgcaaccc ccactggctg gggcattgcc accacctgtc aactcctttc 9720

tgggactttc gctttccccc tcccgatcgc cacggcagaa ctcatcgccg cctgccttgc 9780

ccgctgctgg acaggggcta ggttgctggg cactgataat tccgtggtgt tgtcagtact 9840

ggtaccttta agaccaatga cttacaaggc agctgtagat cttagccact ttttaaaaga 9900

aaaggggga ctggaagggc taattcactc ccaaagaaga caagatctgc tttttgcctg 9960

tactgggtct ctctggttag accagatctg agcctgggag ctctctggct aactagggaa 10020

cccactgctt aagcctcaat aaagcttgcc ttgagtgctt caagtagtgt gtgcccgtct 10080

gttgtgtgac tctggtaact agagatccct cagacccttt tagtcagtgt ggaaaatctc 10140

tagca 10145

<210> 169

<211> 9735

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (6857)..(6857)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 169

ctcgctgcgc tcggtcgttc ggctgcggcg agcggtatca gctcactcaa aggcggtaat 60

acggttatcc acagaatcag gggataacgc aggaaagaac atgtgagcaa aaggccagca 120

aaaggccagg aaccgtaaaa aggccgcgtt gctggcgttt ttccataggc tccgcccccc 180

tgacgagcat cacaaaaatc gacgctcaag tcagaggtgg cgaaacccga caggactata 240

aagataccag gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc cgaccctgcc 300

gcttaccgga tacctgtccg cctttctccc ttcgggaagc gtggcgcttt ctcatagctc 360

acgctgtagg tatctcagtt cggtgtaggt cgttcgctcc aagctgggct gtgtgcacga 420

acccccgtt cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaaccc 480

ggtaagacac gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta gcagagcgag 540

gtatgtaggc ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct acactagaag 600

aacagtattt ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag 660

ctcttgatcc ggcaaacaaa ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt gcaagcagca 720

gattacgcgc agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga 780

cgctcagtgg aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgagttaat taacttgcgc 840

cgtcccgtca agtcagcgta atgctctgcc agtgttacaa ccaattaacc aattctgatt 900

agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt cacatcagga ttatcaatac 960

catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa ctcaccgagg cagttccata 1020

ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg tccaacatca atacaaccta 1080

ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa atcaccatga gtgacgactg 1140

aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca gacttgttca acaggccagc 1200

cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc gttattcatt cgtgattgcg 1260

cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca attacaaaca ggaatcgaat 1320

gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt ttcacctgaa tcaggatatt 1380

cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt ggtgagtaac catgcatcat 1440

caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat aaattccgtc agccagttta 1500

gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc tttgccatgt ttcagaaaca 1560

actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt cgcacctgat tgcccgacat 1620

tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat gttggaattt aatcgcggcc 1680

tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa caccccttgt attactgttt atgtaagcag 1740

acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc aatgtaacat cagagatttt 1800

gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta acctataaaa ataggcgtat 1860

cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg 1920

aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat 1980

cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc 2040

cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttg acggggaaag 2100

ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg 2160

gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta 2220

cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga aataccgcac agatgcgtaa 2280

ggagaaaata catcgtgatc cggatcaaga tccagatcga attggaggct acagtcagtg 2340

gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc ctaggggaca ttgattattg 2400

actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc atagcccata tatggagttc 2460

cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac cgcccaacga cccccgccca 2520

ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt 2580

caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg 2640

ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag 2700

tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct acgtattagt catcgctatt 2760

accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg 2820

ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa 2880

cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt 2940

gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga accgggtctc tctggttaga 3000

ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac ccactgctta agcctcaata 3060

aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta 3120

gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct agcagtggcg cccgaacagg 3180

gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac gcaggactcg gcttgctgaa 3240

gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta cgccaaaaat tttgactagc 3300

ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta ttaagcgggg gagaattaga 3360

taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa caatataaac taaaacatat 3420

agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat cctggccttt tagagacatc 3480

agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga 3540

acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt gtgcatcaaa ggatagatgt 3600

aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag caaaacaaaa gtaagaaaaa 3660

ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg cgatatgagg gacaattgga 3720

gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc attaggagta gcacccacca 3780

aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt gggaatagga gctttgttcc 3840

ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc gtcaatgacg ctgacggtac 3900

aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa caatttgctg agggctattg 3960

aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat caaacagctc caggcaagaa 4020

tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct ggggatttgg ggttgctctg 4080

gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag ttggagtaat aaatctctgg 4140

aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag agaaattaac aattacacaa 4200

gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca agaaaagaat gaacaagaat 4260

tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt taacataaca aattggctgt 4320

ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt aggtttaaga atagtttttg 4380

ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc accattatcg tttcagaccc 4440

acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt attcatccac aattttaaaa 4500

gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat agtagacata atagcaacag 4560

acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat tcaaaatttt cgggtttatt 4620

acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc ggctccggtg cccgtcagtg 4680

ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg ggaggggtcg gcaattgaac 4740
cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt gatgtcgtgt actggctccg 4800
ccttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca gtagtcgccg tgaacgttct 4860
ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc gtgtgtggtt cccgcgggcc 4920
tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt acttccacgc ccctggctgc 4980
agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg gtgggagagt tcgaggcctt 5040
gcgcttaagg agccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc ctggcctggg cgctggggcc 5100

gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc tgctttcgat aagtctctag 5160
ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgcttttttt ctggcaagat agtcttgtaa 5220
atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg ggccgcgggc ggcgacgggg 5280
cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct gcgagcgcgg ccaccgagaa 5340
tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt gcctggcctc gcgccgccgt 5400
gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc accagttgcg tgagcggaaa 5460
gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg gaggacgcgg cgctcgggag 5520

agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt tccgtcctca gccgtcgctt 5580
catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct cgattagttc tcgagctttt 5640
ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc gatggagttt ccccacactg 5700
agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat gtaattctcc ttggaatttg 5760
ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca gacagtggtt caaagttttt 5820
ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctcagagc cgccaccatg cttctcctgg 5880
tgacaagcct tctgctctgt gagttaccac acccagcatt cctcctgatc ccagacatcc 5940

agatgacaca gactacatcc tccctgtctg cctctctggg agacagagtc accatcagtt 6000
gcagggcaag tcaggacatt agtaaatatt taaattggta tcagcagaaa ccagatggaa 6060
ctgttaaact cctgatctac catacatcaa gattacactc aggagtccca tcaaggttca 6120
gtggcagtgg gtctggaaca gattattctc tcaccattag caacctggag caagaagata 6180
ttgccactta cttttgccaa cagggtaata cgcttccgta cacgttcgga ggggggacta 6240
agttggaaat aacaggctcc acctctggat ccggcaagcc cggatctggc gagggatcca 6300
ccaagggcga ggtgaaactg caggagtcag gacctggcct ggtggcgccc tcacagagcc 6360

tgtccgtcac atgcactgtc tcaggggtct cattacccga ctatggtgta agctggattc 6420

gccagcctcc acgaaagggt ctggagtggc tgggagtaat atggggtagt gaaaccacat 6480

actataattc agctctcaaa tccagactga ccatcatcaa ggacaactcc aagagccaag 6540

ttttcttaaa aatgaacagt ctgcaaactg atgacacagc catttactac tgtgccaaac 6600

attattacta cggtggtagc tatgctatgg actactgggg tcaaggaacc tcagtcaccg 6660

tctcctcaat tcagaaccct gagcctgccg tgtaccagct gaaggaccct agaagccagg 6720

acagcaccct gtgcctgttc accgacttcg acagccagat caacgtgccc aagaccatgg 6780

aaagcggcac cttcatcacc gataagactg tgctggacat gaaggccatg gacagcaaga 6840

gcaacggcgc cattgcntgg tccaatcaga ccagctttac ctgccaagac atcttcaaag 6900

agacaaacgc cacctacccc agttcagacg ttccctgtga tgccacgttg actgagaaaa 6960

gctttgaaac agatatgaac ctaaactttc aaaacctgtc agttatggga ctccgaatcc 7020

tcctgctgaa agtagccgga tttaacctgc tcatgacgct gaggctgtgg tccagtggca 7080

gcggcgctac taacttcagc ctgctgaagc aggctggaga cgtggaggag aaccctggac 7140

ctatgctact acttgtgacc tcactattgt tatgcgaact ccctcatccc gcattcttgc 7200

tgattccaga cattcagatg actcaaacaa cttccagcct ctccgcctca ctcggcgacc 7260

gcgtaacaat aagctgtcgg gcctcgcaag atattagtaa gtacctgaat tggtatcagc 7320

aaaaacccga tggtacagtc aagcttctga tctaccatac cagtcgtctg cacagcggtg 7380

tccccagcag gttcagcggc tcaggatctg gtaccgatta ttcactgacg atttccaacc 7440

ttgagcagga ggacatcgcc acctacttct gccagcaggg taatactctg ccgtacacat 7500

tcgggggcgg taccaagctc gagatcacgg gttcaacaag cggttctggc aagccaggca 7560

gcggcgaggg gagtacaaag ggggaggtga agttgcagga aagtggccct ggattggtgg 7620

ccccgagcca gagtctgtct gtcacctgca cagtttccgg agtaagtctg cctgattacg 7680

gagtgtcctg gatcagacag ccacctcgaa agggcttgga gtggcttggg gtcatttggg 7740

gcagtgaaac cacatactac aacagcgctc ttaagtccag gctcactatc atcaaggaca 7800

attcaaagag ccaagtattc ttgaaaatga attccctgca gactgatgac accgctattt 7860

attattgcgc taaacattat tactatggag gttcttatgc catggactac tgggggcagg 7920

gtacctctgt gacagtgagt tcagatctga gaaatgtgac tccacccaag gtctccttgt 7980

ttgagccatc aaaagcagag attgcaaaca aacaaaaggc taccctcgtg tgcttggcca 8040

ggggcttctt ccctgaccac gtggagctga gctggtgggt gaatggcaag gaggtccaca 8100

gtggggtcag cacggaccca caggcctaca aggagagcaa ttatagctac tgcctgagca 8160

gccgcctgag ggtctctgct accttctggc acaatcctcg caaccacttc cgctgccaag 8220

tgcagttcca tgggctttca gaggaggaca agtggccaga gggctcaccc aaacctgtca 8280

cacagaacat cagtgcagag gcctggggtc gagcagactg tggtattacc tcagcatcct 8340

atcaacaagg agtcttgtct gccaccatcc tctatgagat cctgctaggg aaagccaccc 8400

tgtatgctgt gcttgtcagt acactggtgg tgatggctat ggtcaaaaga aagaattcat 8460

gagatatcga gcatcttacc gccatttata cccatatttg ttctgttttt cttgatttgg 8520

gtatacattt aaatgttaat aaaacaaaat ggtggggcaa tcatttacat ttttagggat 8580

atgtaattac tagttcaggt gtattgccac aagacaaaca tgttaagaaa ctttcccgtt 8640

atttacgctc tgttcctgtt aatcaacctc tggattacaa aatttgtgaa agattgactg 8700

atattcttaa ctatgttgct ccttttacgc tgtgtggata tgctgcttta tagcctctgt 8760

atctagctat tgcttcccgt acggctttcg ttttctcctc cttgtataaa tcctggttgc 8820

tgtctctttt agaggagttg tggcccgttg tccgtcaacg tggcgtggtg tgctctgtgt 8880

ttgctgacgc aacccccact ggctggggca ttgccaccac ctgtcaactc ctttctggga 8940

ctttcgcttt ccccctcccg atcgccacgg cagaactcat cgccgcctgc cttgcccgct 9000

gctggacagg ggctaggttg ctgggcactg ataattccgt ggtgttgtca gtactggtac 9060

ctttaagacc aatgacttac aaggcagctg tagatcttag ccacttttta aaagaaaagg 9120

ggggactgga agggctaatt cactcccaaa gaagacaaga tctgcttttt gcctgtactg 9180

ggtctctctg gttagaccag atctgagcct gggagctctc tggctaacta gggaacccac 9240

tgcttaagcc tcaataaagc ttgccttgag tgcttcaagt agtgtgtgcc cgtctgttgt 9300

gtgactctgg taactagaga tccctcagac cttttagtc agtgtggaaa atctctagca 9360

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 9420

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 9480

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 9540

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 9600

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 9660

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggtcttccgc 9720

ttcctcgctc actga 9735

<210> 170

<211> 8877

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 170

ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60

cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120

ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180

tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240

atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300

gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360

gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420

attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480

ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540

ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600

aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660

tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720

cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780

gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa cacccttgt 840

attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900

aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960

acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080

aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140

gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200

ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260

gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320

ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380

aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500

aggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560

ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620

attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680

ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740

atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800

cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920

tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980

ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040

acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100

gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160

tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220

cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280

accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340

ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460

agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520

gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580

cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640

ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700

caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760

cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820

cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880

gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940

caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000

cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060

attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120

gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180

gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240

caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300

caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360

ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420

ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480

agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540

agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600

taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660
aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720
accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780
attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840
agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900
tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960
ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080
gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140
gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200
gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260
acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320
gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380
ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttt 4500
ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560
ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620
gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680
gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740
accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800
gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920
cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980
gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040
gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100
gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160
ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220
tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct gcctctctgg 5280

gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat ttaaattggt 5340

atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca agattacact 5400

caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct ctcaccatta 5460

gcaacctgga gcaagaagat attgccactt acttttgcca acagggtaat acgcttccgt 5520

acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggctc cacctctgga tccggcaagc 5580

ccggatctgg cgagggatcc accaagggcg aggtgaaact gcaggagtca ggacctggcc 5640

tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca catgcactgt ctcaggggtc tcattacccg 5700

actatggtgt aagctggatt cgccagcctc cacgaaaggg tctggagtgg ctgggagtaa 5760

tatggggtag tgaaaccaca tactataatt cagctctcaa atccagactg accatcatca 5820

aggacaactc caagagccaa gttttcttaa aaatgaacag tctgcaaact gatgacacag 5880

ccatttacta ctgtgccaaa cattattact acggtggtag ctatgctatg gactactggg 5940

gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag gatggggtag agcagactgt ggctttacct 6000

cggtgtccta ccagcaaggg gtcctgtctg ccaccatcct ctatgagatc ctgctaggga 6060

aggccaccct gtatgctgtg ctggtcagcg cccttgtgtt gatggccatg gtcaagagaa 6120

aggatttctg agatatcgag catcttaccg ccatttatac ccatatttgt tctgtttttc 6180

ttgatttggg tatacattta aatgttaata aaacaaaatg gtggggcaat catttacatt 6240

tttagggata tgtaattact agttcaggtg tattgccaca agacaaacat gttaagaaac 6300

tttcccgtta tttacgctct gttcctgtta atcaacctct ggattacaaa atttgtgaaa 6360

gattgactga tattcttaac tatgttgctc cttttacgct gtgtggatat gctgctttat 6420

agcctctgta tctagctatt gcttcccgta cggctttcgt tttctcctcc ttgtataaat 6480

cctggttgct gtctctttta gaggagttgt ggcccgttgt ccgtcaacgt ggcgtggtgt 6540

gctctgtgtt tgctgacgca acccccactg gctggggcat tgccaccacc tgtcaactcc 6600

tttctgggac tttcgctttc cccctcccga tcgccacggc agaactcatc gccgcctgcc 6660

ttgcccgctg ctggacaggg gctaggttgc tgggcactga taattccgtg gtgttgtcag 6720

tactggtacc tttaagacca atgacttaca aggcagctgt agatcttagc cacttttaa 6780

aagaaaaggg gggactggaa gggctaattc actcccaaag aagacaagat ctgcttttg 6840

cctgtactgg gtctctctgg ttagaccaga tctgagcctg ggagctctct ggctaactag 6900

ggaacccact gcttaagcct caataaagct tgccttgagt gcttcaatga tcataatcaa 6960

gccatatcac atctgtagag gtttacttgc tttaaaaaac ctccacacct cccctgaac 7020

ctgaaacata aaatgaatgc aattgttgtt gttaacttgt ttattgcagc ttataatggt 7080

tacaaataaa gcaatagcat cacaaatttc acaaataaag catttttttc actgcattct 7140

agttgtggtt tgtccaaact catcaatgta tcttatcatg tctggatctg cgtcgacacg 7200

aagagacgac tgactgactg actggaaaga ggaagggctg gaagaggaag gagcttgatc 7260

cagatcccga tctcgatcca gatccggatc gcagcttggc gtaatcatgg tcatagctgt 7320

ttcctgtgtg aaattgttat ccgctcacaa ttccacacaa catacgagcc ggaagcataa 7380

agtgtaaagc ctggggtgcc taatgagtga gctaactcac attaattgcg ttgcgctcac 7440

tgcccgcttt ccagtcggga aacctgtcgt gccagctgca ttaatgaatc ggccaacgcg 7500

cggggagagg cggtttgcgt attgggcgct cttccgcttc ctcgctcact gactcgctgc 7560

gctcggtcgt tcggctgcgg cgagcggtat cagctcactc aaaggcggta atacggttat 7620

ccacagaatc aggggataac gcaggaaaga acatgtgagc aaaaggccag caaaaggcca 7680

ggaaccgtaa aaaggccgcg ttgctggcgt ttttccatag gctccgcccc cctgacgagc 7740

atcacaaaaa tcgacgctca agtcagaggt ggcgaaaccc gacaggacta taaagatacc 7800

aggcgtttcc ccctggaagc tccctcgtgc gctctcctgt tccgaccctg ccgcttaccg 7860

gatacctgtc cgcctttctc ccttcgggaa gcgtggcgct ttctcatagc tcacgctgta 7920

ggtatctcag ttcggtgtag gtcgttcgct ccaagctggg ctgtgtgcac gaacccccg 7980

ttcagcccga ccgctgcgcc ttatccggta actatcgtct tgagtccaac ccggtaagac 8040

acgacttatc gccactggca gcagccactg gtaacaggat tagcagagcg aggtatgtag 8100

gcggtgctac agagttcttg aagtggtggc ctaactacgg ctacactaga agaacagtat 8160

ttggtatctg cgctctgctg aagccagtta ccttcggaaa aagagttggt agctcttgat 8220

ccggcaaaca aaccaccgct ggtagcggtg gtttttttgt ttgcaagcag cagattacgc 8280

gcagaaaaaa aggatctcaa gaagatcctt tgatcttttc tacggggtct gacgctcagt 8340

ggaacgaaaa ctcacgttaa gggattttgg tcatgagatt atcaaaaagg atcttcacct 8400

agatcctttt aaattaaaaa tgaagtttta aatcaatcta aagtatatat gagtaaactt 8460

ggtctgacag ttaccaatgc ttaatcagtg aggcacctat ctcagcgatc tgtctatttc 8520

gttcatccat agttgcctga ctccccgtcg tgtagataac tacgatacgg gagggcttac 8580

catctggccc cagtgctgca atgataccgc agcttgggaa accataagag ctgaagccag 8640

ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg 8700

gtggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc 8760

ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt 8820

tggtcatgag cttgcgccgt cccgtcaagt cagcgtaatg ctctgccagt gttacaa 8877

<210> 171

<211> 8919

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 171

ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60

cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120

ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180

tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240

atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300

gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360

gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420

attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480

ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540

ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600

aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660

tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720

cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780

gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa cacccttgt 840

attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900

aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960

acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080

aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140

gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200

ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260

gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320

ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380

aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500

aggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560

ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620

attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680

ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740

atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800

cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920

tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980

ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040

acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100

gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160

tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220

cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280

accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340

ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460

agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520

gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580

cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640

ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700

caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760

cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820

cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880

gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940

caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000

cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060

attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120

gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180

gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240

caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300

caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360

ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420

ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480
agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540
agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600
taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660
aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720
accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780
attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840

agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900
tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960
ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020
ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080
gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140
gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200
gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320
gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380
ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440
tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttt 4500
ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560
ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620
gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740
accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800
gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860
tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920
cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980
gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040
gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220

tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct gcctctctgg 5280

gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat ttaaattggt 5340

atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca agattacact 5400

caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct ctcaccatta 5460

gcaacctgga gcaagaagat attgccactt acttttgcca acagggtaat acgcttccgt 5520

acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggctc cacctctgga tccggcaagc 5580

ccggatctgg cgagggatcc accaagggcg aggtgaaact gcaggagtca ggacctggcc 5640

tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca catgcactgt ctcaggggtc tcattacccg 5700

actatggtgt aagctggatt cgccagcctc cacgaaaggg tctggagtgg ctgggagtaa 5760

tatggggtag tgaaaccaca tactataatt cagctctcaa atccagactg accatcatca 5820

aggacaactc caagagccaa gttttcttaa aaatgaacag tctgcaaact gatgacacag 5880

ccatttacta ctgtgccaaa cattattact acggtggtag ctatgctatg gactactggg 5940

gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag cagctgcagg aggtggaggt agtggtggtg 6000

gaggttctgg aggtggaggt agtctagaat gtggctttac ctcggtgtcc taccagcaag 6060

gggtcctgtc tgccaccatc ctctatgaga tcctgctagg gaaggccacc ctgtatgctg 6120

tgctggtcag cgcccttgtg ttgatggcca tggtcaagag aaaggatttc tgagatatcg 6180

agcatcttac cgccatttat acccatattt gttctgtttt tcttgatttg ggtatacatt 6240

taaatgttaa taaaacaaaa tggtggggca atcatttaca tttttaggga tatgtaatta 6300

ctagttcagg tgtattgcca caagacaaac atgttaagaa actttcccgt tatttacgct 6360

ctgttcctgt taatcaacct ctggattaca aaatttgtga aagattgact gatattctta 6420

actatgttgc tccttttacg ctgtgtggat atgctgcttt atagcctctg tatctagcta 6480

ttgcttcccg tacggctttc gttttctcct ccttgtataa atcctggttg ctgtctcttt 6540

tagaggagtt gtggcccgtt gtccgtcaac gtggcgtggt gtgctctgtg tttgctgacg 6600

caacccccac tggctggggc attgccacca cctgtcaact cctttctggg actttcgctt 6660

tcccccctcc gatcgccacg gcagaactca tcgccgcctg ccttgcccgc tgctggacag 6720

gggctaggtt gctgggcact gataattccg tggtgttgtc agtactggta cctttaagac 6780

caatgactta caaggcagct gtagatctta gccacttttt aaaagaaaag gggggactgg 6840

aagggctaat tcactcccaa agaagacaag atctgctttt tgcctgtact gggtctctct 6900

ggttagacca gatctgagcc tgggagctct ctggctaact agggaaccca ctgcttaagc 6960

ctcaataaag cttgccttga gtgcttcaat gatcataatc aagccatatc acatctgtag 7020

aggtttactt gctttaaaaa acctccacac ctccccctga acctgaaaca taaaatgaat 7080

gcaattgttg ttgttaactt gtttattgca gcttataatg gttacaaata aagcaatagc 7140

atcacaaatt tcacaaataa agcatttttt tcactgcatt ctagttgtgg tttgtccaaa 7200

ctcatcaatg tatcttatca tgtctggatc tgcgtcgaca cgaagagacg actgactgac 7260

tgactggaaa gaggaagggc tggaagagga aggagcttga tccagatccc gatctcgatc 7320

cagatccgga tcgcagcttg gcgtaatcat ggtcatagct gtttcctgtg tgaaattgtt 7380

atccgctcac aattccacac aacatacgag ccggaagcat aaagtgtaaa gcctggggtg 7440

cctaatgagt gagctaactc acattaattg cgttgcgctc actgcccgct ttccagtcgg 7500

gaaacctgtc gtgccagctg cattaatgaa tcggccaacg cgcggggaga ggcggtttgc 7560

gtattgggcg ctcttccgct tcctcgctca ctgactcgct gcgctcggtc gttcggctgc 7620

ggcgagcggt atcagctcac tcaaaggcgg taatacggtt atccacagaa tcaggggata 7680

acgcaggaaa gaacatgtga gcaaaaggcc agcaaaaggc caggaaccgt aaaaaggccg 7740

cgttgctggc gtttttccat aggctccgcc cccctgacga gcatcacaaa aatcgacgct 7800

caagtcagag gtggcgaaac ccgacaggac tataaagata ccaggcgttt ccccctggaa 7860

gctccctcgt gcgctctcct gttccgaccc tgccgcttac cggatacctg tccgcctttc 7920

tcccttcggg aagcgtggcg ctttctcata gctcacgctg taggtatctc agttcggtgt 7980

aggtcgttcg ctccaagctg ggctgtgtgc acgaaccccc cgttcagccc gaccgctgcg 8040

ccttatccgg taactatcgt cttgagtcca acccggtaag acacgactta tcgccactgg 8100

cagcagccac tggtaacagg attagcagag cgaggtatgt aggcggtgct acagagttct 8160

tgaagtggtg gcctaactac ggctacacta gaagaacagt atttggtatc tgcgctctgc 8220

tgaagccagt taccttcgga aaaagagttg gtagctcttg atccggcaaa caaaccaccg 8280

ctggtagcgg tggttttttt gtttgcaagc agcagattac gcgcagaaaa aaaggatctc 8340

aagaagatcc tttgatcttt tctacggggt ctgacgctca gtggaacgaa aactcacgtt 8400

aagggatttt ggtcatgaga ttatcaaaaa ggatcttcac ctagatcctt ttaaattaaa 8460

aatgaagttt taaatcaatc taaagtatat atgagtaaac ttggtctgac agttaccaat 8520

gcttaatcag tgaggcacct atctcagcga tctgtctatt tcgttcatcc atagttgcct 8580

gactccccgt cgtgtagata actacgatac gggagggctt accatctggc cccagtgctg 8640

caatgatacc gcagcttggg aaaccataag agctgaagcc agttaccttc ggaaaaagag 8700

ttggtagctc ttgatccggc aaacaaacca ccgctggtag cggtggtttt tttgtttgca 8760

agcagcagat tacgcgcaga aaaaaaggat ctcaagaaga tcctttgatc ttttctacgg 8820

ggtctgacgc tcagtggaac gaaaactcac gttaagggat tttggtcatg agcttgcgcc 8880

gtcccgtcaa gtcagcgtaa tgctctgcca gtgttacaa 8919

<210> 172

<211> 9255

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 172

ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60

cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120

ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180

tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240

atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300

gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360

gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420

attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480

ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540

ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600

aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660

tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720

cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780

gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa cacccttgt 840

attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900

aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960

acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080

aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140

gtttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200

ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260

gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320

ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380

aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500

aggggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560

ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620

attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680

ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740

atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800

cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920

tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980

ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040

acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100

gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160

tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220

cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280

accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340

ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460

agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520

gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580

cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640

ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700

caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760

cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820

cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880

gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940

caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000

cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060

attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120

gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180

gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240
caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300
caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360
ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420
ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480
agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540
agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600

taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660
aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720
accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780
attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840
agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900
tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960
ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080
gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140
gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200
gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260
acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320
gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380
ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttttt 4500
ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560
ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620
gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680
gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740
accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800
gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220

tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct gcctctctgg 5280

gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat ttaaattggt 5340

atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca agattacact 5400

caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct ctcaccatta 5460

gcaacctgga gcaagaagat attgccactt acttttgcca acagggtaat acgcttccgt 5520

acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggctc cacctctgga tccggcaagc 5580

ccggatctgg cgagggatcc accaagggcg aggtgaaact gcaggagtca ggacctggcc 5640

tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca catgcactgt ctcaggggtc tcattacccg 5700

actatggtgt aagctggatt cgccagcctc cacgaaaggg tctggagtgg ctgggagtaa 5760

tatggggtag tgaaaccaca tactataatt cagctctcaa atccagactg accatcatca 5820

aggacaactc caagagccaa gttttcttaa aaatgaacag tctgcaaact gatgacacag 5880

ccatttacta ctgtgccaaa cattattact acggtggtag ctatgctatg gactactggg 5940

gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag gagtagagga cctgaacaag gtgttcccac 6000

ccgaggtcgc tgtgtttgag ccatcagaag cagagatctc ccacacccaa aaggccactc 6060

tagtatgtct agctacaggc ttcttccctg accacgtgga gctgagctgg tgggtgaatg 6120

ggaaggaggt gcacagtggg gtcagcacgg acccgcagcc acttaaagaa cagccagctc 6180

tcaatgactc cagatactgt ctaagcagtc gacttagagt ctcggctaca ttttggcaaa 6240

atcctcgaaa ccacttccgc tgtcaagtcc agttctacgg gctctcggag aatgacgagt 6300

ggacccagga tagggccaaa cccgtcaccc agatcgtcag cgccgaggcc tggggtagag 6360

cagactgtgg ctttacctcg gtgtcctacc agcaaggggt cctgtctgcc accatcctct 6420

atgagatcct gctagggaag gccaccctgt atgctgtgct ggtcagcgcc cttgtgttga 6480

tggccatggt caagagaaag gatttctgag atatcgagca tcttaccgcc atttataccc 6540

atatttgttc tgtttttctt gatttgggta tacatttaaa tgttaataaa acaaaatggt 6600

ggggcaatca tttacatttt tagggatatg taattactag ttcaggtgta ttgccacaag 6660

acaaacatgt taagaaactt tcccgttatt tacgctctgt tcctgttaat caacctctgg 6720

attacaaaat ttgtgaaaga ttgactgata ttcttaacta tgttgctcct tttacgctgt 6780

gtggatatgc tgctttatag cctctgtatc tagctattgc ttcccgtacg gctttcgttt 6840

tctcctcctt gtataaatcc tggttgctgt ctcttttaga ggagttgtgg cccgttgtcc 6900

gtcaacgtgg cgtggtgtgc tctgtgtttg ctgacgcaac ccccactggc tggggcattg 6960

ccaccacctg tcaactcctt tctgggactt tcgctttccc cctcccgatc gccacggcag 7020

aactcatcgc cgcctgcctt gcccgctgct ggacaggggc taggttgctg ggcactgata 7080

attccgtggt gttgtcagta ctggtacctt taagaccaat gacttacaag gcagctgtag 7140

atcttagcca ctttttaaaa gaaaaggggg gactggaagg gctaattcac tcccaaagaa 7200

gacaagatct gctttttgcc tgtactgggt ctctctggtt agaccagatc tgagcctggg 7260

agctctctgg ctaactaggg aacccactgc ttaagcctca ataaagcttg ccttgagtgc 7320

ttcaatgatc ataatcaagc catatcacat ctgtagaggt ttacttgctt taaaaaacct 7380

ccacacctcc ccctgaacct gaaacataaa atgaatgcaa ttgttgttgt taacttgttt 7440

attgcagctt ataatggtta caaataaagc aatagcatca caaatttcac aaataaagca 7500

ttttttttcac tgcattctag ttgtggtttg tccaaactca tcaatgtatc ttatcatgtc 7560

tggatctgcg tcgacacgaa gagacgactg actgactgac tggaaagagg aagggctgga 7620

agaggaagga gcttgatcca gatcccgatc tcgatccaga tccggatcgc agcttggcgt 7680

aatcatggtc atagctgttt cctgtgtgaa attgttatcc gctcacaatt ccacacaaca 7740

tacgagccgg aagcataaag tgtaaagcct ggggtgccta atgagtgagc taactcacat 7800

taattgcgtt gcgctcactg cccgctttcc agtcgggaaa cctgtcgtgc cagctgcatt 7860

aatgaatcgg ccaacgcgcg gggagaggcg gtttgcgtat tgggcgctct tccgcttcct 7920

cgctcactga ctcgctgcgc tcggtcgttc ggctgcggcg agcggtatca gctcactcaa 7980

aggcggtaat acggttatcc acagaatcag gggataacgc aggaaagaac atgtgagcaa 8040

aaggccagca aaaggccagg aaccgtaaaa aggccgcgtt gctggcgttt ttccataggc 8100

tccgcccccc tgacgagcat cacaaaaatc gacgctcaag tcagaggtgg cgaaacccga 8160

caggactata aagataccag gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc 8220

cgaccctgcc gcttaccgga tacctgtccg cctttctccc ttcgggaagc gtggcgcttt 8280

ctcatagctc acgctgtagg tatctcagtt cggtgtaggt cgttcgctcc aagctgggct 8340

gtgtgcacga acccccccgtt cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg 8400

agtccaaccc ggtaagacac gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta 8460

gcagagcgag gtatgtaggc ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct 8520

acactagaag aacagtattt ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa 8580

gagttggtag ctcttgatcc ggcaaacaaa ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt 8640

gcaagcagca gattacgcgc agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta 8700
cggggtctga cgctcagtgg aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgagattat 8760
caaaaaggat cttcacctag atccttttaa attaaaaatg aagttttaaa tcaatctaaa 8820
gtatatatga gtaaacttgg tctgacagtt accaatgctt aatcagtgag gcacctatct 8880
cagcgatctg tctatttcgt tcatccatag ttgcctgact ccccgtcgtg tagataacta 8940
cgatacggga gggcttacca tctggcccca gtgctgcaat gataccgcag cttgggaaac 9000
cataagagct gaagccagtt accttcggaa aaagagttgg tagctcttga tccggcaaac 9060

aaaccaccgc tggtagcggt ggtttttttg tttgcaagca gcagattacg cgcagaaaaa 9120
aaggatctca agaagatcct ttgatctttt ctacggggtc tgacgctcag tggaacgaaa 9180
actcacgtta agggattttg gtcatgagct tgcgccgtcc cgtcaagtca gcgtaatgct 9240
ctgccagtgt tacaa 9255

<210> 173
<211> 8829
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 173

ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60

cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120
ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180
tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240
atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300
gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360
gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420
attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480

ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540
ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600
aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660
tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720

cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780

gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa cacccttgt 840

attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900

aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960

acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080

aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140

gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200

ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260

gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320

ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380

aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500

aggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560

ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620

attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680

ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740

atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800

cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920

tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980

ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040

acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100

gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160

tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220

cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280

accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340

ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460

agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520

gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580

cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640
ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700
caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760
cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820
cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880
gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940
caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000

cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060
attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120
gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180
gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240
caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300
caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360
ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420

ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480
agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540
agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600
taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660
aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720
accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780
attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840

agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900
tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960
ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020
ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080
gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140
gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200
gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320

gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380

ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttttt 4500

ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560

ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620

gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740

accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800

gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220

tcctcctgat cccaggtaag cctatcccta accctctcct cggtctcgat tctacgggat 5280

gcgacgtaaa actggtggaa aagtccttcg agactgatac aaacttgaac tttcaaaact 5340

tgagcgtgat cggctttcgg atattgctgc tcaaggtggc cggtttcaat ctgctgatga 5400

cacttaggct ttggtcgtcc ggcagcggcg agggcagagg aagtctgcta acatgcggtg 5460

acgtcgagga gaatcctggc ccaatgaccg agtacaagcc cacggtgcgc ctcgccaccc 5520

gcgacgacgt ccccagggcc gtacgcaccc tcgccgccgc gttcgccgac taccccgcca 5580

cgcgccacac cgtcgatccg gaccgccaca tcgagcgggt caccgagctg caagaactct 5640

tcctcacgcg cgtcgggctc gacatcggca aggtgtgggt cgcggacgac ggcgccgcgg 5700

tggcggtctg gaccacgccg gagagcgtcg aagcgggggc ggtgttcgcc gagatcggcc 5760

cgcgcatggc cgagttgagc ggttcccggc tggccgcgca gcaacagatg gaaggcctcc 5820

tggcgccgca ccggcccaag gagcccgcgt ggttcctggc caccgtcggc gtctcgcccg 5880

accaccaggg caagggtctg ggcagcgccg tcgtgctccc cggagtggag gcggccgagc 5940

gcgccggggt gcccgccttc ctggagacct ccgcgccccg caacctcccc ttctacgagc 6000

ggctcggctt caccgtcacc gccgacgtcg aggtgcccga aggaccgcgc acctggtgca 6060

tgacccgcaa gcccggtgcc tgagatatcg agcatcttac cgccatttat acccatattt 6120

gttctgtttt tcttgatttg ggtatacatt taaatgttaa taaaacaaaa tggtggggca 6180

atcatttaca tttttaggga tatgtaatta ctagttcagg tgtattgcca caagacaaac 6240

atgttaagaa actttcccgt tatttacgct ctgttcctgt taatcaacct ctggattaca 6300

aaatttgtga aagattgact gatattctta actatgttgc tccttttacg ctgtgtggat 6360

atgctgcttt atagcctctg tatctagcta ttgcttcccg tacggctttc gttttctcct 6420

ccttgtataa atcctggttg ctgtctcttt tagaggagtt gtggcccgtt gtccgtcaac 6480

gtggcgtggt gtgctctgtg tttgctgacg caacccccac tggctggggc attgccacca 6540

cctgtcaact cctttctggg actttcgctt tccccctccc gatcgccacg gcagaactca 6600

tcgccgcctg ccttgcccgc tgctggacag gggctaggtt gctgggcact gataattccg 6660

tggtgttgtc agtactggta cctttaagac caatgactta caaggcagct gtagatctta 6720

gccacttttt aaaagaaaag gggggactgg aagggctaat tcactcccaa agaagacaag 6780

atctgctttt tgcctgtact gggtctctct ggttagacca gatctgagcc tgggagctct 6840

ctggctaact agggaaccca ctgcttaagc ctcaataaag cttgccttga gtgcttcaat 6900

gatcataatc aagccatatc acatctgtag aggtttactt gctttaaaaa acctccacac 6960

ctccccctga acctgaaaca taaaatgaat gcaattgttg ttgttaactt gtttattgca 7020

gcttataatg gttacaaata aagcaatagc atcacaaatt tcacaaataa agcatttttt 7080

tcactgcatt ctagttgtgg tttgtccaaa ctcatcaatg tatcttatca tgtctggatc 7140

tgcgtcgaca cgaagagacg actgactgac tgactggaaa gaggaagggc tggaagagga 7200

aggagcttga tccagatccc gatctcgatc cagatccgga tcgcagcttg gcgtaatcat 7260

ggtcatagct gtttcctgtg tgaaattgtt atccgctcac aattccacac aacatacgag 7320

ccggaagcat aaagtgtaaa gcctggggtg cctaatgagt gagctaactc acattaattg 7380

cgttgcgctc actgcccgct ttccagtcgg gaaacctgtc gtgccagctg cattaatgaa 7440

tcggccaacg cgcggggaga ggcggtttgc gtattgggcg ctcttccgct tcctcgctca 7500

ctgactcgct gcgctcggtc gttcggctgc ggcgagcggt atcagctcac tcaaaggcgg 7560

taatacggtt atccacagaa tcaggggata acgcaggaaa gaacatgtga gcaaaaggcc 7620

agcaaaaggc caggaaccgt aaaaaggccg cgttgctggc gtttttccat aggctccgcc 7680

cccctgacga gcatcacaaa aatcgacgct caagtcagag gtggcgaaac ccgacaggac 7740

tataaagata ccaggcgttt ccccctggaa gctccctcgt gcgctctcct gttccgaccc 7800

tgccgcttac cggatacctg tccgcctttc tcccttcggg aagcgtggcg ctttctcata 7860

gctcacgctg taggtatctc agttcggtgt aggtcgttcg ctccaagctg ggctgtgtgc 7920

acgaaccccc cgttcagccc gaccgctgcg ccttatccgg taactatcgt cttgagtcca 7980

acccggtaag acacgactta tcgccactgg cagcagccac tggtaacagg attagcagag 8040

cgaggtatgt aggcggtgct acagagttct tgaagtggtg gcctaactac ggctacacta 8100
gaagaacagt atttggtatc tgcgctctgc tgaagccagt taccttcgga aaaagagttg 8160
gtagctcttg atccggcaaa caaaccaccg ctggtagcgg tggttttttt gtttgcaagc 8220
agcagattac gcgcagaaaa aaaggatctc aagaagatcc tttgatcttt tctacggggt 8280
ctgacgctca gtggaacgaa aactcacgtt aagggatttt ggtcatgaga ttatcaaaaa 8340
ggatcttcac ctagatcctt ttaaattaaa aatgaagttt taaatcaatc taaagtatat 8400
atgagtaaac ttggtctgac agttaccaat gcttaatcag tgaggcacct atctcagcga 8460

tctgtctatt tcgttcatcc atagttgcct gactccccgt cgtgtagata actacgatac 8520
gggagggctt accatctggc cccagtgctg caatgatacc gcagcttggg aaaccataag 8580
agctgaagcc agttaccttc ggaaaaagag ttggtagctc ttgatccggc aaacaaacca 8640
ccgctggtag cggtggtttt tttgtttgca agcagcagat tacgcgcaga aaaaaaggat 8700
ctcaagaaga tcctttgatc ttttctacgg ggtctgacgc tcagtggaac gaaaactcac 8760
gttaagggat tttggtcatg agcttgcgcc gtcccgtcaa gtcagcgtaa tgctctgcca 8820
gtgttacaa 8829

<210> 174
<211> 9090
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 174
ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60
cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120
ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180
tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240
atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300

gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360
gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420
attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480
ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540

ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600

aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660

tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720

cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780

gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa cacccttgt 840

attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900

aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960

acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080

aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140

gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200

ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260

gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320

ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380

aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500

aggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560

ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620

attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680

ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740

atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800

cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920

tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980

ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040

acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100

gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160

tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220

cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280

accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340

ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460
agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520
gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580
cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640
ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700
caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760
cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820

cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880
gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940
caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000
cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060
attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120
gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180
gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240

caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300
caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360
ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420
ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480
agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540
agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600
taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660

aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720
accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780
attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840
agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900
tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960
ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020
ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080

gatgtcgtgt actggctccg ccttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140

gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200

gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320

gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380

ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttt 4500

ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560

ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620

gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740

accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800

gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220

tcctcctgat cccaggtaag cctatcccta accctctcct cggtctcgat tctacgggag 5280

ctgtgtacca gctcagggat tccaagagtt cagataagtc agtgtgcctg ttcaccgact 5340

ttgatagtca gaccaatgtc tcacagtcta aagactcgga tgtgtacatc accgataaga 5400

cagtcctcga catgcgaagc atggatttta agagtaattc agccgtggcc tggtccaaca 5460

agtcagattt cgcctgcgcc aacgccttca ataactcaat cattcccgaa gatacatttt 5520

tcccctcccc cgagtcttcg tgtgatgtta aacttgtgga gaaatctttc gaaactgata 5580

caaacctcaa tttccagaac ttgagcgtca taggatttag aatcctcctc ttaaaggttg 5640

ctggctttaa cttactgatg acactccgac tctggagctc cggcagcggc gagggcagag 5700

gaagtctgct aacatgcggt gacgtcgagg agaatcctgg cccaatgacc gagtacaagc 5760

ccacggtgcg cctcgccacc cgcgacgacg tccccagggc cgtacgcacc ctcgccgccg 5820

cgttcgccga ctaccccgcc acgcgccaca ccgtcgatcc ggaccgccac atcgagcggg 5880

tcaccgagct gcaagaactc ttcctcacgc gcgtcgggct cgacatcggc aaggtgtggg 5940

tcgcggacga cggcgccgcg gtggcggtct ggaccacgcc ggagagcgtc gaagcggggg 6000

cggtgttcgc cgagatcggc ccgcgcatgg ccgagttgag cggttcccgg ctggccgcgc 6060

agcaacagat ggaaggcctc ctggcgccgc accggcccaa ggagcccgcg tggttcctgg 6120

ccaccgtcgg cgtctcgccc gaccaccagg gcaagggtct gggcagcgcc gtcgtgctcc 6180

ccggagtgga ggcggccgag cgcgccgggg tgcccgcctt cctggagacc tccgcgcccc 6240

gcaacctccc cttctacgag cggctcggct tcaccgtcac cgccgacgtc gaggtgcccg 6300

aaggaccgcg cacctggtgc atgacccgca agcccggtgc ctgagatatc gagcatctta 6360

ccgccattta tacccatatt tgttctgttt ttcttgattt gggtatacat ttaaatgtta 6420

ataaaacaaa atggtggggc aatcatttac atttttaggg atatgtaatt actagttcag 6480

gtgtattgcc acaagacaaa catgttaaga aactttcccg ttatttacgc tctgttcctg 6540

ttaatcaacc tctggattac aaaatttgtg aaagattgac tgatattctt aactatgttg 6600

ctccttttac gctgtgtgga tatgctgctt tatagcctct gtatctagct attgcttccc 6660

gtacggcttt cgttttctcc tccttgtata aatcctggtt gctgtctctt ttagaggagt 6720

tgtggcccgt tgtccgtcaa cgtggcgtgg tgtgctctgt gtttgctgac gcaacccccа 6780

ctggctgggg cattgccacc acctgtcaac tcctttctgg gactttcgct ttccccctcc 6840

cgatcgccac ggcagaactc atcgccgcct gccttgcccg ctgctggaca ggggctaggt 6900

tgctgggcac tgataattcc gtggtgttgt cagtactggt acctttaaga ccaatgactt 6960

acaaggcagc tgtagatctt agccactttt taaaagaaaa ggggggactg gaagggctaa 7020

ttcactccca aagaagacaa gatctgcttt ttgcctgtac tgggtctctc tggttagacc 7080

agatctgagc ctgggagctc tctggctaac tagggaaccc actgcttaag cctcaataaa 7140

gcttgccttg agtgcttcaa tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact 7200

tgctttaaaa aacctccaca cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt 7260

gttgttaact tgtttattgc agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat 7320

ttcacaaata aagcattttt ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat 7380

gtatcttatc atgtctggat ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa 7440

agaggaaggg ctggaagagg aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg 7500

atcgcagctt ggcgtaatca tggtcatagc tgtttcctgt gtgaaattgt tatccgctca 7560

caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa agcctggggt gcctaatgag 7620

tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc tttccagtcg ggaaacctgt 7680

cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcggggag aggcggtttg cgtattgggc 7740

gctcttccgc ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg 7800

tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa 7860

agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg 7920
cgtttttcca taggctccgc ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga 7980
ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg 8040
tgcgctctcc tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg 8100
gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc 8160
gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg 8220
gtaactatcg tcttgagtcc aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca 8280

ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt 8340
ggcctaacta cggctacact agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag 8400
ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg 8460
gtggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc 8520
ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt 8580
tggtcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt 8640
ttaaatcaat ctaaagtata tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca 8700

gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg 8760
tcgtgtagat aactacgata cgggagggct taccatctgg ccccagtgct gcaatgatac 8820
cgcagcttgg gaaaccataa gagctgaagc cagttacctt cggaaaaaga gttggtagct 8880
cttgatccgg caaacaaacc accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc aagcagcaga 8940
ttacgcgcag aaaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg gggtctgacg 9000
ctcagtggaa cgaaaactca cgttaaggga ttttggtcat gagcttgcgc cgtcccgtca 9060
agtcagcgta atgctctgcc agtgttacaa 9090

<210> 175
<211> 10011
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 175
ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60
cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120

ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180

tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240

atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300

gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360

gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420

attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480

ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540

ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600

aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660

tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720

cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780

gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa caccccttgt 840

attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900

aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960

acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080

aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140

gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200

ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260

gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320

ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380

aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500

aggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560

ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620

attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680

ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740

atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800

cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920

tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980

ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040
acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100
gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160
tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220
cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280
accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340
ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460
agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520
gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580
cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640
ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700
caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760
cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820

cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880
gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940
caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000
cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060
attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120
gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180
gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240

caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300
caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360
ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420
ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480
agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540
agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600
taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660

aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720

accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780

attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840

agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900

tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960

ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080

gatgtcgtgt actggctccg ccttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140

gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200

gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320

gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380

ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttt 4500

ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560

ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620

gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740

accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800

gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220

tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct gcctctctgg 5280

gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat ttaaattggt 5340

atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca agattacact 5400

caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct ctcaccatta 5460

gcaacctgga gcaagaagat attgccactt actttgcca acagggtaat acgcttccgt 5520

acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggctc cacctctgga tccggcaagc 5580

ccggatctgg cgagggatcc accaagggcg aggtgaaact gcaggagtca ggacctggcc 5640

tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca catgcactgt ctcaggggtc tcattacccg 5700

actatggtgt aagctggatt cgccagcctc cacgaaaggg tctggagtgg ctgggagtaa 5760

tatggggtag tgaaaccaca tactataatt cagctctcaa atccagactg accatcatca 5820

aggacaactc caagagccaa gttttcttaa aaatgaacag tctgcaaact gatgacacag 5880

ccatttacta ctgtgccaaa cattattact acggtggtag ctatgctatg gactactggg 5940

gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag gatggggtag agcagactgt ggctttacct 6000

cggtgtccta ccagcaaggg gtcctgtctg ccaccatcct ctatgagatc ctgctaggga 6060

aggccaccct gtatgctgtg ctggtcagcg cccttgtgtt gatggccatg gtcaagagaa 6120

aggatttcgg gtcaggcgag ggcagaggaa gtctgctaac atgcggtgac gtcgaggaga 6180

atcctggacc tatgcttctc ctggtgacaa gccttctgct ctgtgagtta ccacacccag 6240

cattcctcct gatcccacgc aaagtgtgta acggaatagg tattggtgaa tttaaagact 6300

cactctccat aaatgctacg aatattaaac acttcaaaaa ctgcacctcc atcagtggcg 6360

atctccacat cctgccggtg gcatttaggg gtgactcctt cacacatact cctcctctgg 6420

atccacagga actggatatt ctgaaaaccg taaaggaaat cacagggttt ttgctgattc 6480

aggcttggcc tgaaaacagg acggacctcc atgcctttga gaacctagaa atcatacgcg 6540

gcaggaccaa gcaacatggt cagttttctc ttgcagtcgt cagcctgaac ataacatcct 6600

tgggattacg ctccctcaag gagataagtg atggagatgt gataatttca ggaaacaaaa 6660

atttgtgcta tgcaaataca ataaactgga aaaaactgtt tgggacctcc ggtcagaaaa 6720

ccaaaattat aagcaacaga ggtgaaaaca gctgcaaggc cacaggccag gtctgccatg 6780

ccttgtgctc ccccgagggc tgctggggcc cggagcccag ggactgcgtc tcttgccgga 6840

atgtcagccg aggcagggaa tgcgtggaca agtgcaacct tctggagggt gagccaaggg 6900

agtttgtgga gaactctgag tgcatacagt gccacccaga gtgcctgcct caggccatga 6960

acatcacctg cacaggacgg ggaccagaca actgtatcca gtgtgcccac tacattgacg 7020

gcccccactg cgtcaagacc tgcccggcag gagtcatggg agaaaacaac accctggtct 7080

ggaagtacgc agacgccggc catgtgtgcc acctgtgcca tccaaactgc acctacggat 7140

gcactgggcc aggtcttgaa ggctgtccaa cgaatgggcc taagatcccg tccatcgcca 7200

ctgggatggt gggggccctc ctcttgctgc tggtggtggc cctggggatc ggcctcttca 7260

tgtgagatat cgagcatctt accgccattt atacccatat ttgttctgtt tttcttgatt 7320

tgggtataca tttaaatgtt aataaaacaa aatggtgggg caatcattta catttttagg 7380

gatatgtaat tactagttca ggtgtattgc cacaagacaa acatgttaag aaactttccc 7440

gttatttacg ctctgttcct gttaatcaac ctctggatta caaaatttgt gaaagattga 7500
ctgatattct taactatgtt gctcctttta cgctgtgtgg atatgctgct ttatagcctc 7560
tgtatctagc tattgcttcc cgtacggctt tcgttttctc ctccttgtat aaatcctggt 7620
tgctgtctct tttagaggag ttgtggcccg ttgtccgtca acgtggcgtg gtgtgctctg 7680
tgtttgctga cgcaaccccc actggctggg gcattgccac cacctgtcaa ctcctttctg 7740
ggactttcgc tttccccctc ccgatcgcca cggcagaact catcgccgcc tgccttgccc 7800
gctgctggac aggggctagg ttgctgggca ctgataattc cgtggtgttg tcagtactgg 7860

taccttaag accaatgact tacaaggcag ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa 7920
agggggggact ggaagggcta attcactccc aaagaagaca agatctgctt tttgcctgta 7980
ctgggtctct ctggttagac cagatctgag cctgggagct ctctggctaa ctagggaacc 8040
cactgcttaa gcctcaataa agcttgcctt gagtgcttca atgatcataa tcaagccata 8100
tcacatctgt agaggtttac ttgctttaaa aaacctccac acctcccct gaacctgaaa 8160
cataaaatga atgcaattgt tgttgttaac ttgtttattg cagcttataa tggttacaaa 8220
taaagcaata gcatcacaaa tttcacaaat aaagcatttt tttcactgca ttctagttgt 8280

ggtttgtcca aactcatcaa tgtatcttat catgtctgga tctgcgtcga cacgaagaga 8340
cgactgactg actgactgga aagaggaagg gctggaagag gaaggagctt gatccagatc 8400
ccgatctcga tccagatccg gatcgcagct tggcgtaatc atggtcatag ctgtttcctg 8460
tgtgaaattg ttatccgctc acaattccac acaacatacg agccggaagc ataaagtgta 8520
aagcctgggg tgcctaatga gtgagctaac tcacattaat tgcgttgcgc tcactgcccg 8580
ctttccagtc gggaaacctg tcgtgccagc tgcattaatg aatcggccaa cgcgcgggga 8640
gaggcggttt gcgtattggg cgctcttccg cttcctcgct cactgactcg ctgcgctcgg 8700

tcgttcggct gcggcgagcg gtatcagctc actcaaaggc ggtaatacgg ttatccacag 8760
aatcagggga taacgcagga aagaacatgt gagcaaaagg ccagcaaaag gccaggaacc 8820
gtaaaaaggc cgcgttgctg gcgtttttcc ataggctccg ccccccctgac gagcatcaca 8880
aaaatcgacg ctcaagtcag aggtggcgaa acccgacagg actataaaga taccaggcgt 8940
ttcccccctgg aagctccctc gtgcgctctc ctgttccgac cctgccgctt accggatacc 9000
tgtccgcctt tctcccttcg ggaagcgtgg cgctttctca tagctcacgc tgtaggtatc 9060
tcagttcggt gtaggtcgtt cgctccaagc tgggctgtgt gcacgaaccc cccgttcagc 9120

ccgaccgctg cgccttatcc ggtaactatc gtcttgagtc caacccggta agacacgact 9180

tatcgccact ggcagcagcc actggtaaca ggattagcag agcgaggtat gtaggcggtg 9240

ctacagagtt cttgaagtgg tggcctaact acggctacac tagaagaaca gtatttggta 9300

tctgcgctct gctgaagcca gttaccttcg gaaaaagagt tggtagctct tgatccggca 9360

aacaaaccac cgctggtagc ggtggttttt ttgtttgcaa gcagcagatt acgcgcagaa 9420

aaaaaggatc tcaagaagat cctttgatct tttctacggg gtctgacgct cagtggaacg 9480

aaaactcacg ttaagggatt ttggtcatga gattatcaaa aaggatcttc acctagatcc 9540

ttttaaatta aaaatgaagt tttaaatcaa tctaaagtat atatgagtaa acttggtctg 9600

acagttacca atgcttaatc agtgaggcac ctatctcagc gatctgtcta tttcgttcat 9660

ccatagttgc ctgactcccc gtcgtgtaga taactacgat acgggagggc ttaccatctg 9720

gccccagtgc tgcaatgata ccgcagcttg ggaaaccata agagctgaag ccagttacct 9780

tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac caccgctggt agcggtggtt 9840

tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaaagg atctcaagaa gatcctttga 9900

tcttttctac ggggtctgac gctcagtgga acgaaaactc acgttaaggg attttggtca 9960

tgagcttgcg ccgtcccgtc aagtcagcgt aatgctctgc cagtgttaca a 10011

<210> 176

<211> 9672

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 176

ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt 60

cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa 120

ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg 180

tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa 240

atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca 300

gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc 360

gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca 420

attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt 480

ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt 540

ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat 600

aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc 660

tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt 720

cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat 780

gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa caccccttgt 840

attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc 900

aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta 960

acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt 1020

tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca 1080

aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa 1140

gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat 1200

ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag 1260

gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg 1320

ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga 1380

aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 1440

gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 1500

aggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 1560

ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga tccagatcga 1620

attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc 1680

ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc 1740

atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac 1800

cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa 1860

tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag 1920

tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc 1980

ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct 2040

acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg 2100

gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt 2160

tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga 2220

cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga 2280

accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac 2340

ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg 2400

ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct 2460

agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac 2520

gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta 2580

cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta 2640

ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa 2700

caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat 2760

cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc 2820

cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt 2880

gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag 2940

caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg 3000

cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc 3060

attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt 3120

gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc 3180

gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa 3240

caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat 3300

caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct 3360

ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag 3420

ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag 3480

agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca 3540

agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt 3600

taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt 3660

aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 3720

accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt 3780

attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat 3840

agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat 3900

tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc 3960

ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 4020

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 4080

gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 4140

gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 4200

gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 4260

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 4320

gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 4380

ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 4440

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttt 4500

ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 4560

ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 4620

gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 4680

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 4740

accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 4800

gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 4860

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 4920

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 4980

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 5040

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 5100

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag 5160

ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 5220

tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct gcctctctgg 5280

gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat ttaaattggt 5340

atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca agattacact 5400

caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct ctcaccatta 5460

gcaacctgga gcaagaagat attgccactt acttttgcca acagggtaat acgcttccgt 5520

acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggctc cacctctgga tccggcaagc 5580

ccggatctgg cgagggatcc accaagggcg aggtgaaact gcaggagtca ggacctggcc 5640

tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca catgcactgt ctcaggggtc tcattacccg 5700

actatggtgt aagctggatt cgccagcctc cacgaaaggg tctggagtgg ctgggagtaa 5760

tatggggtag tgaaaccaca tactataatt cagctctcaa atccagactg accatcatca 5820

aggacaactc caagagccaa gttttcttaa aaatgaacag tctgcaaact gatgacacag 5880

ccatttacta ctgtgccaaa cattattact acggtggtag ctatgctatg gactactggg 5940

gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag cggccgcagg tggaggaggt tctggaggtg 6000

gaggttcagg tggaggtggt tcactcgagc tgggagcagg cccagtggat tctggagtca 6060

cacaaacccc aaagcacctg atcacagcaa ctggacagcg agtgacgctg agatgctccc 6120

ctaggtctgg agacctctct gtgtcatggt accaacagag cctggaccag ggcctccagt 6180
tcctcattca gtattataat ggagaagaga gagcaaaagg aaacattctt gaacgattct 6240
ccgcacaaca gttccctgac ttgcactctg aactaaacct gagctctctg gagctggggg 6300
actcagcttt gtatttctgt gccagcagcc cccggacagg cctgaacact gaagctttct 6360
ttggacaagg caccagactc acagttgtag aggacctgaa caaggtgttc ccacccgagg 6420
tcgctgtgtt tgagccatca gaagcagaga tctcccacac ccaaaaggcc acactggtgt 6480
gcctggccac aggcttcttc cccgaccacg tggagctgag ctggtgggtg aatgggaagg 6540

aggtgcacag tggggtcagc acggacccgc agcccctcaa ggagcagccc gccctcaatg 6600
actccagata ctgcctgagc agccgcctga gggtctcggc caccttctgg cagaaccccc 6660
gcaaccactt ccgctgtcaa gtccagttct acgggctctc ggagaatgac gagtggaccc 6720
aggatagggc caaacccgtc acccagatcg tcagcgccga ggcctggggt agagcagact 6780
gtggctttac ctcggtgtcc taccagcaag gggtcctgtc tgccaccatc ctctatgaga 6840
tcctgctagg gaaggccacc ctgtatgctg tgctggtcag cgcccttgtg ttgatggcca 6900
tggtcaagag aaaggatttc tgataagata tcgagcatct taccgccatt tatacccata 6960

tttgttctgt ttttcttgat ttgggtatac atttaaatgt taataaaaca aaatggtggg 7020
gcaatcattt acatttttag ggatatgtaa ttactagttc aggtgtattg ccacaagaca 7080
aacatgttaa gaaactttcc cgttatttac gctctgttcc tgttaatcaa cctctggatt 7140
acaaaatttg tgaaagattg actgatattc ttaactatgt tgctccttttt acgctgtgtg 7200
gatatgctgc tttatagcct ctgtatctag ctattgcttc ccgtacggct ttcgttttct 7260
cctccttgta taaatcctgg ttgctgtctc ttttagagga gttgtggccc gttgtccgtc 7320
aacgtggcgt ggtgtgctct gtgtttgctg acgcaacccc cactggctgg ggcattgcca 7380

ccacctgtca actcctttct gggactttcg ctttcccccc cccgatcgcc acggcagaac 7440
tcatcgccgc ctgccttgcc cgctgctgga caggggctag gttgctgggc actgataatt 7500
ccgtggtgtt gtcagtactg gtacctttaa gaccaatgac ttacaaggca gctgtagatc 7560
ttagccactt tttaaaagaa aaggggggac tggaagggct aattcactcc caaagaagac 7620
aagatctgct ttttgcctgt actgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc 7680
tctctggcta actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgcttc 7740
aatgatcata atcaagccat atcacatctg tagaggttta cttgctttaa aaaacctcca 7800

cacctccccc tgaacctgaa acataaaatg aatgcaattg ttgttgttaa cttgtttatt 7860

gcagcttata atggttacaa ataaagcaat agcatcacaa atttcacaaa taaagcattt 7920

ttttcactgc attctagttg tggtttgtcc aaactcatca atgtatctta tcatgtctgg 7980

atctgcgtcg acacgaagag acgactgact gactgactgg aaagaggaag ggctggaaga 8040

ggaaggagct tgatccagat cccgatctcg atccagatcc ggatcgcagc ttggcgtaat 8100

catggtcata gctgtttcct gtgtgaaatt gttatccgct cacaattcca cacaacatac 8160

gagccggaag cataaagtgt aaagcctggg gtgcctaatg agtgagctaa ctcacattaa 8220

ttgcgttgcg ctcactgccc gctttccagt cgggaaacct gtcgtgccag ctgcattaat 8280

gaatcggcca acgcgcgggg agaggcggtt tgcgtattgg gcgctcttcc gcttcctcgc 8340

tcactgactc gctgcgctcg gtcgttcggc tgcggcgagc ggtatcagct cactcaaagg 8400

cggtaatacg gttatccaca gaatcagggg ataacgcagg aaagaacatg tgagcaaaag 8460

gccagcaaaa ggccaggaac cgtaaaaagg ccgcgttgct ggcgtttttc cataggctcc 8520

gccccccctga cgagcatcac aaaaatcgac gctcaagtca gaggtggcga aacccgacag 8580

gactataaag ataccaggcg tttccccctg gaagctccct cgtgcgctct cctgttccga 8640

ccctgccgct taccggatac ctgtccgcct ttctcccttc gggaagcgtg gcgctttctc 8700

atagctcacg ctgtaggtat ctcagttcgg tgtaggtcgt tcgctccaag ctgggctgtg 8760

tgcacgaacc ccccgttcag cccgaccgct gcgccttatc cggtaactat cgtcttgagt 8820

ccaacccggt aagacacgac ttatcgccac tggcagcagc cactggtaac aggattagca 8880

gagcgaggta tgtaggcggt gctacagagt tcttgaagtg gtggcctaac tacggctaca 8940

ctagaagaac agtatttggt atctgcgctc tgctgaagcc agttaccttc ggaaaaagag 9000

ttggtagctc ttgatccggc aaacaaacca ccgctggtag cggtggtttt tttgtttgca 9060

agcagcagat tacgcgcaga aaaaaaggat ctcaagaaga tcctttgatc ttttctacgg 9120

ggtctgacgc tcagtggaac gaaaactcac gttaagggat tttggtcatg agattatcaa 9180

aaaggatctt cacctagatc cttttaaatt aaaaatgaag ttttaaatca atctaaagta 9240

tatatgagta aacttggtct gacagttacc aatgcttaat cagtgaggca cctatctcag 9300

cgatctgtct atttcgttca tccatagttg cctgactccc cgtcgtgtag ataactacga 9360

tacgggaggg cttaccatct ggccccagtg ctgcaatgat accgcagctt gggaaaccat 9420

aagagctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag ctcttgatcc ggcaaacaaa 9480

ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt gcaagcagca gattacgcgc agaaaaaaag 9540

gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga cgctcagtgg aacgaaaact 9600

cacgttaagg gattttggtc atgagcttgc gccgtcccgt caagtcagcg taatgctctg 9660

ccagtgttac aa 9672

<210> 177

<211> 9555

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 177

atatgagtaa acttggtctg acagttacca atgcttaatc agtgaggcac ctatctcagc 60

gatctgtcta tttcgttcat ccatagttgc ctgactcccc gtcgtgtaga taactacgat 120

acgggagggc ttaccatctg gccccagtgc tgcaatgata ccgcagcttg ggaaaccata 180

agagctgaag ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac 240

caccgctggt agcggtggtt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaaagg 300

atctcaagaa gatcctttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtgga acgaaaactc 360

acgttaaggg attttggtca tgagcttgcg ccgtcccgtc aagtcagcgt aatgctctgc 420

cagtgttaca accaattaac caattctgat tagaaaaact catcgagcat caaatgaaac 480

tgcaatttat tcacatcagg attatcaata ccatattttt gaaaaagccg tttctgtaat 540

gaaggagaaa actcaccgag gcagttccat aggatggcaa gatcctggta tcggtctgcg 600

attccgactc gtccaacatc aatacaacct attaatttcc cctcgtcaaa aataaggtta 660

tcaagtgaga aatcaccatg agtgacgact gaatccggtg agaatggcaa aagtttatgc 720

atttctttcc agacttgttc aacaggccag ccattacgct cgtcatcaaa atcactcgca 780

tcaaccaaac cgttattcat tcgtgattgc gcctgagcaa gacgaaatac gcgatcgctg 840

ttaaaaggac aattacaaac aggaatcgaa tgcaaccggc gcaggaacac tgccagcgca 900

tcaacaatat tttcacctga atcaggatat tcttctaata cctggaatgc tgtttttccg 960

gggatcgcag tggtgagtaa ccatgcatca tcaggagtac ggataaaatg cttgatggtc 1020

ggaagaggca taaattccgt cagccagttt agtctgacca tctcatctgt aacatcattg 1080

gcaacgctac ctttgccatg tttcagaaac aactctggcg catcgggctt cccatacaag 1140

cgatagattg tcgcacctga ttgcccgaca ttatcgcgag cccatttata cccatataaa 1200

tcagcatcca tgttggaatt taatcgcggc ctcgacgttt cccgttgaat atggctcata 1260

acacccccttg tattactgtt tatgtaagca gacagtttta ttgttcatga tgatatattt 1320

ttatcttgtg caatgtaaca tcagagattt tgagacacaa cgtggctttc ccccccccccc 1380

ccatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc agcttgggaa accataagac 1440

cgagatagag ttgagtgttg ttccagtttg gaacaagagt ccactattaa agaacgtgga 1500

ctccaacgtc aaagggcgaa aaaccgtcta tcagggcgat ggcccactac gtgaaccatc 1560

acccaaatca agttttttgg ggtcgaggtg ccgtaaagca ctaaatcgga accctaaagg 1620

gagcccccga tttagagctt gacggggaaa gccggcgaac gtggcgagaa aggaagggaa 1680

gaaagcgaaa ggagcgggcg ctaaggcgct ggcaagtgta gcggtcacgc tgcgcgtaac 1740

caccacaccc gccgcgctta atgcgccgct acagggcgcg tactatggtt gctttgacgt 1800

atgcggtgtg aaataccgca cagatgcgta aggagaaaat accgcatcag gcgccattcg 1860

ccattcaggc tgcgcaactg ttgggaaggg cgatcggtgc gggcctcttc gctattacgc 1920

cagctggcga aaggggatg tgctgcaagg cgattaagtt gggtaacgcc agggttttcc 1980

cagtcacgac gttgtaaaac gacggccagt gaattgatcg agatcgtgat ccggatcaag 2040

atccagatcg aattggaggc tacagtcagt ggagaggact ttcactgact gactgactgc 2100

gtctcaacct cctaggggac attgattatt gactagttat taatagtaat caattacggg 2160

gtcattagtt catagcccat atatggagtt ccgcgttaca taacttacgg taaatggccc 2220

gcctggctga ccgcccaacg acccccgccc attgacgtca ataatgacgt atgttcccat 2280

agtaacgcca atagggactt tccattgacg tcaatgggtg gagtatttac ggtaaactgc 2340

ccacttggca gtacatcaag tgtatcatat gccaagtacg ccccctattg acgtcaatga 2400

cggtaaatgg cccgcctggc attatgccca gtacatgacc ttatgggact ttcctacttg 2460

gcagtacatc tacgtattag tcatcgctat taccatggtg atgcggtttt ggcagtacat 2520

caatgggcgt ggatagcggt ttgactcacg gggatttcca agtctccacc ccattgacgt 2580

caatgggagt ttgttttggc accaaaatca acgggacttt ccaaaatgtc gtaacaactc 2640

cgccccattg acgcaaatgg gcggtaggcg tgtacggtgg gaggtctata taagcagagc 2700

tcgtttagtg aaccgggtct ctctggttag accagatctg agcctgggag ctctctggct 2760

aactagggaa cccactgctt aagcctcaat aaagcttgcc ttgagtgctc aaagtagtgt 2820

gtgcccgtct gttgtgtgac tctggtaact agagatccct cagacccttt tagtcagtgt 2880

ggaaaatctc tagcagtggc gcccgaacag ggacttgaaa gcgaaagtaa agccagagga 2940

gatctctcga cgcaggactc ggcttgctga agcgcgcacg gcaagaggcg aggggcggcg 3000

actggtgagt acgccaaaaa ttttgactag cggaggctag aaggagagag tagggtgcga 3060

gagcgtcggt attaagcggg ggagaattag ataaatggga aaaaattcgg ttaaggccag 3120

ggggaaagaa acaatataaa ctaaaacata tagttagggc aagcagggag ctagaacgat 3180

tcgcagttaa tcctggcctt ttagagacat cagaaggctg tagacaaata ctgggacagc 3240

tacaaccatc ccttcagaca ggatcagaag aacttagatc attatataat acaatagcag 3300

tcctctattg tgtgcatcaa aggatagatg taaaagacac caaggaagcc ttagataaga 3360

tagaggaaga gcaaaacaaa agtaagaaaa aggcacagca agcgatcttc agacctggag 3420

gaggcaggag gcgatatgag ggacaattgg agaagtgaat tatataaata taaagtagta 3480

aaaattgaac cattaggagt agcacccacc aaggcaaaga gaagagtggt gcagagagaa 3540

aaaagagcag tgggaatagg agctttgttc cttgggttct tgggagcagc aggaagcact 3600

atgggcgcag cgtcaatgac gctgacggta caggccagac aattattgtc tgatatagtg 3660

cagcagcaga acaatttgct gagggctatt gaggcgcaac agcatctgtt gcaactcaca 3720

gtctggggca tcaaacagct ccaggcaaga atcctggctg tggaaagata cctaaaggat 3780

caacagctcc tggggatttg gggttgctct ggaaaactca tttgcaccac tgctgtgcct 3840

tggaatgcta gttggagtaa taaatctctg gaacagattt ggaataacat gacctggatg 3900

gagtgggaca gagaaattaa caattacaca agcttaatac actccttaat tgaagaatcg 3960

caaaaccagc aagaaaagaa tgaacaagaa ttattggaat tagataaatg ggcaagtttg 4020

tggaattggt ttaacataac aaattggctg tggtatataa aattattcat aatgatagta 4080

ggaggcttgg taggtttaag aatagttttt gctgtacttt ctatagtgaa tagagttagg 4140

cagggatatt caccattatc gtttcagacc cacctcccaa tcccgagggg accacgcgta 4200

caaatggcag tattcatcca caattttaaa agaaaagggg ggattggggg gtacagtgca 4260

ggggaaagaa tagtagacat aatagcaaca gacatacaaa ctaaagaatt acaaaaacaa 4320

attacaaaaa ttcaaaattt tcgggtttat tacagggaca gcagaaatcc actttggaaa 4380

gctgagcatc cggctccggt gcccgtcagt gggcagagcg cacatcgccc acagtccccg 4440

agaagttggg gggaggggtc ggcaattgaa ccggtgccta gagaaggtgg cgcggggtaa 4500

actgggaaag tgatgtcgtg tactggctcc gccttttcc cgagggtggg ggagaaccgt 4560

atataagtgc agtagtcgcc gtgaacgttc tttttcgcaa cgggtttgcc gccagaacac 4620

aggtaagtgc cgtgtgtggt tcccgcgggc ctggcctctt tacgggttat ggcccttgcg 4680

tgccttgaat tacttccacg cccctggctg cagtacgtga ttcttgatcc cgagcttcgg 4740

gttggaagtg ggtgggagag ttcgaggcct tgcgcttaag gagccccttc gcctcgtgct 4800

tgagttgagg cctggcctgg gcgctggggc cgccgcgtgc gaatctggtg gcaccttcgc 4860

gcctgtctcg ctgctttcga taagtctcta gccatttaaa atttttgatg acctgctgcg 4920

acgcttttt tctggcaaga tagtcttgta aatgcgggcc aagatctgca cactggtatt 4980

tcggtttttg gggccgcggg cggcgacggg gcccgtgcgt cccagcgcac atgttcggcg 5040

aggcggggcc tgcgagcgcg gccaccgaga atcggacggg ggtagtctca agctggccgg 5100

cctgctctgg tgcctggcct cgcgccgccg tgtatcgccc cgccctgggc ggcaaggctg 5160
gcccggtcgg caccagttgc gtgagcggaa agatggccgc ttcccggccc tgctgcaggg 5220
agctcaaaat ggaggacgcg gcgctcggga gagcgggcgg gtgagtcacc cacacaaagg 5280
aaaagggcct ttccgtcctc agccgtcgct tcatgtgact ccacggagta ccgggcgccg 5340
tccaggcacc tcgattagtt ctcgagcttt tggagtacgt cgtctttagg ttgggggggag 5400
gggttttatg cgatggagtt tccccacact gagtgggtgg agactgaagt taggccagct 5460
tggcacttga tgtaattctc cttggaattt gccctttttg agtttggatc ttggttcatt 5520

ctcaagcctc agacagtggt tcaaagtttt tttcttccat ttcaggtgtc gtgaaaacta 5580
cccctctaga gccgccacca tgcttctcct ggtgacaagc cttctgctct gtgagttacc 5640
acacccagca ttcctcctga tcccagacat ccagatgaca cagactacat cctccctgtc 5700
tgcctctctg ggagacagag tcaccatcag ttgcagggca agtcaggaca ttagtaaata 5760
tttaaattgg tatcagcaga aaccagatgg aactgttaaa ctcctgatct accatacatc 5820
aagattacac tcaggagtcc catcaaggtt cagtggcagt gggtctggaa cagattattc 5880
tctcaccatt agcaacctgg agcaagaaga tattgccact tacttttgcc aacagggtaa 5940

tacgcttccg tacacgttcg gaggggggac taagttggaa ataacaggct ccacctctgg 6000
atccggcaag cccggatctg gcgagggatc caccaagggc gaggtgaaac tgcaggagtc 6060
aggacctggc ctggtggcgc cctcacagag cctgtccgtc acatgcactg tctcaggggt 6120
ctcattaccc gactatggtg taagctggat tcgccagcct ccacgaaagg gtctggagtg 6180
gctgggagta atatggggta gtgaaaccac atactataat tcagctctca aatccagact 6240
gaccatcatc aaggacaact ccaagagcca agttttctta aaaatgaaca gtctgcaaac 6300
tgatgacaca gccatttact actgtgccaa acattattac tacggtggta gctatgctat 6360

ggactactgg ggtcaaggaa cctcagtcac cgtctcctca gcggccgcag gtggaggagg 6420
ttctggaggt ggtggatcag gtggtggagg atctctagaa gtgaatggag agaatgtgga 6480
gcagcatcct tcaaccctga gtgtccagga gggagacagc gctgttatca agtgtactta 6540
ttcagacagt gcctcaaact acttcccttg gtataagcaa gaacttggaa aaagacctca 6600
gcttattata gacattcgtt caaatgtggg cgaaaagaaa gaccaacgaa ttgctgttac 6660
attgaacaag acagccaaac atttctccct gcacatcaca gagacccaac ctgaagactc 6720
ggctgtctac ttctgtgcag caagtaggaa ggactctggg ggttaccaga aagttacctt 6780

tggaactgga acaaagctcc aagtcatccc aaatatccag aaccctgacc ctgccgtgta 6840

ccagctgaga gactctaaat ccagtgacaa gtctgtctgc ctattcaccg attttgattc 6900

tcaaacaaat gtgtcacaaa gtaaggattc tgatgtgtat atcacagaca aaactgtgct 6960

agacatgagg tctatggact tcaagagcaa cagtgctgtg gcctggagca acaaatctga 7020

ctttgcatgt gcaaacgcct tcaacaacag cattattcca gaagacacct tcttccccag 7080

cccagaaagt tcctgtgatg tcaagctggt cgagaaaagc tttgaaacag atacgaacct 7140

aaactttcaa aacctgtcag tgattgggtt ccgaatcctc ctcctgaaag tggccgggtt 7200

taatctgctc atgacgctgc ggctgtggtc cagctgataa gatatcgagc atcttaccgc 7260

catttatacc catatttgtt ctgtttttct tgatttgggt atacatttaa atgttaataa 7320

aacaaaatgg tggggcaatc atttacattt ttagggatat gtaattacta gttcaggtgt 7380

attgccacaa gacaaacatg ttaagaaact ttcccgttat ttacgctctg ttcctgttaa 7440

tcaacctctg gattacaaaa tttgtgaaag attgactgat attcttaact atgttgctcc 7500

ttttacgctg tgtggatatg ctgctttata gcctctgtat ctagctattg cttcccgtac 7560

ggctttcgtt ttctcctcct tgtataaatc ctggttgctg tctcttttag aggagttgtg 7620

gcccgttgtc cgtcaacgtg gcgtggtgtg ctctgtgttt gctgacgcaa cccccactgg 7680

ctggggcatt gccaccacct gtcaactcct ttctgggact ttcgctttcc ccctcccgat 7740

cgccacggca gaactcatcg ccgcctgcct tgcccgctgc tggacagggg ctaggttgct 7800

gggcactgat aattccgtgg tgttgtcagt actggtacct ttaagaccaa tgacttacaa 7860

ggcagctgta gatcttagcc acttttaaa agaaaagggg ggactggaag ggctaattca 7920

ctcccaaaga agacaagatc tgcttttgc ctgtactggg tctctctggt tagaccagat 7980

ctgagcctgg gagctctctg gctaactagg gaacccactg cttaagcctc aataaagctt 8040

gccttgagtg cttcaatgat cataatcaag ccatatcaca tctgtagagg tttacttgct 8100

ttaaaaaacc tccacacctc cccctgaacc tgaaacataa aatgaatgca attgttgttg 8160

ttaacttgtt tattgcagct tataatggtt acaaataaag caatagcatc acaaatttca 8220

caaataaagc attttttca ctgcattcta gttgtggttt gtccaaactc atcaatgtat 8280

cttatcatgt ctggatctgc gtcgacacga agagacgact gactgactga ctggaaagag 8340

gaagggctgg aagaggaagg agcttgatcc agatcccgat ctcgatccag atccggatcg 8400

cagcttggcg taatcatggt catagctgtt tcctgtgtga aattgttatc cgctcacaat 8460

tccacacaac atacgagccg gaagcataaa gtgtaaagcc tggggtgcct aatgagtgag 8520

ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact gcccgctttc cagtcgggaa acctgtcgtg 8580

ccagctgcat taatgaatcg gccaacgcgc ggggagaggc ggtttgcgta ttgggcgctc 8640

ttccgcttcc tcgctcactg actcgctgcg ctcggtcgtt cggctgcggc gagcggtatc 8700

agctcactca aaggcggtaa tacggttatc cacagaatca ggggataacg caggaaagaa 8760

catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag gaaccgtaaa aaggccgcgt tgctggcgtt 8820

tttccatagg ctccgccccc ctgacgagca tcacaaaaat cgacgctcaa gtcagaggtg 8880

gcgaaacccg acaggactat aaagatacca ggcgtttccc cctggaagct ccctcgtgcg 8940

ctctcctgtt ccgaccctgc cgcttaccgg atacctgtcc gcctttctcc cttcgggaag 9000

cgtggcgctt tctcatagct cacgctgtag gtatctcagt tcggtgtagg tcgttcgctc 9060

caagctgggc tgtgtgcacg aaccccccgt tcagcccgac cgctgcgcct tatccggtaa 9120

ctatcgtctt gagtccaacc cggtaagaca cgacttatcg ccactggcag cagccactgg 9180

taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg cggtgctaca gagttcttga agtggtggcc 9240

taactacggc tacactagaa gaacagtatt tggtatctgc gctctgctga agccagttac 9300

cttcggaaaa agagttggta gctcttgatc cggcaaacaa accaccgctg gtagcggtgg 9360

ttttttgtt tgcaagcagc agattacgcg cagaaaaaaa ggatctcaag aagatccttt 9420

gatcttttct acggggtctg acgctcagtg gaacgaaaac tcacgttaag ggattttggt 9480

catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta gatcctttta aattaaaaat gaagttttaa 9540

atcaatctaa agtat 9555

<210> 178

<211> 9384

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 178

tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 60

atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata 120

cgggagggct taccatctgg ccccagtgct gcaatgatac cgcagcttgg gaaaccataa 180

gagctgaagc cagttacctt cggaaaaaga gttggtagct cttgatccgg caaacaaacc 240

accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga 300

tctcaagaag atcctttgat cttttctacg gggtctgacg ctcagtggaa cgaaaactca 360

cgttaaggga ttttggtcat gagcttgcgc cgtcccgtca agtcagcgta atgctctgcc 420

agtgttacaa ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact 480

gcaatttatt cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg 540

aaggagaaaa ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga 600

ttccgactcg tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat 660

caagtgagaa atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca 720

tttctttcca gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat 780

caaccaaacc gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt 840

taaaaggaca attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat 900

caacaatatt ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg 960

ggatcgcagt ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg 1020

gaagaggcat aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg 1080

caacgctacc tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc 1140

gatagattgt cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat 1200

cagcatccat gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa 1260

cacccttgt attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt 1320

tatcttgtgc aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc 1380

catgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc 1440

gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac 1500

tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca 1560

cccaaatcaa gtttttgggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg 1620

agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag 1680

aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc 1740

accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta 1800

tgcggtgtga aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc 1860

cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc 1920

agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc 1980

agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga 2040

tccagatcga attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg 2100

tctcaacctc ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg 2160

tcattagttc atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg 2220

cctggctgac cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata 2280

gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc 2340

cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac 2400

ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg 2460

cagtacatct acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc 2520

aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc 2580

aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc 2640

gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct 2700

cgtttagtga accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta 2760

actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg 2820

tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg 2880

gaaaatctct agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag 2940

atctctcgac gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga 3000

ctggtgagta cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag 3060

agcgtcggta ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg 3120

gggaaagaaa caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt 3180

cgcagttaat cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct 3240

acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt 3300

cctctattgt gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat 3360

agaggaagag caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg 3420

aggcaggagg cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa 3480

aaattgaacc attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa 3540

aaagagcagt gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta 3600

tgggcgcagc gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc 3660

agcagcagaa caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag 3720

tctggggcat caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc 3780

aacagctcct ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt 3840

ggaatgctag ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg 3900

agtgggacag agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc 3960

aaaaccagca agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt 4020

ggaattggtt taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag 4080

gaggcttggt aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc 4140

agggatattc accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac 4200

aaatggcagt attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag 4260
gggaaagaat agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa 4320
ttacaaaaat tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag 4380
ctgagcatcc ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga 4440
gaagttgggg ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa 4500
ctgggaaagt gatgtcgtgt actggctccg ccttttccc gagggtgggg gagaaccgta 4560
tataagtgca gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca 4620

ggtaagtgcc gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt 4680
gccttgaatt acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg 4740
ttggaagtgg gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt 4800
gagttgaggc ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg 4860
cctgtctcgc tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga 4920
cgctttttttt ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt 4980
cggtttttgg ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga 5040

ggcggggcct gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc 5100
ctgctctggt gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg 5160
cccggtcggc accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga 5220
gctcaaaatg gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga 5280
aaagggcctt tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt 5340
ccaggcacct cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg 5400
ggttttatgc gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt 5460

ggcacttgat gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc 5520
tcaagcctca gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac 5580
ccctctagag ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca 5640
cacccagcat tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct 5700
gcctctctgg gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat 5760
ttaaattggt atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca 5820
agattacact caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct 5880

ctcaccatta gcaacctgga gcaagaagat attgccactt acttttgcca acagggtaat 5940

acgcttccgt acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggctc cacctctgga 6000

tccggcaagc ccggatctgg cgagggatcc accaagggcg aggtgaaact gcaggagtca 6060

ggacctggcc tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca catgcactgt ctcaggggtc 6120

tcattacccg actatggtgt aagctggatt cgccagcctc cacgaaaggg tctggagtgg 6180

ctgggagtaa tatggggtag tgaaaccaca tactataatt cagctctcaa atccagactg 6240

accatcatca aggacaactc caagagccaa gttttcttaa aaatgaacag tctgcaaact 6300

gatgacacag ccatttacta ctgtgccaaa cattattact acggtggtag ctatgctatg 6360

gactactggg gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag cggccgcagg tggaggaggt 6420

tctggaggtg gtggatcagg tggtggagga tctctagaag aaaagaaaga ccaacgaatt 6480

gctgttacat tgaacaagac agccaaacat ttctccctgc acatcacaga gacccaacct 6540

gaagactcgg ctgtctactt ctgtgcagca agtaggaagg actctggggg ttaccagaaa 6600

gttacctttg gaactggaac aaagctccaa gtcatcccaa atatccagaa ccctgaccct 6660

gccgtgtacc agctgagaga ctctaaatcc agtgacaagt ctgtctgcct attcaccgat 6720

tttgattctc aaacaaatgt gtcacaaagt aaggattctg atgtgtatat cacagacaaa 6780

actgtgctag acatgaggtc tatggacttc aagagcaaca gtgctgtggc ctggagcaac 6840

aaatctgact ttgcatgtgc aaacgccttc aacaacagca ttattccaga agacaccttc 6900

ttccccagcc cagaaagttc ctgtgatgtc aagctggtcg agaaaagctt tgaaacagat 6960

acgaacctaa actttcaaaa cctgtcagtg attgggttcc gaatcctcct cctgaaagtg 7020

gccgggttta atctgctcat gacgctgcgg ctgtggtcca gctgataaga tatcgagcat 7080

cttaccgcca tttataccca tatttgttct gtttttcttg atttgggtat acatttaaat 7140

gttaataaaa caaaatggtg gggcaatcat ttacattttt agggatatgt aattactagt 7200

tcaggtgtat tgccacaaga caaacatgtt aagaaacttt cccgttattt acgctctgtt 7260

cctgttaatc aacctctgga ttacaaaatt tgtgaaagat tgactgatat tcttaactat 7320

gttgctcctt ttacgctgtg tggatatgct gctttatagc ctctgtatct agctattgct 7380

tcccgtacgg ctttcgtttt ctcctccttg tataaatcct ggttgctgtc tcttttagag 7440

gagttgtggc ccgttgtccg tcaacgtggc gtggtgtgct ctgtgtttgc tgacgcaacc 7500

cccactggct ggggcattgc caccacctgt caactccttt ctgggacttt cgctttcccc 7560

ctcccgatcg ccacggcaga actcatcgcc gcctgccttg cccgctgctg gacaggggct 7620

aggttgctgg gcactgataa ttccgtggtg ttgtcagtac tggtaccttt aagaccaatg 7680

acttacaagg cagctgtaga tcttagccac tttttaaaag aaaaggggggg actggaaggg 7740

ctaattcact cccaaagaag acaagatctg ctttttgcct gtactgggtc tctctggtta 7800

gaccagatct gagcctggga gctctctggc taactaggga acccactgct taagcctcaa 7860

taaagcttgc cttgagtgct tcaatgatca taatcaagcc atatcacatc tgtagaggtt 7920

tacttgcttt aaaaaacctc cacacctccc cctgaacctg aaacataaaa tgaatgcaat 7980

tgttgttgtt aacttgttta ttgcagctta taatggttac aaataaagca atagcatcac 8040

aaatttcaca aataaagcat ttttttcact gcattctagt tgtggtttgt ccaaactcat 8100

caatgtatct tatcatgtct ggatctgcgt cgacacgaag agacgactga ctgactgact 8160

ggaaagagga agggctggaa gaggaaggag cttgatccag atcccgatct cgatccagat 8220

ccggatcgca gcttggcgta atcatggtca tagctgtttc ctgtgtgaaa ttgttatccg 8280

ctcacaattc cacacaacat acgagccgga agcataaagt gtaaagcctg gggtgcctaa 8340

tgagtgagct aactcacatt aattgcgttg cgctcactgc ccgctttcca gtcgggaaac 8400

ctgtcgtgcc agctgcatta atgaatcggc caacgcgcgg ggagaggcgg tttgcgtatt 8460

gggcgctctt ccgcttcctc gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga 8520

gcggtatcag ctcactcaaa ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca 8580

ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg 8640

ctggcgtttt tccataggct ccgccccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt 8700

cagaggtggc gaaacccgac aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc 8760

ctcgtgcgct ctcctgttcc gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct 8820

tcgggaagcg tggcgctttc tcatagctca cgctgtaggt atctcagttc ggtgtaggtc 8880

gttcgctcca agctgggctg tgtgcacgaa ccccccgttc agcccgaccg ctgcgcctta 8940

tccggtaact atcgtcttga gtccaacccg gtaagacacg acttatcgcc actggcagca 9000

gccactggta acaggattag cagagcgagg tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag 9060

tggtggccta actacggcta cactagaaga acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag 9120

ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac caccgctggt 9180

agcggtggtt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaaagg atctcaagaa 9240

gatcctttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtgga acgaaaactc acgttaaggg 9300

attttggtca tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tccttttaaa ttaaaaatga 9360

agttttaaat caatctaaag tata 9384

<210> 179

<211> 9252

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 179

atatgagtaa acttggtctg acagttacca atgcttaatc agtgaggcac ctatctcagc 60

gatctgtcta tttcgttcat ccatagttgc ctgactcccc gtcgtgtaga taactacgat 120

acgggagggc ttaccatctg gccccagtgc tgcaatgata ccgcagcttg ggaaaccata 180

agagctgaag ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac 240

caccgctggt agcggtggtt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaaagg 300

atctcaagaa gatcctttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtgga acgaaaactc 360

acgttaaggg attttggtca tgagcttgcg ccgtcccgtc aagtcagcgt aatgctctgc 420

cagtgttaca accaattaac caattctgat tagaaaaact catcgagcat caaatgaaac 480

tgcaatttat tcacatcagg attatcaata ccatattttt gaaaaagccg tttctgtaat 540

gaaggagaaa actcaccgag gcagttccat aggatggcaa gatcctggta tcggtctgcg 600

attccgactc gtccaacatc aatacaacct attaatttcc cctcgtcaaa aataaggtta 660

tcaagtgaga aatcaccatg agtgacgact gaatccggtg agaatggcaa aagtttatgc 720

atttctttcc agacttgttc aacaggccag ccattacgct cgtcatcaaa atcactcgca 780

tcaaccaaac cgttattcat tcgtgattgc gcctgagcaa gacgaaatac gcgatcgctg 840

ttaaaaggac aattacaaac aggaatcgaa tgcaaccggc gcaggaacac tgccagcgca 900

tcaacaatat tttcacctga atcaggatat tcttctaata cctggaatgc tgtttttccg 960

gggatcgcag tggtgagtaa ccatgcatca tcaggagtac ggataaaatg cttgatggtc 1020

ggaagaggca taaattccgt cagccagttt agtctgacca tctcatctgt aacatcattg 1080

gcaacgctac ctttgccatg tttcagaaac aactctggcg catcgggctt cccatacaag 1140

cgatagattg tcgcacctga ttgcccgaca ttatcgcgag cccatttata cccatataaa 1200

tcagcatcca tgttggaatt taatcgcggc ctcgacgttt cccgttgaat atggctcata 1260

acacccccttg tattactgtt tatgtaagca gacagtttta ttgttcatga tgatatattt 1320

ttatcttgtg caatgtaaca tcagagattt tgagacacaa cgtggctttc ccccccccc 1380

ccatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc agcttgggaa accataagac 1440

cgagatagag ttgagtgttg ttccagtttg gaacaagagt ccactattaa agaacgtgga 1500

ctccaacgtc aaagggcgaa aaaccgtcta tcagggcgat ggcccactac gtgaaccatc 1560

acccaaatca agtttttttgg ggtcgaggtg ccgtaaagca ctaaatcgga accctaaagg 1620

gagcccccga tttagagctt gacggggaaa gccggcgaac gtggcgagaa aggaagggaa 1680

gaaagcgaaa ggagcgggcg ctaaggcgct ggcaagtgta gcggtcacgc tgcgcgtaac 1740

caccacaccc gccgcgctta atgcgccgct acagggcgcg tactatggtt gctttgacgt 1800

atgcggtgtg aaataccgca cagatgcgta aggagaaaat accgcatcag gcgccattcg 1860

ccattcaggc tgcgcaactg ttgggaaggg cgatcggtgc gggcctcttc gctattacgc 1920

cagctggcga aaggggggatg tgctgcaagg cgattaagtt gggtaacgcc agggttttcc 1980

cagtcacgac gttgtaaaac gacggccagt gaattgatcg agatcgtgat ccggatcaag 2040

atccagatcg aattggaggc tacagtcagt ggagaggact ttcactgact gactgactgc 2100

gtctcaacct cctaggggac attgattatt gactagttat taatagtaat caattacggg 2160

gtcattagtt catagcccat atatggagtt ccgcgttaca taacttacgg taaatggccc 2220

gcctggctga ccgcccaacg acccccgccc attgacgtca ataatgacgt atgttcccat 2280

agtaacgcca atagggactt tccattgacg tcaatgggtg gagtatttac ggtaaactgc 2340

ccacttggca gtacatcaag tgtatcatat gccaagtacg ccccctattg acgtcaatga 2400

cggtaaatgg cccgcctggc attatgccca gtacatgacc ttatgggact ttcctacttg 2460

gcagtacatc tacgtattag tcatcgctat taccatggtg atgcggtttt ggcagtacat 2520

caatgggcgt ggatagcggt ttgactcacg gggatttcca agtctccacc ccattgacgt 2580

caatgggagt ttgttttggc accaaaatca acgggacttt ccaaaatgtc gtaacaactc 2640

cgccccattg acgcaaatgg gcggtaggcg tgtacggtgg gaggtctata taagcagagc 2700

tcgtttagtg aaccgggtct ctctggttag accagatctg agcctgggag ctctctggct 2760

aactagggaa cccactgctt aagcctcaat aaagcttgcc ttgagtgctc aaagtagtgt 2820

gtgcccgtct gttgtgtgac tctggtaact agagatccct cagacccttt tagtcagtgt 2880

ggaaaatctc tagcagtggc gcccgaacag ggacttgaaa gcgaaagtaa agccagagga 2940

gatctctcga cgcaggactc ggcttgctga agcgcgcacg gcaagaggcg aggggcggcg 3000

actggtgagt acgccaaaaa ttttgactag cggaggctag aaggagagag tagggtgcga 3060

gagcgtcggt attaagcggg ggagaattag ataaatggga aaaaattcgg ttaaggccag 3120

ggggaaagaa acaatataaa ctaaaacata tagttagggc aagcagggag ctagaacgat 3180

tcgcagttaa tcctggcctt ttagagacat cagaaggctg tagacaaata ctgggacagc 3240

tacaaccatc ccttcagaca ggatcagaag aacttagatc attatataat acaatagcag 3300

tcctctattg tgtgcatcaa aggatagatg taaaagacac caaggaagcc ttagataaga 3360

tagaggaaga gcaaaacaaa agtaagaaaa aggcacagca agcgatcttc agacctggag 3420

gaggcaggag gcgatatgag ggacaattgg agaagtgaat tatataaata taaagtagta 3480

aaaattgaac cattaggagt agcacccacc aaggcaaaga gaagagtggt gcagagagaa 3540
aaaagagcag tgggaatagg agctttgttc cttgggttct tgggagcagc aggaagcact 3600
atgggcgcag cgtcaatgac gctgacggta caggccagac aattattgtc tgatatagtg 3660
cagcagcaga acaatttgct gagggctatt gaggcgcaac agcatctgtt gcaactcaca 3720
gtctggggca tcaaacagct ccaggcaaga atcctggctg tggaaagata cctaaaggat 3780
caacagctcc tggggatttg gggttgctct ggaaaactca tttgcaccac tgctgtgcct 3840
tggaatgcta gttggagtaa taaatctctg gaacagattt ggaataacat gacctggatg 3900

gagtgggaca gagaaattaa caattacaca agcttaatac actccttaat tgaagaatcg 3960
caaaaccagc aagaaaagaa tgaacaagaa ttattggaat tagataaatg ggcaagtttg 4020
tggaattggt ttaacataac aaattggctg tggtatataa aattattcat aatgatagta 4080
ggaggcttgg taggtttaag aatagttttt gctgtacttt ctatagtgaa tagagttagg 4140
cagggatatt caccattatc gtttcagacc cacctcccaa tcccgagggg accacgcgta 4200
caaatggcag tattcatcca caattttaaa agaaaagggg ggattggggg gtacagtgca 4260
ggggaaagaa tagtagacat aatagcaaca gacatacaaa ctaaagaatt acaaaaacaa 4320

attacaaaaa ttcaaaattt tcgggtttat tacagggaca gcagaaatcc actttggaaa 4380
gctgagcatc cggctccggt gcccgtcagt gggcagagcg cacatcgccc acagtccccg 4440
agaagttggg gggaggggtc ggcaattgaa ccggtgccta gagaaggtgg cgcggggtaa 4500
actgggaaag tgatgtcgtg tactggctcc gccttttcc cgagggtggg ggagaaccgt 4560
atataagtgc agtagtcgcc gtgaacgttc tttttcgcaa cgggtttgcc gccagaacac 4620
aggtaagtgc cgtgtgtggt tcccgcgggc ctggcctctt tacgggttat ggcccttgcg 4680
tgccttgaat tacttccacg cccctggctg cagtacgtga ttcttgatcc cgagcttcgg 4740

gttggaagtg ggtgggagag ttcgaggcct tgcgcttaag gagccccttc gcctcgtgct 4800
tgagttgagg cctggcctgg gcgctggggc cgccgcgtgc gaatctggtg gcaccttcgc 4860
gcctgtctcg ctgctttcga taagtctcta gccatttaaa atttttgatg acctgctgcg 4920
acgcttttt tctggcaaga tagtcttgta aatgcgggcc aagatctgca cactggtatt 4980
tcggtttttg gggccgcggg cggcgacggg gcccgtgcgt cccagcgcac atgttcggcg 5040
aggcggggcc tgcgagcgcg gccaccgaga atcggacggg ggtagtctca agctggccgg 5100
cctgctctgg tgcctggcct cgcgccgccg tgtatcgccc cgccctgggc ggcaaggctg 5160

gcccggtcgg caccagttgc gtgagcggaa agatggccgc ttcccggccc tgctgcaggg 5220

agctcaaaat ggaggacgcg gcgctcggga gagcgggcgg gtgagtcacc cacacaaagg 5280

aaaagggcct ttccgtcctc agccgtcgct tcatgtgact ccacggagta ccgggcgccg 5340

tccaggcacc tcgattagtt ctcgagcttt tggagtacgt cgtctttagg ttgggggggag 5400

gggttttatg cgatggagtt tccccacact gagtgggtgg agactgaagt taggccagct 5460

tggcacttga tgtaattctc cttggaattt gccctttttg agtttggatc ttggttcatt 5520

ctcaagcctc agacagtggt tcaaagtttt tttcttccat ttcaggtgtc gtgaaaacta 5580

cccctctaga gccgccacca tgcttctcct ggtgacaagc cttctgctct gtgagttacc 5640

acacccagca ttcctcctga tcccagacat ccagatgaca cagactacat cctccctgtc 5700

tgcctctctg ggagacagag tcaccatcag ttgcagggca agtcaggaca ttagtaaata 5760

tttaaattgg tatcagcaga aaccagatgg aactgttaaa ctcctgatct accatacatc 5820

aagattacac tcaggagtcc catcaaggtt cagtggcagt gggtctggaa cagattattc 5880

tctcaccatt agcaacctgg agcaagaaga tattgccact tacttttgcc aacagggtaa 5940

tacgcttccg tacacgttcg gaggggggac taagttggaa ataacaggct ccacctctgg 6000

atccggcaag cccggatctg gcgagggatc caccaagggc gaggtgaaac tgcaggagtc 6060

aggacctggc ctggtggcgc cctcacagag cctgtccgtc acatgcactg tctcaggggt 6120

ctcattaccc gactatggtg taagctggat tcgccagcct ccacgaaagg gtctggagtg 6180

gctgggagta atatggggta gtgaaaccac atactataat tcagctctca aatccagact 6240

gaccatcatc aaggacaact ccaagagcca agttttctta aaaatgaaca gtctgcaaac 6300

tgatgacaca gccatttact actgtgccaa acattattac tacggtggta gctatgctat 6360

ggactactgg ggtcaaggaa cctcagtcac cgtctcctca gcggccgcag gtggaggagg 6420

ttctggaggt ggtggatcag gtggtggagg atctctagaa taccagaaag ttacctttgg 6480

aactggaaca aagctccaag tcatcccaaa tatccagaac cctgaccctg ccgtgtacca 6540

gctgagagac tctaaatcca gtgacaagtc tgtctgccta ttcaccgatt ttgattctca 6600

aacaaatgtg tcacaaagta aggattctga tgtgtatatc acagacaaaa ctgtgctaga 6660

catgaggtct atggacttca agagcaacag tgctgtggcc tggagcaaca aatctgactt 6720

tgcatgtgca aacgccttca acaacagcat tattccagaa gacaccttct tccccagccc 6780

agaaagttcc tgtgatgtca agctggtcga gaaaagcttt gaaacagata cgaacctaaa 6840

ctttcaaaac ctgtcagtga ttgggttccg aatcctcctc ctgaaagtgg ccgggtttaa 6900

tctgctcatg acgctgcggc tgtggtccag ctgataagat atcgagcatc ttaccgccat 6960

ttatacccat atttgttctg tttttcttga tttgggtata catttaaatg ttaataaaac 7020

aaaatggtgg ggcaatcatt tacattttta gggatatgta attactagtt caggtgtatt 7080

gccacaagac aaacatgtta agaaactttc ccgttattta cgctctgttc ctgttaatca 7140

acctctggat tacaaaattt gtgaaagatt gactgatatt cttaactatg ttgctccttt 7200

tacgctgtgt ggatatgctg ctttatagcc tctgtatcta gctattgctt cccgtacggc 7260

tttcgttttc tcctccttgt ataaatcctg gttgctgtct cttttagagg agttgtggcc 7320

cgttgtccgt caacgtggcg tggtgtgctc tgtgtttgct gacgcaaccc ccactggctg 7380

gggcattgcc accacctgtc aactcctttc tgggactttc gctttccccc tcccgatcgc 7440

cacggcagaa ctcatcgccg cctgccttgc ccgctgctgg acaggggcta ggttgctggg 7500

cactgataat tccgtggtgt tgtcagtact ggtaccttta agaccaatga cttacaaggc 7560

agctgtagat cttagccact ttttaaaaga aaaggggga ctggaagggc taattcactc 7620

ccaaagaaga caagatctgc tttttgcctg tactgggtct ctctggttag accagatctg 7680

agcctgggag ctctctggct aactagggaa cccactgctt aagcctcaat aaagcttgcc 7740

ttgagtgctt caatgatcat aatcaagcca tatcacatct gtagaggttt acttgcttta 7800

aaaaacctcc acacctcccc ctgaacctga aacataaaat gaatgcaatt gttgttgtta 7860

acttgtttat tgcagcttat aatggttaca aataaagcaa tagcatcaca aatttcacaa 7920

ataaagcatt tttttcactg cattctagtt gtggtttgtc caaactcatc aatgtatctt 7980

atcatgtctg gatctgcgtc gacacgaaga gacgactgac tgactgactg gaaagaggaa 8040

gggctggaag aggaaggagc ttgatccaga tcccgatctc gatccagatc cggatcgcag 8100

cttggcgtaa tcatggtcat agctgtttcc tgtgtgaaat tgttatccgc tcacaattcc 8160

acacaacata cgagccggaa gcataaagtg taaagcctgg ggtgcctaat gagtgagcta 8220

actcacatta attgcgttgc gctcactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgtcgtgcca 8280

gctgcattaa tgaatcggcc aacgcgcggg gagaggcggt ttgcgtattg ggcgctcttc 8340

cgcttcctcg ctcactgact cgctgcgctc ggtcgttcgg ctgcggcgag cggtatcagc 8400

tcactcaaag gcggtaatac ggttatccac agaatcaggg gataacgcag gaaagaacat 8460

gtgagcaaaa ggccagcaaa aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcgttttt 8520

ccataggctc cgccccccctg acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agaggtggcg 8580

aaacccgaca ggactataaa gataccaggc gtttcccccct ggaagctccc tcgtgcgctc 8640

tcctgttccg accctgccgc ttaccggata cctgtccgcc tttctccctt cgggaagcgt 8700

ggcgctttct catagctcac gctgtaggta tctcagttcg gtgtaggtcg ttcgctccaa 8760

gctgggctgt gtgcacgaac cccccgttca gcccgaccgc tgcgccttat ccggtaacta 8820

tcgtcttgag tccaacccgg taagacacga cttatcgcca ctggcagcag ccactggtaa 8880

caggattagc agagcgaggt atgtaggcgg tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa 8940

ctacggctac actagaagaa cagtatttgg tatctgcgct ctgctgaagc cagttacctt 9000

cggaaaaaga gttggtagct cttgatccgg caaacaaacc accgctggta gcggtggttt 9060

ttttgtttgc aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga tctcaagaag atcctttgat 9120

cttttctacg gggtctgacg ctcagtggaa cgaaaactca cgttaaggga ttttggtcat 9180

gagattatca aaaaggatct tcacctagat ccttttaaat taaaaatgaa gttttaaatc 9240

aatctaaagt at 9252

<210> 180

<211> 9575

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 180

aaagctgagc atccggctcc ggtgcccgtc agtgggcaga gcgcacatcg cccacagtcc 60

ccgagaagtt ggggggaggg gtcggcaatt gaaccggtgc ctagagaagg tggcgcgggg 120

taaactggga aagtgatgtc gtgtactggc tccgcctttt tcccgagggt gggggagaac 180

cgtatataag tgcagtagtc gccgtgaacg ttctttttcg caacgggttt gccgccagaa 240

cacaggtaag tgccgtgtgt ggttcccgcg ggcctggcct ctttacgggt tatggccctt 300

gcgtgccttg aattacttcc acgcccctgg ctgcagtacg tgattcttga tcccgagctt 360

cgggttggaa gtgggtggga gagttcgagg ccttgcgctt aaggagcccc ttcgcctcgt 420

gcttgagttg aggcctggcc tgggcgctgg ggccgccgcg tgcgaatctg gtggcacctt 480

cgcgcctgtc tcgctgcttt cgataagtct ctagccattt aaaatttttg atgacctgct 540

gcgacgcttt ttttctggca agatagtctt gtaaatgcgg gccaagatct gcacactggt 600

atttcggttt ttggggccgc gggcggcgac ggggcccgtg cgtcccagcg cacatgttcg 660

gcgaggcggg gcctgcgagc gcggccaccg agaatcggac gggggtagtc tcaagctggc 720

cggcctgctc tggtgcctgg cctcgcgccg ccgtgtatcg ccccgccctg ggcggcaagg 780

ctggcccggt cggcaccagt tgcgtgagcg gaaagatggc cgcttcccgg ccctgctgca 840

gggagctcaa aatggaggac gcggcgctcg ggagagcggg cgggtgagtc acccacacaa 900

aggaaaaggg cctttccgtc ctcagccgtc gcttcatgtg actccacgga gtaccgggcg 960

ccgtccaggc acctcgatta gttctcgagc ttttggagta cgtcgtcttt aggttggggg 1020

gaggggtttt atgcgatgga gtttccccac actgagtggg tggagactga agttaggcca 1080

gcttggcact tgatgtaatt ctccttggaa tttgcccttt ttgagtttgg atcttggttc 1140

attctcaagc ctcagacagt ggttcaaagt ttttttcttc catttcaggt gtcgtgaaaa 1200

ctacccctct agagccgcca ccatgcttct cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt 1260

accacaccca gcattcctcc tgatcccaga catccagatg acacagacta catcctccct 1320

gtctgcctct ctgggagaca gagtcaccat cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa 1380

atatttaaat tggtatcagc agaaaccaga tggaactgtt aaactcctga tctaccatac 1440

atcaagatta cactcaggag tcccatcaag gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta 1500

ttctctcacc attagcaacc tggagcaaga agatattgcc acttactttt gccaacaggg 1560

taatacgctt ccgtacacgt tcggaggggg gactaagttg gaaataacag gctccacctc 1620

tggatccggc aagcccggat ctggcgaggg atccaccaag ggcgaggtga aactgcagga 1680

gtcaggacct ggcctggtgg cgccctcaca gagcctgtcc gtcacatgca ctgtctcagg 1740

ggtctcatta cccgactatg gtgtaagctg gattcgccag cctccacgaa agggtctgga 1800

gtggctggga gtaatatggg gtagtgaaac cacatactat aattcagctc tcaaatccag 1860

actgaccatc atcaaggaca actccaagag ccaagttttc ttaaaaatga acagtctgca 1920

aactgatgac acagccattt actactgtgc caaacattat tactacggtg gtagctatgc 1980

tatggactac tggggtcaag gaacctcagt caccgtctcc tcagcggccg caggtggagg 2040

aggttctgga ggtggaggtt caggtggagg tggttcactc gagctgggag caggcccagt 2100

ggattctgga gtcacacaaa ccccaaagca cctgatcaca gcaactggac agcgagtgac 2160

gctgagatgc tcccctaggt ctggagacct ctctgtgtca tggtaccaac agagcctgga 2220

ccagggcctc cagttcctca ttcagtatta taatggagaa gagagagcaa aaggaaacat 2280

tcttgaacga ttctccgcac aacagttccc tgacttgcac tctgaactaa acctgagctc 2340

tctggagctg ggggactcag ctttgtattt ctgtgccagc agcccccgga caggcctgaa 2400

cactgaagct ttctttggac aaggcaccag actcacagtt gtagaggacc tgaacaaggt 2460

gttcccaccc gaggtcgctg tgtttgagcc atcagaagca gagatctccc acacccaaaa 2520

ggccacgcta gtatgtctag ctacaggctt cttccccgac cacgtggagc tgagctggtg 2580

ggtgaatggg aaggaggtgc acagtggggt cagcacggac ccgcagcccc tcaaggagca 2640

gcccgccctc aatgactcca gatactgcct gagcagccgc ctgagggtct cggccacctt 2700

ctggcagaac ccccgcaacc acttccgctg tcaagtccag ttctacgggc tctcggagaa 2760

tgacgagtgg acccaggata gggccaaacc cgtcacccag atcgtcagcg ccgaggcctg 2820

gggtagagca gactgtggct ttacctcggt gtcctaccag caaggggtcc tgtctgccac 2880

catcctctat gagatcctgc tagggaaggc caccctgtat gctgtgctgg tcagcgccct 2940
tgtgttgatg gccatggtca agagaaagga tttctgataa gatatcgagc atcttaccgc 3000
catttatacc catatttgtt ctgtttttct tgatttgggt atacatttaa atgttaataa 3060
aacaaaatgg tggggcaatc atttacattt ttagggatat gtaattacta gttcaggtgt 3120
attgccacaa gacaaacatg ttaagaaact ttcccgttat ttacgctctg ttcctgttaa 3180
tcaacctctg gattacaaaa tttgtgaaag attgactgat attcttaact atgttgctcc 3240
ttttacgctg tgtggatatg ctgctttata gcctctgtat ctagctattg cttcccgtac 3300

ggctttcgtt ttctcctcct tgtataaatc ctggttgctg tctcttttag aggagttgtg 3360
gcccgttgtc cgtcaacgtg gcgtggtgtg ctctgtgttt gctgacgcaa cccccactgg 3420
ctggggcatt gccaccacct gtcaactcct ttctgggact ttcgctttcc ccctcccgat 3480
cgccacggca gaactcatcg ccgcctgcct tgcccgctgc tggacagggg ctaggttgct 3540
gggcactgat aattccgtgg tgttgtcagt actggtacct ttaagaccaa tgacttacaa 3600
ggcagctgta gatcttagcc acttttaaa agaaaagggg ggactggaag ggctaattca 3660
ctcccaaaga agacaagatc tgctttttgc ctgtactggg tctctctggt tagaccagat 3720

ctgagcctgg gagctctctg gctaactagg gaacccactg cttaagcctc aataaagctt 3780
gccttgagtg cttcaatgat cataatcaag ccatatcaca tctgtagagg tttacttgct 3840
ttaaaaaacc tccacacctc cccctgaacc tgaaacataa aatgaatgca attgttgttg 3900
ttaacttgtt tattgcagct tataatggtt acaaataaag caatagcatc acaaatttca 3960
caaataaagc attttttttca ctgcattcta gttgtggttt gtccaaactc atcaatgtat 4020
cttatcatgt ctggatctgc gtcgacacga agagacgact gactgactga ctggaaagag 4080
gaagggctgg aagaggaagg agcttgatcc agatcccgat ctcgatccag atccggatcg 4140

cagcttggcg taatcatggt catagctgtt tcctgtgtga aattgttatc cgctcacaat 4200
tccacacaac atacgagccg gaagcataaa gtgtaaagcc tggggtgcct aatgagtgag 4260
ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact gcccgctttc cagtcgggaa acctgtcgtg 4320
ccagctgcat taatgaatcg gccaacgcgc ggggagaggc ggtttgcgta ttgggcgctc 4380
ttccgcttcc tcgctcactg actcgctgcg ctcggtcgtt cggctgcggc gagcggtatc 4440
agctcactca aaggcggtaa tacggttatc cacagaatca ggggataacg caggaaagaa 4500
catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag gaaccgtaaa aaggccgcgt tgctggcgtt 4560

tttccatagg ctccgccccc ctgacgagca tcacaaaaat cgacgctcaa gtcagaggtg 4620

gcgaaacccg acaggactat aaagatacca ggcgtttccc cctggaagct ccctcgtgcg 4680

ctctcctgtt ccgaccctgc cgcttaccgg atacctgtcc gcctttctcc cttcgggaag 4740

cgtggcgctt tctcatagct cacgctgtag gtatctcagt tcggtgtagg tcgttcgctc 4800

caagctgggc tgtgtgcacg aacccccccg gtaagacacg acttatcgcc actggcagca 4860

gccactggta acaggattag cagagcgagg tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag 4920

tggtggccta actacggcta cactagaaga acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag 4980

ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac caccgctggt 5040

agcggtggtt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaaagg atctcaagaa 5100

gatcctttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtgga acgaaaactc acgttaaggg 5160

attttggtca tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tccttttaaa ttaaaaatga 5220

agttttaaat caatctaaag tatatatgag taaacttggt ctgacagtta ccaatgctta 5280

atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt ctatttcgtt catccatagt tgcctgactc 5340

cccgtcgttg ctaggttact gtcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata 5400

aacaaaagag tttgtagaaa cgcaaaaagg ccatccgtca ggatggcctt ctgcttaatt 5460

tgatcggtgg cagtttatgg cgggcgtcct gcccgccacc ctccgggccg ttgcttcgca 5520

acgttcaaat ccgctcccgg cggatttgtc ctactcagga gagcgttcac cgacaaacaa 5580

cagataaaac gaaaggccca gtctttcgac tgagcctttc gttttatttg atgcctggca 5640

gttccctact ctcgcatggg ttgcggccgc ccgggccgtc gaccaattct catgtttgac 5700

agcttatcat cgaatttctg ccattcatcc gcttattatc acttattcag gcgtagcaac 5760

caggcgttta agggcaccaa taactgcctt aaaaaaatta cgccccgccc tgccactcat 5820

cgcagtactg ttgtaattca ttaagcattc tgccgacatg gaagccatca caaacggcat 5880

gatgaacctg aatcgccagc ggcatcagca ccttgtcgcc ttgcgtataa tatttgccca 5940

tggtgaaaac gggggcgaag aagttgtcca tattggccac gtttaaatca aaactggtga 6000

aactcaccca gggattggct gagacgaaaa acatattctc aataaaccct ttagggaaat 6060

aggccaggtt ttcaccgtaa cacgccacat cttgcgaata tatgtgtaga aactgccgga 6120

aatcgtcgtg gtattcactc cagagcgatg aaaacgtttc agtttgctca tggaaaacgg 6180

tgtaacaagg gtgaacacta tcccatatca ccagctcacc gtctttcatt gccatacgaa 6240

attccggatg agcattcatc aggcgggcaa gaatgtgaat aaaggccgga taaaacttgt 6300

gcttattttt ctttacggtc tttaaaaagg ccgtaatatc cagctgaacg gtctggttat 6360

aggtacattg agcaactgac tgaaatgcct caaaatgttc tttacgatgc cattgggata 6420

tatcaacggt ggtatatcca gtgatttttt tctccatttt agcttcctta gctcctgaaa 6480

atctcgataa ctcaaaaaat acgcccggta gtgatcttat ttcattatgg tgaaagttgg 6540

aacctcttac gtgccgatca acgtctcatt ttcgccaaaa gtgacattaa cctataaaaa 6600

taggcgtatc acgaggccag cttgggaaac cataagaccg agatagagtt gagtgttgtt 6660

ccagtttgga acaagagtcc actattaaag aacgtggact ccaacgtcaa agggcgaaaa 6720

accgtctatc agggcgatgg cccactacgt gaaccatcac ccaaatcaag ttttttgggg 6780

tcgaggtgcc gtaaagcact aaatcggaac cctaaaggga gcccccgatt tagagcttga 6840

cggggaaagc cggcgaacgt ggcgagaaag gaagggaaga aagcgaaagg agcgggcgct 6900

aaggcgctgg caagtgtagc ggtcacgctg cgcgtaacca ccacacccgc cgcgcttaat 6960

gcgccgctac agggcgcgta ctatggttgc tttgacgtat gcggtgtgaa ataccgcaca 7020

gatgcgtaag gagaaaatac cgcatcaggc gccattcgcc attcaggctg cgcaactgtt 7080

gggaagggcg atcggtgcgg gcctcttcgc tattacgcca gctggcgaaa gggggatgtg 7140

ctgcaaggcg attaagttgg gtaacgccag ggttttccca gtcacgacgt tgtaaaacga 7200

cggccagtga attgatcgag atcgtgatcc ggatcaagat ccagatcgaa ttggaggcta 7260

cagtcagtgg agaggacttt cactgactga ctgactgcgt ctcaacctcc taggggacat 7320

tgattattga ctagttatta atagtaatca attacggggt cattagttca tagcccatat 7380

atggagttcc gcgttacata acttacggta aatggcccgc ctggctgacc gcccaacgac 7440

ccccgcccat tgacgtcaat aatgacgtat gttcccatag taacgccaat agggactttc 7500

cattgacgtc aatgggtgga gtatttacgg taaactgccc acttggcagt acatcaagtg 7560

tatcatatgc caagtacgcc ccctattgac gtcaatgacg gtaaatggcc cgcctggcat 7620

tatgcccagt acatgacctt atgggacttt cctacttggc agtacatcta cgtattagtc 7680

atcgctatta ccatggtgat gcggttttgg cagtacatca atgggcgtgg atagcggttt 7740

gactcacggg gatttccaag tctccacccc attgacgtca atgggagttt gttttggcac 7800

caaaatcaac gggactttcc aaaatgtcgt aacaactccg ccccattgac gcaaatgggc 7860

ggtaggcgtg tacggtggga ggtctatata agcagagctc gtttagtgaa ccgggtctct 7920

ctggttagac cagatctgag cctgggagct ctctggctaa ctagggaacc cactgcttaa 7980

gcctcaataa agcttgcctt gagtgctcaa agtagtgtgt gcccgtctgt tgtgtgactc 8040

tggtaactag agatccctca gacccttta gtcagtgtgg aaaatctcta gcagtggcgc 8100

ccgaacaggg acttgaaagc gaaagtaaag ccagaggaga tctctcgacg caggactcgg 8160

cttgctgaag cgcgcacggc aagaggcgag gggcggcgac tggtgagtac gccaaaaatt 8220

ttgactagcg gaggctagaa ggagagagta gggtgcgaga gcgtcggtat taagcggggg 8280

agaattagat aaatgggaaa aaattcggtt aaggccaggg ggaaagaaac aatataaact 8340

aaaacatata gttagggcaa gcagggagct agaacgattc gcagttaatc ctggcctttt 8400
agagacatca gaaggctgta gacaaatact gggacagcta caaccatccc ttcagacagg 8460
atcagaagaa cttagatcat tatataatac aatagcagtc ctctattgtg tgcatcaaag 8520
gatagatgta aaagacacca aggaagcctt agataagata gaggaagagc aaaacaaaag 8580
taagaaaaag gcacagcaag cgatcttcag acctggagga ggcaggaggc gatatgaggg 8640
acaattggag aagtgaatta tataaatata aagtagtaaa aattgaacca ttaggagtag 8700
cacccaccaa ggcaaagaga agagtggtgc agagagaaaa aagagcagtg ggaataggag 8760

ctttgttcct tgggttcttg ggagcagcag gaagcactat gggcgcagcg tcaatgacgc 8820
tgacggtaca ggccagacaa ttattgtctg atatagtgca gcagcagaac aatttgctga 8880
gggctattga ggcgcaacag catctgttgc aactcacagt ctggggcatc aaacagctcc 8940
aggcaagaat cctggctgtg gaaagatacc taaaggatca acagctcctg gggatttggg 9000
gttgctctgg aaaactcatt tgcaccactg ctgtgccttg gaatgctagt tggagtaata 9060
aatctctgga acagatttgg aataacatga cctggatgga gtgggacaga gaaattaaca 9120
attacacaag cttaatacac tccttaattg aagaatcgca aaaccagcaa gaaaagaatg 9180

aacaagaatt attggaatta gataaatggg caagtttgtg gaattggttt aacataacaa 9240
attggctgtg gtatataaaa ttattcataa tgatagtagg aggcttggta ggtttaagaa 9300
tagtttttgc tgtactttct atagtgaata gagttaggca gggatattca ccattatcgt 9360
ttcagaccca cctcccaatc ccgaggggac cacgcgtaca aatggcagta ttcatccaca 9420
attttaaaag aaaaggggga attggggggt acagtgcagg ggaaagaata gtagacataa 9480
tagcaacaga catacaaact aaagaattac aaaaacaaat tacaaaaatt caaaattttc 9540
gggtttatta cagggacagc agaaatccac tttgg 9575

<210> 181
<211> 10683
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 181
tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 60
atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata 120

cgggagggct taccatctgg ccccagtgct gcaatgatac cgcagcttgg gaaaccataa 180

gagctgaagc cagttacctt cggaaaaaga gttggtagct cttgatccgg caaacaaacc 240

accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga 300

tctcaagaag atcctttgat cttttctacg gggtctgacg ctcagtggaa cgaaaactca 360

cgttaaggga ttttggtcat gagcttgcgc cgtcccgtca agtcagcgta atgctctgcc 420

agtgttacaa ccaattaacc aattctgatt agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact 480

gcaatttatt cacatcagga ttatcaatac catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg 540

aaggagaaaa ctcaccgagg cagttccata ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga 600

ttccgactcg tccaacatca atacaaccta ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat 660

caagtgagaa atcaccatga gtgacgactg aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca 720

tttctttcca gacttgttca acaggccagc cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat 780

caaccaaacc gttattcatt cgtgattgcg cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt 840

taaaaggaca attacaaaca ggaatcgaat gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat 900

caacaatatt ttcacctgaa tcaggatatt cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg 960

ggatcgcagt ggtgagtaac catgcatcat caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg 1020

gaagaggcat aaattccgtc agccagttta gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg 1080

caacgctacc tttgccatgt ttcagaaaca actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc 1140

gatagattgt cgcacctgat tgcccgacat tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat 1200

cagcatccat gttggaattt aatcgcggcc tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa 1260

cacccttgt attactgttt atgtaagcag acagttttat tgttcatgat gatatatttt 1320

tatcttgtgc aatgtaacat cagagatttt gagacacaac gtggctttcc ccccccccc 1380

catgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc 1440

gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac 1500

tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca 1560

cccaaatcaa gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg 1620

agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag 1680

aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc 1740

accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta 1800

tgcggtgtga aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc 1860

cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc 1920

agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc 1980

agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg aattgatcga gatcgtgatc cggatcaaga 2040
tccagatcga attggaggct acagtcagtg gagaggactt tcactgactg actgactgcg 2100
tctcaacctc ctaggggaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg 2160
tcattagttc atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg 2220
cctggctgac cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata 2280
gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc 2340
cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac 2400

ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg 2460
cagtacatct acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc 2520
aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc 2580
aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc 2640
gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct 2700
cgtttagtga accgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta 2760
actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg 2820

tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg 2880
gaaaatctct agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag 2940
atctctcgac gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga 3000
ctggtgagta cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag 3060
agcgtcggta ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg 3120
gggaaagaaa caatataaac taaaacatat agttagggca agcagggagc tagaacgatt 3180
cgcagttaat cctggccttt tagagacatc agaaggctgt agacaaatac tgggacagct 3240

acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga acttagatca ttatataata caatagcagt 3300
cctctattgt gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc aaggaagcct tagataagat 3360
agaggaagag caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg 3420
aggcaggagg cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa 3480
aaattgaacc attaggagta gcacccacca aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa 3540
aaagagcagt gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta 3600
tgggcgcagc gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca attattgtct gatatagtgc 3660

agcagcagaa caatttgctg agggctattg aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag 3720

tctggggcat caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc 3780

aacagctcct ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt 3840

ggaatgctag ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg gaataacatg acctggatgg 3900

agtgggacag agaaattaac aattacacaa gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc 3960

aaaaccagca agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt 4020

ggaattggtt taacataaca aattggctgt ggtatataaa attattcata atgatagtag 4080

gaggcttggt aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc 4140

agggatattc accattatcg tttcagaccc acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac 4200

aaatggcagt attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag 4260

gggaaagaat agtagacata atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa 4320

ttacaaaaat tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag cagaaatcca ctttggaaag 4380

ctgagcatcc ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga 4440

gaagttgggg ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa 4500

ctgggaaagt gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta 4560

tataagtgca gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca 4620

ggtaagtgcc gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt 4680

gccttgaatt acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg 4740

ttggaagtgg gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt 4800

gagttgaggc ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg 4860

cctgtctcgc tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga 4920

cgctttttttt ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt 4980

cggtttttgg ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga 5040

ggcggggcct gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc 5100

ctgctctggt gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg 5160

cccggtcggc accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga 5220

gctcaaaatg gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga 5280

aaagggcctt tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt 5340

ccaggcacct cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg 5400

ggttttatgc gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt 5460

ggcacttgat gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc 5520

tcaagcctca gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac 5580

ccctctagag ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca 5640

cacccagcat tcctcctgat cccagacatc cagatgacac agactacatc ctccctgtct 5700

gcctctctgg gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa gtcaggacat tagtaaatat 5760

ttaaattggt atcagcagaa accagatgga actgttaaac tcctgatcta ccatacatca 5820

agattacact caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg ggtctggaac agattattct 5880

ctcaccatta gcaacctgga gcaagaagat attgccactt acttttgcca acagggtaat 5940

acgcttccgt acacgttcgg agggggggact aagttggaaa taacaggctc cacctctgga 6000

tccggcaagc ccggatctgg cgagggatcc accaagggcg aggtgaaact gcaggagtca 6060

ggacctggcc tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca catgcactgt ctcaggggtc 6120

tcattacccg actatggtgt aagctggatt cgccagcctc cacgaaaggg tctggagtgg 6180

ctgggagtaa tatggggtag tgaaaccaca tactataatt cagctctcaa atccagactg 6240

accatcatca aggacaactc caagagccaa gttttcttaa aaatgaacag tctgcaaact 6300

gatgacacag ccatttacta ctgtgccaaa cattattact acggtggtag ctatgctatg 6360

gactactggg gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag cggccgcagg tggaggaggt 6420

tctggaggtg gtggatcagg tggtggagga tctttagaaa gtcagcctca taccaaacca 6480

tccgtttttg tcatgaaaaa tggaacaaat gtcgcttgtc tggtgaagga attctacccc 6540

aaggatataa gaataaatct cgtgtcatcc aagaagataa cagagtttga tcctgctatt 6600

gtcatctctc ccagtgggaa gtacaatgct gtcaagcttg gtaaatatga agattcaaat 6660

tcagtgacat gttcagttca acacgacaat aaaactgtgc actccactga ctttgaagtg 6720

aagacagatt ctacagatca cgtaaaacca aaggaaactg aaaacacaaa gcaaccttca 6780

aagagctgcc ataaacccaa agccatagtt cataccgaga aggtgaacat gatgtccctc 6840

acagtgcttg ggctacgaat gctgtttgca aagactgttg ccgtcaattt tctcttgact 6900

gccaagttat ttttcttggg gtcaggcgag ggcagaggaa gtctgctaac atgcggtgac 6960

gtcgaggaga atcctggacc tatgctacta cttgtgacct cactattgtt atgcgaactc 7020

cctcatcccg cattcttgct gattccagac attcagatga ctcaaacaac ttccagcctc 7080

tccgcctcac tcggcgaccg cgtaacaata agctgtcggg cctcgcaaga tattagtaag 7140

tacctgaatt ggtatcagca aaaacccgat ggtacagtca agcttctgat ctaccatacc 7200

agtcgtctgc acagcggtgt ccccagcagg ttcagcggct caggatctgg taccgattat 7260

tcactgacga tttccaacct tgagcaggag gacatcgcca cctacttctg ccagcagggt 7320

aatactctgc cgtacacatt cgggggcggt accaagctcg agatcacggg ttcaacaagc 7380

ggttctggca agccaggcag cggcgagggg agtacaaagg gggaggtgaa gttgcaggaa 7440

agtggccctg gattggtggc cccgagccag agtctgtctg tcacctgcac agtttccgga 7500
gtaagtctgc ctgattacgg agtgtcctgg atcagacagc cacctcgaaa gggcttggag 7560
tggcttgggg tcatttgggg cagtgaaacc acatactaca acagcgctct taagtccagg 7620
ctcactatca tcaaggacaa ttcaaagagc caagtattct tgaaaatgaa ttccctgcag 7680
actgatgaca ccgctattta ttattgcgct aaacattatt actatggagg ttcttatgcc 7740
atggactact gggggcaggg tacctctgtg acagtgagtt cagctgcagc tggaggtgga 7800
ggtagcggag gcggtggtag tggaggggggt ggttctctgg aagataaaca acttgatgca 7860

gatgtttccc ccaagcccac tatttttctt ccttcaattg ctgaaacaaa gctccagaag 7920
gctggaacat acctttgtct tcttgagaaa ttttttccctg atgttattaa gatacattgg 7980
caagaaaaga agagcaacac gattctggga tcccaggagg ggaacaccat gaagactaac 8040
gacacataca tgaaatttag ctggttaacg gtgccagaaa agtcactgga caaagaacac 8100
agatgtatcg tcagacatga gaataataaa aacggagttg atcaagaaat tatctttcct 8160
ccaataaaga cagatgtcat cacaatggat cccaaagaca attgttcaaa agatgcaaat 8220
gatacactac tgctgcagct cacaaacacc tctgcatatt acatgtacct cctcctgctc 8280

ctcaagagtg tggtctattt tgccatcatc acctgctgtc tgcttagaag aacggctttc 8340
tgctgcaatg gagagaaatc ataatgagat atcgagcatc ttaccgccat ttatacccat 8400
atttgttctg tttttcttga tttgggtata catttaaatg ttaataaaac aaaatggtgg 8460
ggcaatcatt tacattttta gggatatgta attactagtt caggtgtatt gccacaagac 8520
aaacatgtta agaaactttc ccgttattta cgctctgttc ctgttaatca acctctggat 8580
tacaaaattt gtgaaagatt gactgatatt cttaactatg ttgctccttt tacgctgtgt 8640
ggatatgctg ctttatagcc tctgtatcta gctattgctt cccgtacggc tttcgttttc 8700

tcctccttgt ataaatcctg gttgctgtct cttttagagg agttgtggcc cgttgtccgt 8760
caacgtggcg tggtgtgctc tgtgtttgct gacgcaaccc ccactggctg gggcattgcc 8820
accacctgtc aactcctttc tgggactttc gctttccccc tcccgatcgc cacggcagaa 8880
ctcatcgccg cctgccttgc ccgctgctgg acaggggcta ggttgctggg cactgataat 8940
tccgtggtgt tgtcagtact ggtaccttta agaccaatga cttacaaggc agctgtagat 9000
cttagccact ttttaaaaga aaaggggggа ctggaagggc taattcactc ccaaagaaga 9060
caagatctgc tttttgcctg tactgggtct ctctggttag accagatctg agcctgggag 9120

ctctctggct aactagggaa cccactgctt aagcctcaat aaagcttgcc ttgagtgctt 9180

caatgatcat aatcaagcca tatcacatct gtagaggttt acttgcttta aaaaacctcc 9240

acacctcccc ctgaacctga aacataaaat gaatgcaatt gttgttgtta acttgtttat 9300

tgcagcttat aatggttaca aataaagcaa tagcatcaca aatttcacaa ataaagcatt 9360

tttttcactg cattctagtt gtggtttgtc caaactcatc aatgtatctt atcatgtctg 9420

gatctgcgtc gacacgaaga gacgactgac tgactgactg gaaagaggaa gggctggaag 9480

aggaaggagc ttgatccaga tcccgatctc gatccagatc cggatcgcag cttggcgtaa 9540

tcatggtcat agctgtttcc tgtgtgaaat tgttatccgc tcacaattcc acacaacata 9600

cgagccggaa gcataaagtg taaagcctgg ggtgcctaat gagtgagcta actcacatta 9660

attgcgttgc gctcactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgtcgtgcca gctgcattaa 9720

tgaatcggcc aacgcgcggg gagaggcggt ttgcgtattg ggcgctcttc cgcttcctcg 9780

ctcactgact cgctgcgctc ggtcgttcgg ctgcggcgag cggtatcagc tcactcaaag 9840

gcggtaatac ggttatccac agaatcaggg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa 9900

ggccagcaaa aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcgttttt ccataggctc 9960

cgcccccctg acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agaggtggcg aaacccgaca 10020

ggactataaa gataccaggc gtttcccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tcctgttccg 10080

accctgccgc ttaccggata cctgtccgcc tttctccctt cgggaagcgt ggcgctttct 10140

catagctcac gctgtaggta tctcagttcg gtgtaggtcg ttcgctccaa gctgggctgt 10200

gtgcacgaac cccccgttca gcccgaccgc tgcgccttat ccggtaacta tcgtcttgag 10260

tccaacccgg taagacacga cttatcgcca ctggcagcag ccactggtaa caggattagc 10320

agagcgaggt atgtaggcgg tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa ctacggctac 10380

actagaagaa cagtatttgg tatctgcgct ctgctgaagc cagttacctt cggaaaaaga 10440

gttggtagct cttgatccgg caaacaaacc accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc 10500

aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg 10560

gggtctgacg ctcagtggaa cgaaaactca cgttaaggga ttttggtcat gagattatca 10620

aaaaggatct tcacctagat ccttttaaat taaaaatgaa gttttaaatc aatctaaagt 10680

ata 10683

<210> 182

<211> 9912

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 182

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggtcttccgc 360

ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca 420

ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg 480

agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca 540

taggctccgc ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa 600

cccgacagga ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc 660

tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc 720

gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct 780

gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg 840

tcttgagtcc aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag 900

gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta 960

cggctacact agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg 1020

aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt 1080

tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt 1140

ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag 1200

ttaattaact tgcgccgtcc cgtcaagtca gcgtaatgct ctgccagtgt tacaaccaat 1260

taaccaattc tgattagaaa aactcatcga gcatcaaatg aaactgcaat ttattcacat 1320

caggattatc aataccatat ttttgaaaaa gccgtttctg taatgaagga gaaaactcac 1380

cgaggcagtt ccataggatg gcaagatcct ggtatcggtc tgcgattccg actcgtccaa 1440

catcaataca acctattaat ttcccctcgt caaaaataag gttatcaagt gagaaatcac 1500

catgagtgac gactgaatcc ggtgagaatg gcaaaagttt atgcatttct ttccagactt 1560

gttcaacagg ccagccatta cgctcgtcat caaaatcact cgcatcaacc aaaccgttat 1620

tcattcgtga ttgcgcctga gcaagacgaa atacgcgatc gctgttaaaa ggacaattac 1680

aaacaggaat cgaatgcaac cggcgcagga acactgccag cgcatcaaca atattttcac 1740

ctgaatcagg atattcttct aatacctgga atgctgtttt tccggggatc gcagtggtga 1800

gtaaccatgc atcatcagga gtacggataa aatgcttgat ggtcggaaga ggcataaatt 1860

ccgtcagcca gtttagtctg accatctcat ctgtaacatc attggcaacg ctacctttgc 1920

catgtttcag aaacaactct ggcgcatcgg gcttcccata caagcgatag attgtcgcac 1980

ctgattgccc gacattatcg cgagcccatt tatacccata taaatcagca tccatgttgg 2040

aatttaatcg cggcctcgac gtttcccgtt gaatatggct cataacaccc cttgtattac 2100

tgtttatgta agcagacagt tttattgttc atgatgatat atttttatct tgtgcaatgt 2160

aacatcagag attttgagac acaacgtggc tttccccccc ccccccatga cattaaccta 2220

taaaaatagg cgtatcacga ggccagcttg ggaaaccata agaccgagat agagttgagt 2280

gttgttccag tttggaacaa gagtccacta ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg 2340

cgaaaaaccg tctatcaggg cgatggccca ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt 2400

ttggggtcga ggtgccgtaa agcactaaat cggaacccta aagggagccc ccgatttaga 2460

gcttgacggg gaaagccggc gaacgtggcg agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg 2520

ggcgctaagg cgctggcaag tgtagcggtc acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg 2580

cttaatgcgc cgctacaggg cgcgtactat ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac 2640

cgcacagatg cgtaaggaga aaatacatcg tgatccggat caagatccag atcgaattgg 2700

aggctacagt cagtggagag gactttcact gactgactga ctgcgtctca acctcctagg 2760

ggacattgat tattgactag ttattaatag taatcaatta cggggtcatt agttcatagc 2820

ccatatatgg agttccgcgt tacataactt acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc 2880

aacgaccccc gcccattgac gtcaataatg acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg 2940

actttccatt gacgtcaatg ggtggagtat ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat 3000

caagtgtatc atatgccaag tacgcccccc attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc 3060

tggcattatg cccagtacat gaccttatgg gactttccta cttggcagta catctacgta 3120

ttagtcatcg ctattaccat ggtgatgcgg ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag 3180

cggtttgact cacggggatt tccaagtctc caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt 3240

tggcaccaaa atcaacggga ctttccaaaa tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa 3300

atgggcggta ggcgtgtacg gtgggaggtc tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg 3360

gtctctctgg ttagaccaga tctgagcctg ggagctctct ggctaactag ggaacccact 3420

gcttaagcct caataaagct tgccttgagt gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg 3480

tgactctggt aactagagat ccctcagacc cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag 3540

tggcgcccga acagggactt gaaagcgaaa gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg 3600

actcggcttg ctgaagcgcg cacggcaaga ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca 3660

aaaattttga ctagcggagg ctagaaggag agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag 3720

cgggggagaa ttagataaat gggaaaaaat tcggttaagg ccaggggaa agaaacaata 3780

taaactaaaa catatagtta gggcaagcag ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg 3840

ccttttagag acatcagaag gctgtagaca aatactggga cagctacaac catcccttca 3900

gacaggatca gaagaactta gatcattata taatacaata gcagtcctct attgtgtgca 3960

tcaaaggata gatgtaaaag acaccaagga agccttagat aagatagagg aagagcaaaa 4020

caaaagtaag aaaaaggcac agcaagcgat cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata 4080

tgagggacaa ttggagaagt gaattatata aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag 4140

gagtagcacc caccaaggca aagagaagag tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa 4200

taggagcttt gttccttggg ttcttgggag cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa 4260

tgacgctgac ggtacaggcc agacaattat tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt 4320

tgctgagggc tattgaggcg caacagcatc tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac 4380

agctccaggc aagaatcctg gctgtggaaa gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga 4440

tttggggttg ctctggaaaa ctcatttgca ccactgctgt gccttggaat gctagttgga 4500

gtaataaatc tctggaacag atttggaata acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa 4560

ttaacaatta cacaagctta atacactcct taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa 4620

agaatgaaca agaattattg gaattagata aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca 4680

taacaaattg gctgtggtat ataaaattat tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt 4740

taagaatagt ttttgctgta ctttctatag tgaatagagt taggcaggga tattcaccat 4800

tatcgtttca gacccacctc ccaatcccga ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca 4860

tccacaattt taaaagaaaa ggggggattg gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag 4920

acataatagc aacagacata caaactaaag aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa 4980

attttcgggt ttattacagg gacagcagaa atccactttg gaaagctgag catccggctc 5040

cggtgcccgt cagtgggcag agcgcacatc gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg 5100

ggtcggcaat tgaaccggtg cctagagaag gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt 5160

cgtgtactgg ctccgccttt ttcccgaggg tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt 5220

cgccgtgaac gttctttttc gcaacgggtt tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg 5280

tggttcccgc gggcctggcc tctttacggg ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc 5340

cacgcccctg gctgcagtac gtgattcttg atcccgagct tcgggttgga agtgggtggg 5400

agagttcgag gccttgcgct taaggagccc cttcgcctcg tgcttgagtt gaggcctggc 5460
ctgggcgctg gggccgccgc gtgcgaatct ggtggcacct tcgcgcctgt ctcgctgctt 5520
tcgataagtc tctagccatt taaaattttt gatgacctgc tgcgacgctt tttttctggc 5580
aagatagtct tgtaaatgcg ggccaagatc tgcacactgg tatttcggtt tttggggccg 5640
cgggcggcga cggggcccgt gcgtcccagc gcacatgttc ggcgaggcgg ggcctgcgag 5700
cgcggccacc gagaatcgga cgggggtagt ctcaagctgg ccggcctgct ctggtgcctg 5760
gcctcgcgcc gccgtgtatc gccccgccct gggcggcaag gctggcccgg tcggcaccag 5820

ttgcgtgagc ggaaagatgg ccgcttcccg gccctgctgc agggagctca aaatggagga 5880
cgcggcgctc gggagagcgg gcgggtgagt cacccacaca aaggaaaagg gcctttccgt 5940
cctcagccgt cgcttcatgt gactccacgg agtaccgggc gccgtccagg cacctcgatt 6000
agttctcgag cttttggagt acgtcgtctt taggttgggg ggaggggttt tatgcgatgg 6060
agtttcccca cactgagtgg gtggagactg aagttaggcc agcttggcac ttgatgtaat 6120
tctccttgga atttgccctt tttgagtttg gatcttggtt cattctcaag cctcagacag 6180
tggttcaaag tttttttctt ccatttcagg tgtcgtgaaa actacccctc agagccgcca 6240

ccatgcttct cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt accacaccca gcattcctcc 6300
tgatcccaga catccagatg acacagacta catcctccct gtctgcctct ctgggagaca 6360
gagtcaccat cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa atatttaaat tggtatcagc 6420
agaaaccaga tggaactgtt aaactcctga tctaccatac atcaagatta cactcaggag 6480
tcccatcaag gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta ttctctcacc attagcaacc 6540
tggagcaaga agatattgcc acttactttt gccaacaggg taatacgctt ccgtacacgt 6600
tcggaggggg gactaagttg gaaataacag gctccacctc tggatccggc aagcccggat 6660

ctggcgaggg atccaccaag ggcgaggtga aactgcagga gtcaggacct ggcctggtgg 6720
cgccctcaca gagcctgtcc gtcacatgca ctgtctcagg ggtctcatta cccgactatg 6780
gtgtaagctg gattcgccag cctccacgaa agggtctgga gtggctggga gtaatatggg 6840
gtagtgaaac cacatactat aattcagctc tcaaatccag actgaccatc atcaaggaca 6900
actccaagag ccaagttttc ttaaaaatga acagtctgca aactgatgac acagccattt 6960
actactgtgc caaacattat tactacggtg gtagctatgc tatggactac tggggtcaag 7020
gaacctcagt caccgtctcc tcagcggccg caggtggagg aggttctgga ggtggtggat 7080

caggtggtgg aggatcttta gaaagtcagc ctcataccaa accatccgtt tttgtcatga 7140

aaaatggaac aaatgtcgct tgtctggtga aggaattcta ccccaaggat ataagaataa 7200

atctcgtgtc atccaagaag ataacagagt ttgatcctgc tattgtcatc tctcccagtg 7260

ggaagtacaa tgctgtcaag cttggtaaat atgaagattc aaattcagtg acatgttcag 7320

ttcaacacga caataaaact gtgcactcca ctgactttga agtgaagaca gattctacag 7380

atcacgtaaa accaaaggaa actgaaaaca caaagcaacc ttcaaagagc tgccataaac 7440

ccaaagccat agttcatacc gagaaggtga acatgatgtc cctcacagtg cttgggctac 7500

gaatgctgtt tgcaaagact gttgccgtca attttctctt gactgccaag ttatttttct 7560

tggggtcagg cgctactaac ttcagcctgc tgaagcaggc tggagacgtg gaggagaacc 7620

ctggacctat gctactactt gtgacctcac tattgttatg cgaactccct catcccgcat 7680

tcttgctgat tccagacatt cagatgactc aaacaacttc cagcctctcc gcctcactcg 7740

gcgaccgcgt aacaataagc tgtcgggcct cgcaagatat tagtaagtac ctgaattggt 7800

atcagcaaaa acccgatggt acagtcaagc ttctgatcta ccataccagt cgtctgcaca 7860

gcggtgtccc cagcaggttc agcggctcag gatctggtac cgattattca ctgacgattt 7920

ccaaccttga gcaagaggac atcgccacct acttctgcca gcagggtaat actctgccgt 7980

acacattcgg gggcggtacc aagctcgaga tcacgggttc aacaagcggt tctggcaagc 8040

caggcagcgg cgaggggagt acaaaggggg aggtgaagtt gcaggaaagt ggccctggat 8100

tggtggcccc gagccagagt ctgtctgtca cctgcacagt ttccggagta agtctgcctg 8160

attacggagt gtcctggatc agacagccac ctcgaaaggg cttggagtgg cttggggtca 8220

tttggggcag tgaaaccaca tactacaaca gcgctcttaa gtccaggctc actatcatca 8280

aggacaattc aaagagccaa gtattcttga aaatgaattc cctgcagact gatgacaccg 8340

ctatttatta ttgcgctaaa cattattact atggaggttc ttatgccatg gactactggg 8400

ggcagggtac ctctgtgaca gtgagttcag ctgcagctgg aggtggaggt agcggaggcg 8460

gtggtagtgg agggggtggt tctctggaag ataaacaact tgatgcagat gtttccccca 8520

agcccactat ttttcttcct tcaattgctg aaacaaagct ccagaaggct ggaacatacc 8580

tttgtcttct tgagaaattt ttccctgatg ttattaagat acattggcaa gaaaagaaga 8640

gcaacacgat tctgggatcc caggagggga acaccatgaa gactaacgac acatacatga 8700

aatttagctg gttaacggtg ccagaaaagt cactggacaa agaacacaga tgtatcgtca 8760

gacatgagaa taataaaaac ggagttgatc aagaaattat ctttcctcca ataaagacag 8820

atgtcatcac aatggatccc aaagacaatt gttcaaaaga tgcaaatgat acactactgc 8880

tgcagctcac aaacacctct gcatattaca tgtacctcct cctgctcctc aagagtgtgg 8940

tctattttgc catcatcacc tgctgtctgc ttagaagaac ggctttctgc tgcaatggag 9000

agaaatcata atgagatatc gagcatctta ccgccattta tacccatatt tgttctgttt 9060

ttcttgattt gggtatacat ttaaatgtta ataaaacaaa atggtggggc aatcatttac 9120

atttttaggg atatgtaatt actagttcag gtgtattgcc acaagacaaa catgttaaga 9180

aactttcccg ttatttacgc tctgttcctg ttaatcaacc tctggattac aaaatttgtg 9240

aaagattgac tgatattctt aactatgttg ctccttttac gctgtgtgga tatgctgctt 9300

tatagcctct gtatctagct attgcttccc gtacggcttt cgttttctcc tccttgtata 9360

aatcctggtt gctgtctctt ttagaggagt tgtggcccgt tgtccgtcaa cgtggcgtgg 9420

tgtgctctgt gtttgctgac gcaacccccа ctggctgggg cattgccacc acctgtcaac 9480

tcctttctgg gactttcgct ttccccctcc cgatcgccac ggcagaactc atcgccgcct 9540

gccttgcccg ctgctggaca ggggctaggt tgctgggcac tgataattcc gtggtgttgt 9600

cagtactggt acctttaaga ccaatgactt acaaggcagc tgtagatctt agccactttt 9660

taaaagaaaa ggggggactg gaagggctaa ttcactccca aagaagacaa gatctgcttt 9720

ttgcctgtac tgggtctctc tggttagacc agatctgagc ctgggagctc tctggctaac 9780

tagggaaccc actgcttaag cctcaataaa gcttgccttg agtgcttcaa gtagtgtgtg 9840

cccgtctgtt gtgtgactct ggtaactaga gatccctcag acccttttag tcagtgtgga 9900

aaatctctag ca 9912

<210> 183

<211> 9791

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 183

aaagctgagc atccggctcc ggtgcccgtc agtgggcaga gcgcacatcg cccacagtcc 60

ccgagaagtt gggggggaggg gtcggcaatt gaaccggtgc ctagagaagg tggcgcgggg 120

taaactggga aagtgatgtc gtgtactggc tccgcctttt tcccgagggt gggggagaac 180

cgtatataag tgcagtagtc gccgtgaacg ttcttttttcg caacgggttt gccgccagaa 240

cacaggtaag tgccgtgtgt ggttcccgcg ggcctggcct ctttacgggt tatggccctt 300

gcgtgccttg aattacttcc acgcccctgg ctgcagtacg tgattcttga tcccgagctt 360

cgggttggaa gtgggtggga gagttcgagg ccttgcgctt aaggagcccc ttcgcctcgt 420

gcttgagttg aggcctggcc tgggcgctgg ggccgccgcg tgcgaatctg gtggcacctt 480

cgcgcctgtc tcgctgcttt cgataagtct ctagccattt aaaatttttg atgacctgct 540

gcgacgcttt ttttctggca agatagtctt gtaaatgcgg gccaagatct gcacactggt 600

atttcggttt ttggggccgc gggcggcgac ggggcccgtg cgtcccagcg cacatgttcg 660

gcgaggcggg gcctgcgagc gcggccaccg agaatcggac gggggtagtc tcaagctggc 720

cggcctgctc tggtgcctgg cctcgcgccg ccgtgtatcg ccccgccctg ggcggcaagg 780

ctggcccggt cggcaccagt tgcgtgagcg gaaagatggc cgcttcccgg ccctgctgca 840

gggagctcaa aatggaggac gcggcgctcg ggagagcggg cgggtgagtc acccacacaa 900

aggaaaaggg cctttccgtc ctcagccgtc gcttcatgtg actccacgga gtaccgggcg 960

ccgtccaggc acctcgatta gttctcgagc ttttggagta cgtcgtcttt aggttggggg 1020

gaggggtttt atgcgatgga gtttccccac actgagtggg tggagactga agttaggcca 1080

gcttggcact tgatgtaatt ctccttggaa tttgcccttt ttgagtttgg atcttggttc 1140

attctcaagc ctcagacagt ggttcaaagt ttttttcttc catttcaggt gtcgtgaaaa 1200

ctacccctct agagccgcca ccatgcttct cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt 1260

accacaccca gcattcctcc tgatcccaag tcagcctcat accaaaccat ccgtttttgt 1320

catgaaaaat ggaacaaatg tcgcttgtct ggtgaaggaa ttctacccca aggatataag 1380

aataaatctc gtgtcatcca agaagataac agagtttgat cctgctattg tcatctctcc 1440

cagtgggaag tacaatgctg tcaagcttgg taaatatgaa gattcaaatt cagtgacatg 1500

ttcagttcaa cacgacaata aaactgtgca ctccactgac tttgaagtga agacagattc 1560

tacagatcac gtaaaaccaa aggaaactga aaacacaaag caaccttcaa agagctgcca 1620

taaacccaaa gccatagttc ataccgagaa ggtgaacatg atgtccctca cagtgcttgg 1680

gctacgaatg ctgtttgcaa agactgttgc cgtcaatttt ctcttgactg ccaagttatt 1740

tttcttgggg tcaggcgagg gcagaggaag tctgctaaca tgcggtgacg tcgaggagaa 1800

tcctggacct atgctactac ttgtgacctc actattgtta tgcgaactcc ctcatcccgc 1860

attcttgctg attccagaca ttcagatgac tcaaacaact tccagcctct ccgcctcact 1920

cggcgaccgc gtaacaataa gctgtcgggc ctcgcaagat attagtaagt acctgaattg 1980

gtatcagcaa aaacccgatg gtacagtcaa gcttctgatc taccatacca gtcgtctgca 2040

cagcggtgtc cccagcaggt tcagcggctc aggatctggt accgattatt cactgacgat 2100

ttccaacctt gagcaggagg acatcgccac ctacttctgc cagcagggta atactctgcc 2160

gtacacattc gggggcggta ccaagctcga gatcacgggt tcaacaagcg gttctggcaa 2220

gccaggcagc ggcgagggga gtacaaaggg ggaggtgaag ttgcaggaaa gtggccctgg 2280

attggtggcc ccgagccaga gtctgtctgt cacctgcaca gtttccggag taagtctgcc 2340

tgattacgga gtgtcctgga tcagacagcc acctcgaaag ggcttggagt ggcttggggt 2400

catttggggc agtgaaacca catactacaa cagcgctctt aagtccaggc tcactatcat 2460

caaggacaat tcaaagagcc aagtattctt gaaaatgaat tccctgcaga ctgatgacac 2520

cgctatttat tattgcgcta aacattatta ctatggaggt tcttatgcca tggactactg 2580

ggggcagggt acctctgtga cagtgagttc agctgcagct ggaggtggag gtagcggagg 2640

cggtggtagt ggagggggtg gttctctgga agataaacaa cttgatgcag atgtttcccc 2700

caagcccact atttttcttc cttcaattgc tgaaacaaag ctccagaagg ctggaacata 2760

cctttgtctt cttgagaaat ttttccctga tgttattaag atacattggc aagaaaagaa 2820

gagcaacacg attctgggat cccaggaggg gaacaccatg aagactaacg acacatacat 2880

gaaatttagc tggttaacgg tgccagaaaa gtcactggac aaagaacaca gatgtatcgt 2940

cagacatgag aataataaaa acggagttga tcaagaaatt atctttcctc caataaagac 3000

agatgtcatc acaatggatc ccaaagacaa ttgttcaaaa gatgcaaatg atacactact 3060

gctgcagctc acaaacacct ctgcatatta catgtacctc ctcctgctcc tcaagagtgt 3120

ggtctatttt gccatcatca cctgctgtct gcttagaaga acggctttct gctgcaatgg 3180

agagaaatca taatgagata tcgagcatct taccgccatt tatacccata tttgttctgt 3240

ttttcttgat ttgggtatac atttaaatgt taataaaaca aaatggtggg gcaatcattt 3300

acatttttag ggatatgtaa ttactagttc aggtgtattg ccacaagaca aacatgttaa 3360

gaaactttcc cgttatttac gctctgttcc tgttaatcaa cctctggatt acaaaatttg 3420

tgaaagattg actgatattc ttaactatgt tgctcctttt acgctgtgtg gatatgctgc 3480

tttatagcct ctgtatctag ctattgcttc ccgtacggct ttcgttttct cctccttgta 3540

taaatcctgg ttgctgtctc ttttagagga gttgtggccc gttgtccgtc aacgtggcgt 3600

ggtgtgctct gtgtttgctg acgcaacccc cactggctgg ggcattgcca ccacctgtca 3660

actcctttct gggactttcg ctttcccccc cccgatcgcc acggcagaac tcatcgccgc 3720

ctgccttgcc cgctgctgga caggggctag gttgctgggc actgataatt ccgtggtgtt 3780

gtcagtactg gtacctttaa gaccaatgac ttacaaggca gctgtagatc ttagccactt 3840

tttaaaagaa aaggggggac tggaagggct aattcactcc caaagaagac aagatctgct 3900

ttttgcctgt actgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta 3960

actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgcttc aatgatcata 4020

atcaagccat atcacatctg tagaggttta cttgctttaa aaaacctcca cacctccccc 4080

tgaacctgaa acataaaatg aatgcaattg ttgttgttaa cttgtttatt gcagcttata 4140

atggttacaa ataaagcaat agcatcacaa atttcacaaa taaagcattt ttttcactgc 4200
attctagttg tggtttgtcc aaactcatca atgtatctta tcatgtctgg atctgcgtcg 4260
acacgaagag acgactgact gactgactgg aaagaggaag ggctggaaga ggaaggagct 4320
tgatccagat cccgatctcg atccagatcc ggatcgcagc ttggcgtaat catggtcata 4380
gctgtttcct gtgtgaaatt gttatccgct cacaattcca cacaacatac gagccggaag 4440
cataaagtgt aaagcctggg gtgcctaatg agtgagctaa ctcacattaa ttgcgttgcg 4500
ctcactgccc gctttccagt cgggaaacct gtcgtgccag ctgcattaat gaatcggcca 4560

acgcgcgggg agaggcggtt tgcgtattgg gcgctcttcc gcttcctcgc tcactgactc 4620
gctgcgctcg gtcgttcggc tgcggcgagc ggtatcagct cactcaaagg cggtaatacg 4680
gttatccaca gaatcagggg ataacgcagg aaagaacatg tgagcaaaag gccagcaaaa 4740
ggccaggaac cgtaaaaagg ccgcgttgct ggcgtttttc cataggctcc gccccctga 4800
cgagcatcac aaaaatcgac gctcaagtca gaggtggcga aacccgacag gactataaag 4860
ataccaggcg tttcccccctg gaagctccct cgtgcgctct cctgttccga ccctgccgct 4920
taccggatac ctgtccgcct ttctcccttc gggaagcgtg gcgctttctc atagctcacg 4980

ctgtaggtat ctcagttcgg tgtaggtcgt tcgctccaag ctgggctgtg tgcacgaacc 5040
cccccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga 5100
gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggctacact 5160
agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt 5220
ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag 5280
cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg 5340
tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag attatcaaaa 5400

aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata 5460
tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 5520
atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgttgctag gttactgtca 5580
tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca aaagagtttg tagaaacgca 5640
aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat cggtggcagt ttatggcggg 5700
cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt tcaaatccgc tcccggcgga 5760
tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga taaaacgaaa ggcccagtct 5820

ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc cctactctcg catgggttgc 5880

ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct tatcatcgaa tttctgccat 5940

tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg cgtttaaggg caccaataac 6000

tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca gtactgttgt aattcattaa 6060

gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg aacctgaatc gccagcggca 6120

tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt gaaaacgggg gcgaagaagt 6180

tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact cacccaggga ttggctgaga 6240

cgaaaaacat attctcaata aacccttag ggaaataggc caggttttca ccgtaacacg 6300

ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc gtcgtggtat tcactccaga 6360

gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta acaagggtga acactatccc 6420

atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc cggatgagca ttcatcaggc 6480

gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt atttttcttt acggtcttta 6540

aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt acattgagca actgactgaa 6600

atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc aacggtggta tatccagtga 6660

ttttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct cgataactca aaaaatacgc 6720

ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc tcttacgtgc cgatcaacgt 6780

ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg cgtatcacga ggccagcttg 6840

ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag tttggaacaa gagtccacta 6900

ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg tctatcaggg cgatggccca 6960

ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga ggtgccgtaa agcactaaat 7020

cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg gaaagccggc gaacgtggcg 7080

agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg cgctggcaag tgtagcggtc 7140

acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc cgctacaggg cgcgtactat 7200

ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg cgtaaggaga aaataccgca 7260

tcaggcgcca ttcgccattc aggctgcgca actgttggga agggcgatcg gtgcgggcct 7320

cttcgctatt acgccagctg gcgaaagggg gatgtgctgc aaggcgatta agttgggtaa 7380

cgccagggtt ttcccagtca cgacgttgta aaacgacggc cagtgaattg atcgagatcg 7440

tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt cagtggagag gactttcact 7500

gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat tattgactag ttattaatag 7560

taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg agttccgcgt tacataactt 7620

acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgaccccc gcccattgac gtcaataatg 7680

acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt gacgtcaatg ggtggagtat 7740

ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc atatgccaag tacgcccccc 7800

attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg cccagtacat gaccttatgg 7860

gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg ctattaccat ggtgatgcgg 7920

ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact cacggggatt tccaagtctc 7980

caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa atcaacggga ctttccaaaa 8040

tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta ggcgtgtacg gtgggaggtc 8100

tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg ttagaccaga tctgagcctg 8160

ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct caataaagct tgccttgagt 8220

gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt aactagagat ccctcagacc 8280

cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga acagggactt gaaagcgaaa 8340

gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg ctgaagcgcg cacggcaaga 8400

ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga ctagcggagg ctagaaggag 8460

agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa ttagataaat gggaaaaaat 8520

tcggttaagg ccaggggggaa agaaacaata taaactaaaa catatagtta gggcaagcag 8580

ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag acatcagaag gctgtagaca 8640

aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca gaagaactta gatcattata 8700

taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata gatgtaaaag acaccaagga 8760

agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag aaaaaggcac agcaagcgat 8820

cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa ttggagaagt gaattatata 8880

aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc caccaaggca aagagaagag 8940

tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt gttccttggg ttcttgggag 9000

cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac ggtacaggcc agacaattat 9060

tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc tattgaggcg caacagcatc 9120

tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc aagaatcctg gctgtggaaa 9180

gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg ctctggaaaa ctcatttgca 9240

ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc tctggaacag atttggaata 9300

acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta cacaagctta atacactcct 9360

taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca agaattattg gaattagata 9420

aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg gctgtggtat ataaaattat 9480

tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt ttttgctgta ctttctatag 9540

tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca gacccacctc ccaatcccga 9600

ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt taaaagaaaa ggggggattg 9660

gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc aacagacata caaactaaag 9720

aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt ttattacagg gacagcagaa 9780

atccactttg g 9791

<210> 184

<211> 9791

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 184

aaagctgagc atccggctcc ggtgcccgtc agtgggcaga gcgcacatcg cccacagtcc 60

ccgagaagtt ggggggaggg gtcggcaatt gaaccggtgc ctagagaagg tggcgcgggg 120

taaactggga aagtgatgtc gtgtactggc tccgcctttt tcccgagggt gggggagaac 180

cgtatataag tgcagtagtc gccgtgaacg ttctttttcg caacgggttt gccgccagaa 240

cacaggtaag tgccgtgtgt ggttcccgcg ggcctggcct ctttacgggt tatggccctt 300

gcgtgccttg aattacttcc acgcccctgg ctgcagtacg tgattcttga tcccgagctt 360

cgggttggaa gtgggtggga gagttcgagg ccttgcgctt aaggagcccc ttcgcctcgt 420

gcttgagttg aggcctggcc tgggcgctgg ggccgccgcg tgcgaatctg gtggcacctt 480

cgcgcctgtc tcgctgcttt cgataagtct ctagccattt aaaatttttg atgacctgct 540

gcgacgcttt ttttctggca agatagtctt gtaaatgcgg gccaagatct gcacactggt 600

atttcggttt ttggggccgc gggcggcgac ggggcccgtg cgtcccagcg cacatgttcg 660

gcgaggcggg gcctgcgagc gcggccaccg agaatcggac gggggtagtc tcaagctggc 720

cggcctgctc tggtgcctgg cctcgcgccg ccgtgtatcg ccccgccctg ggcggcaagg 780

ctggcccggt cggcaccagt tgcgtgagcg gaaagatggc cgcttcccgg ccctgctgca 840

gggagctcaa aatggaggac gcggcgctcg ggagagcggg cgggtgagtc acccacacaa 900

aggaaaaggg cctttccgtc ctcagccgtc gcttcatgtg actccacgga gtaccgggcg 960

ccgtccaggc acctcgatta gttctcgagc ttttggagta cgtcgtcttt aggttggggg 1020

gaggggtttt atgcgatgga gtttccccac actgagtggg tggagactga agttaggcca 1080

gcttggcact tgatgtaatt ctccttggaa tttgcccttt ttgagtttgg atcttggttc 1140

attctcaagc ctcagacagt ggttcaaagt ttttttcttc catttcaggt gtcgtgaaaa 1200

ctacccctct agagccgcca ccatgcttct cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt 1260

accacaccca gcattcctcc tgatcccaga catccagatg acacagacta catcctccct 1320

gtctgcctct ctgggagaca gagtcaccat cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa 1380

atatttaaat tggtatcagc agaaaccaga tggaactgtt aaactcctga tctaccatac 1440

atcaagatta cactcaggag tcccatcaag gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta 1500

ttctctcacc attagcaacc tggagcaaga agatattgcc acttactttt gccaacaggg 1560

taatacgctt ccgtacacgt tcggaggggg gactaagttg gaaataacag gctccacctc 1620

tggatccggc aagcccggat ctggcgaggg atccaccaag ggcgaggtga aactgcagga 1680

gtcaggacct ggcctggtgg cgccctcaca gagcctgtcc gtcacatgca ctgtctcagg 1740

ggtctcatta cccgactatg gtgtaagctg gattcgccag cctccacgaa agggtctgga 1800

gtggctggga gtaatatggg gtagtgaaac cacatactat aattcagctc tcaaatccag 1860

actgaccatc atcaaggaca actccaagag ccaagttttc ttaaaaatga acagtctgca 1920

aactgatgac acagccattt actactgtgc caaacattat tactacggtg gtagctatgc 1980

tatggactac tggggtcaag gaacctcagt caccgtctcc tcagcggccg caggtggagg 2040

aggttctgga ggtggtggat caggtggtgg aggatcttta gaaagtcagc ctcataccaa 2100

accatccgtt tttgtcatga aaaatggaac aaatgtcgct tgtctggtga aggaattcta 2160

ccccaaggat ataagaataa atctcgtgtc atccaagaag ataacagagt ttgatcctgc 2220

tattgtcatc tctcccagtg ggaagtacaa tgctgtcaag cttggtaaat atgaagattc 2280

aaattcagtg acatgttcag ttcaacacga caataaaact gtgcactcca ctgactttga 2340

agtgaagaca gattctacag atcacgtaaa accaaaggaa actgaaaaca caaagcaacc 2400

ttcaaagagc tgccataaac ccaaagccat agttcatacc gagaaggtga acatgatgtc 2460

cctcacagtg cttgggctac gaatgctgtt tgcaaagact gttgccgtca attttctctt 2520

gactgccaag ttatttttct tggggtcagg cgagggcaga ggaagtctgc taacatgcgg 2580

tgacgtcgag gagaatcctg gacctatgct actacttgtg acctcactat tgttatgcga 2640

actcctcat cccgcattct tgctgattcc agataaacaa cttgatgcag atgtttcccc 2700

caagcccact atttttcttc cttcaattgc tgaaacaaag ctccagaagg ctggaacata 2760

cctttgtctt cttgagaaat ttttccctga tgttattaag atacattggc aagaaaagaa 2820

gagcaacacg attctgggat cccaggaggg gaacaccatg aagactaacg acacatacat 2880

gaaatttagc tggttaacgg tgccagaaaa gtcactggac aaagaacaca gatgtatcgt 2940

cagacatgag aataataaaa acggagttga tcaagaaatt atctttcctc caataaagac 3000

agatgtcatc acaatggatc ccaaagacaa ttgttcaaaa gatgcaaatg atacactact 3060
gctgcagctc acaaacacct ctgcatatta catgtacctc ctcctgctcc tcaagagtgt 3120
ggtctatttt gccatcatca cctgctgtct gcttagaaga acggctttct gctgcaatgg 3180
agagaaatca taatgagata tcgagcatct taccgccatt tatacccata tttgttctgt 3240
ttttcttgat ttgggtatac atttaaatgt taataaaaca aaatggtggg gcaatcattt 3300
acatttttag ggatatgtaa ttactagttc aggtgtattg ccacaagaca aacatgttaa 3360
gaaactttcc cgttatttac gctctgttcc tgttaatcaa cctctggatt acaaaatttg 3420

tgaaagattg actgatattc ttaactatgt tgctcctttt acgctgtgtg gatatgctgc 3480
tttatagcct ctgtatctag ctattgcttc ccgtacggct ttcgttttct cctccttgta 3540
taaatcctgg ttgctgtctc ttttagagga gttgtggccc gttgtccgtc aacgtggcgt 3600
ggtgtgctct gtgtttgctg acgcaacccc cactggctgg ggcattgcca ccacctgtca 3660
actcctttct gggactttcg ctttcccccc cccgatcgcc acggcagaac tcatcgccgc 3720
ctgccttgcc cgctgctgga caggggctag gttgctgggc actgataatt ccgtggtgtt 3780
gtcagtactg gtacctttaa gaccaatgac ttacaaggca gctgtagatc ttagccactt 3840

tttaaaagaa aaggggggac tggaagggct aattcactcc caaagaagac aagatctgct 3900
ttttgcctgt actgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc tctctggcta 3960
actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgcttc aatgatcata 4020
atcaagccat atcacatctg tagaggttta cttgctttaa aaaacctcca cacctccccc 4080
tgaacctgaa acataaaatg aatgcaattg ttgttgttaa cttgtttatt gcagcttata 4140
atggttacaa ataaagcaat agcatcacaa atttcacaaa taaagcattt ttttcactgc 4200
attctagttg tggtttgtcc aaactcatca atgtatctta tcatgtctgg atctgcgtcg 4260

acacgaagag acgactgact gactgactgg aaagaggaag ggctggaaga ggaaggagct 4320
tgatccagat cccgatctcg atccagatcc ggatcgcagc ttggcgtaat catggtcata 4380
gctgtttcct gtgtgaaatt gttatccgct cacaattcca cacaacatac gagccggaag 4440
cataaagtgt aaagcctggg gtgcctaatg agtgagctaa ctcacattaa ttgcgttgcg 4500
ctcactgccc gctttccagt cgggaaacct gtcgtgccag ctgcattaat gaatcggcca 4560
acgcgcgggg agaggcggtt tgcgtattgg gcgctcttcc gcttcctcgc tcactgactc 4620
gctgcgctcg gtcgttcggc tgcggcgagc ggtatcagct cactcaaagg cggtaatacg 4680

gttatccaca gaatcagggg ataacgcagg aaagaacatg tgagcaaaag gccagcaaaa 4740

ggccaggaac cgtaaaaagg ccgcgttgct ggcgtttttc cataggctcc gccccctga 4800

cgagcatcac aaaaatcgac gctcaagtca gaggtggcga aacccgacag gactataaag 4860

ataccaggcg tttcccctg gaagctccct cgtgcgctct cctgttccga ccctgccgct 4920

taccggatac ctgtccgcct ttctcccttc gggaagcgtg gcgctttctc atagctcacg 4980

ctgtaggtat ctcagttcgg tgtaggtcgt tcgctccaag ctgggctgtg tgcacgaacc 5040

cccccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga 5100

gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggctacact 5160

agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt 5220

ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag 5280

cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg 5340

tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag attatcaaaa 5400

aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata 5460

tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 5520

atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgttgctag gttactgtca 5580

tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca aaagagtttg tagaaacgca 5640

aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat cggtggcagt ttatggcggg 5700

cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt tcaaatccgc tcccggcgga 5760

tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga taaaacgaaa ggcccagtct 5820

ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc cctactctcg catgggttgc 5880

ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct tatcatcgaa tttctgccat 5940

tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg cgtttaaggg caccaataac 6000

tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca gtactgttgt aattcattaa 6060

gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg aacctgaatc gccagcggca 6120

tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt gaaaacgggg gcgaagaagt 6180

tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact cacccaggga ttggctgaga 6240

cgaaaaacat attctcaata aacccttttag ggaaataggc caggttttca ccgtaacacg 6300

ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc gtcgtggtat tcactccaga 6360

gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta acaagggtga acactatccc 6420

atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc cggatgagca ttcatcaggc 6480

gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt atttttcttt acggtcttta 6540

aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt acattgagca actgactgaa 6600

atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc aacggtggta tatccagtga 6660

tttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct cgataactca aaaaatacgc 6720

ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc tcttacgtgc cgatcaacgt 6780

ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg cgtatcacga ggccagcttg 6840

ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag tttggaacaa gagtccacta 6900

ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg tctatcaggg cgatggccca 6960

ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga ggtgccgtaa agcactaaat 7020

cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg gaaagccggc gaacgtggcg 7080

agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg cgctggcaag tgtagcggtc 7140

acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc cgctacaggg cgcgtactat 7200

ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg cgtaaggaga aaataccgca 7260

tcaggcgcca ttcgccattc aggctgcgca actgttggga agggcgatcg gtgcgggcct 7320

cttcgctatt acgccagctg gcgaaagggg gatgtgctgc aaggcgatta agttgggtaa 7380

cgccagggtt ttcccagtca cgacgttgta aaacgacggc cagtgaattg atcgagatcg 7440

tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt cagtggagag gactttcact 7500

gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat tattgactag ttattaatag 7560

taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg agttccgcgt tacataactt 7620

acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgaccccc gcccattgac gtcaataatg 7680

acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt gacgtcaatg ggtggagtat 7740

ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc atatgccaag tacgcccccc 7800

attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg cccagtacat gaccttatgg 7860

gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg ctattaccat ggtgatgcgg 7920

ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact cacggggatt tccaagtctc 7980

caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa atcaacggga ctttccaaaa 8040

tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta ggcgtgtacg gtgggaggtc 8100

tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg ttagaccaga tctgagcctg 8160

ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct caataaagct tgccttgagt 8220

gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt aactagagat ccctcagacc 8280

cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga acagggactt gaaagcgaaa 8340

gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg ctgaagcgcg cacggcaaga 8400

ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga ctagcggagg ctagaaggag 8460

agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa ttagataaat gggaaaaaat 8520
tcggttaagg ccaggggaa agaaacaata taaactaaaa catatagtta gggcaagcag 8580
ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag acatcagaag gctgtagaca 8640
aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca gaagaactta gatcattata 8700
taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata gatgtaaaag acaccaagga 8760
agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag aaaaaggcac agcaagcgat 8820
cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa ttggagaagt gaattatata 8880

aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc caccaaggca aagagaagag 8940
tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt gttccttggg ttcttgggag 9000
cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac ggtacaggcc agacaattat 9060
tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc tattgaggcg caacagcatc 9120
tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc aagaatcctg gctgtggaaa 9180
gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg ctctggaaaa ctcatttgca 9240
ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc tctggaacag atttggaata 9300

acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta cacaagctta atacactcct 9360
taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca agaattattg gaattagata 9420
aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg gctgtggtat ataaaattat 9480
tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt ttttgctgta ctttctatag 9540
tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca gacccacctc ccaatcccga 9600
ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt taaaagaaaa ggggggattg 9660
gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc aacagacata caaactaaag 9720

aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt ttattacagg gacagcagaa 9780
atccactttg g 9791
<210> 185
<211> 9924
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 185

gacattgatt attgactagt tattaatagt aatcaattac ggggtcatta gttcatagcc 60

catatatgga gttccgcgtt acataactta cggtaaatgg cccgcctggc tgaccgccca 120

acgacccccg cccattgacg tcaataatga cgtatgttcc catagtaacg ccaataggga 180

ctttccattg acgtcaatgg gtggagtatt tacggtaaac tgcccacttg gcagtacatc 240

aagtgtatca tatgccaagt acgcccccta ttgacgtcaa tgacggtaaa tggcccgcct 300

ggcattatgc ccagtacatg accttatggg actttcctac ttggcagtac atctacgtat 360

tagtcatcgc tattaccatg gtgatgcggt tttggcagta catcaatggg cgtggatagc 420

ggtttgactc acggggattt ccaagtctcc accccattga cgtcaatggg agtttgtttt 480

ggcaccaaaa tcaacgggac tttccaaaat gtcgtaacaa ctccgcccca ttgacgcaaa 540

tgggcggtag gcgtgtacgg tgggaggtct atataagcag agctcgttta gtgaaccggg 600

tctctctggt tagaccagat ctgagcctgg gagctctctg gctaactagg gaacccactg 660

cttaagcctc aataaagctt gccttgagtg ctcaaagtag tgtgtgcccg tctgttgtgt 720

gactctggta actagagatc cctcagaccc ttttagtcag tgtggaaaat ctctagcagt 780

ggcgcccgaa cagggacttg aaagcgaaag taaagccaga ggagatctct cgacgcagga 840

ctcggcttgc tgaagcgcgc acggcaagag gcgaggggcg gcgactggtg agtacgccaa 900

aaattttgac tagcggaggc tagaaggaga gagtagggtg cgagagcgtc ggtattaagc 960

gggggagaat tagataaatg ggaaaaaatt cggttaaggc caggggggaaa gaaacaatat 1020

aaactaaaac atatagttag ggcaagcagg gagctagaac gattcgcagt taatcctggc 1080

cttttagaga catcagaagg ctgtagacaa atactgggac agctacaacc atcccttcag 1140

acaggatcag aagaacttag atcattatat aatacaatag cagtcctcta ttgtgtgcat 1200

caaaggatag atgtaaaaga caccaaggaa gccttagata agatagagga agagcaaaac 1260

aaaagtaaga aaaaggcaca gcaagcgatc ttcagacctg gaggaggcag gaggcgatat 1320

gagggacaat tggagaagtg aattatataa atataaagta gtaaaaattg aaccattagg 1380

agtagcaccc accaaggcaa agagaagagt ggtgcagaga gaaaaaagag cagtgggaat 1440

aggagctttg ttccttgggt tcttgggagc agcaggaagc actatgggcg cagcgtcaat 1500

gacgctgacg gtacaggcca gacaattatt gtctgatata gtgcagcagc agaacaattt 1560

gctgagggct attgaggcgc aacagcatct gttgcaactc acagtctggg gcatcaaaca 1620

gctccaggca agaatcctgg ctgtggaaag atacctaaag gatcaacagc tcctggggat 1680

ttggggttgc tctggaaaac tcatttgcac cactgctgtg ccttggaatg ctagttggag 1740

taataaatct ctggaacaga tttggaataa catgacctgg atggagtggg acagagaaat 1800

taacaattac acaagcttaa tacactcctt aattgaagaa tcgcaaaacc agcaagaaaa 1860

gaatgaacaa gaattattgg aattagataa atgggcaagt ttgtggaatt ggtttaacat 1920

aacaaattgg ctgtggtata taaaattatt cataatgata gtaggaggct tggtaggttt 1980

aagaatagtt tttgctgtac tttctatagt gaatagagtt aggcagggat attcaccatt 2040

atcgtttcag acccacctcc caatcccgag gggaccacgc gtacaaatgg cagtattcat 2100

ccacaatttt aaaagaaaag gggggattgg ggggtacagt gcaggggaaa gaatagtaga 2160

cataatagca acagacatac aaactaaaga attacaaaaa caaattacaa aaattcaaaa 2220

ttttcgggtt tattacaggg acagcagaaa tccactttgg aaagctgagc atccggctcc 2280

ggtgcccgtc agtgggcaga gcgcacatcg cccacagtcc ccgagaagtt gggggggaggg 2340

gtcggcaatt gaaccggtgc ctagagaagg tggcgcgggg taaactggga aagtgatgtc 2400

gtgtactggc tccgcctttt tcccgagggt gggggagaac cgtatataag tgcagtagtc 2460

gccgtgaacg ttctttttcg caacgggttt gccgccagaa cacaggtaag tgccgtgtgt 2520

ggttcccgcg ggcctggcct ctttacgggt tatggccctt gcgtgccttg aattacttcc 2580

acgcccctgg ctgcagtacg tgattcttga tcccgagctt cgggttggaa gtgggtggga 2640

gagttcgagg ccttgcgctt aaggagcccc ttcgcctcgt gcttgagttg aggcctggcc 2700

tgggcgctgg ggccgccgcg tgcgaatctg gtggcacctt cgcgcctgtc tcgctgcttt 2760

cgataagtct ctagccattt aaaatttttg atgacctgct gcgacgcttt ttttctggca 2820

agatagtctt gtaaatgcgg gccaagatct gcacactggt atttcggttt ttggggccgc 2880

gggcggcgac ggggcccgtg cgtcccagcg cacatgttcg gcgaggcggg gcctgcgagc 2940

gcggccaccg agaatcggac ggggggtagtc tcaagctggc cggcctgctc tggtgcctgg 3000

cctcgcgccg ccgtgtatcg ccccgccctg ggcggcaagg ctggcccggt cggcaccagt 3060

tgcgtgagcg gaaagatggc cgcttcccgg ccctgctgca gggagctcaa aatggaggac 3120

gcggcgctcg ggagagcggg cgggtgagtc acccacacaa aggaaaaggg cctttccgtc 3180

ctcagccgtc gcttcatgtg actccacgga gtaccgggcg ccgtccaggc acctcgatta 3240

gttctcgagc ttttggagta cgtcgtcttt aggttggggg gaggggtttt atgcgatgga 3300

gtttccccac actgagtggg tggagactga agttaggcca gcttggcact tgatgtaatt 3360

ctccttggaa tttgcccttt ttgagtttgg atcttggttc attctcaagc ctcagacagt 3420

ggttcaaagt ttttttcttc catttcaggt gtcgtgaaaa ctacccctca gagccgccac 3480

catgcttctc ctggtgacaa gccttctgct ctgtgagtta ccacacccag cattcctcct 3540

gatcccaagt cagcctcata ccaaaccatc cgtttttgtc atgaaaaatg gaacaaatgt 3600

cgcttgtctg gtgaaggaat tctaccccaa ggatataaga ataaatctcg tgtcatccaa 3660

gaagataaca gagtttgatc ctgctattgt catctctccc agtgggaagt acaatgctgt 3720

caagcttggt aaatatgaag attcaaattc agtgacatgt tcagttcaac acgacaataa 3780

aactgtgcac tccactgact ttgaagtgaa gacagattct acagatcacg taaaaccaaa 3840

ggaaactgaa aacacaaagc aaccttcaaa gagctgccat aaacccaaag ccatagttca 3900

taccgagaag gtgaacatga tgtccctcac agtgcttggg ctacgaatgc tgtttgcaaa 3960

gactgttgcc gtcaattttc tcttgactgc caagttattt ttcttggggt caggcgaggg 4020

cagaggaagt ctgctaacat gcggtgacgt cgaggagaat cctggaccta tgctactact 4080

tgtgacctca ctattgttat gcgaactccc tcatcccgca ttcttgctga ttccagacat 4140

tcagatgact caaacaactt ccagcctctc cgcctcactc ggcgaccgcg taacaataag 4200

ctgtcgggcc tcgcaagata ttagtaagta cctgaattgg tatcagcaaa aacccgatgg 4260

tacagtcaag cttctgatct accataccag tcgtctgcac agcggtgtcc ccagcaggtt 4320

cagcggctca ggatctggta ccgattattc actgacgatt tccaaccttg agcaggagga 4380

catcgccacc tacttctgcc agcagggtaa tactctgccg tacacattcg ggggcggtac 4440

caagctcgag atcacgggtt caacaagcgg ttctggcaag ccaggcagcg gcgaggggag 4500

tacaaagggg gaggtgaagt tgcaggaaag tggccctgga ttggtggccc cgagccagag 4560

tctgtctgtc acctgcacag tttccggagt aagtctgcct gattacggag tgtcctggat 4620

cagacagcca cctcgaaagg gcttggagtg gcttggggtc atttggggca gtgaaaccac 4680

atactacaac agcgctctta agtccaggct cactatcatc aaggacaatt caaagagcca 4740

agtattcttg aaaatgaatt ccctgcagac tgatgacacc gctatttatt attgcgctaa 4800

acattattac tatggaggtt cttatgccat ggactactgg gggcagggta cctctgtgac 4860

agtgagttca gctgcagctg gaggtggagg tagcggaggc ggtggtagtg gaggggtgg 4920

ttctctggaa gataaacaac ttgatgcaga tgtttcccc aagcccacta tttttcttcc 4980

ttcaattgct gaaacaaagc tccagaaggc tggaacatac ctttgtcttc ttgagaaatt 5040

tttccctgat gttattaaga tacattggca agaaaagaag agcaacacga ttctgggatc 5100

ccaggagggg aacaccatga agactaacga cacatacatg aaatttagct ggttaacggt 5160

gccagaaaag tcactggaca aagaacacag atgtatcgtc agacatgaga ataataaaaa 5220

cggagttgat caagaaatta tctttcctcc aataaagaca gatgtcatca caatggatcc 5280

caaagacaat tgttcaaaag atgcaaatga tacactactg ctgcagctca caaacacctc 5340

tgcatattac atgtacctcc tcctgctcct caagagtgtg gtctattttg ccatcatcac 5400

ctgctgtctg cttagaagaa cggctttctg ctgcaatgga gagaaatcat aatgagatat 5460

cgagcatctt accgccattt atacccatat ttgttctgtt tttcttgatt tgggtataca 5520

tttaaatgtt aataaaacaa aatggtgggg caatcattta catttttagg gatatgtaat 5580

tactagttca ggtgtattgc cacaagacaa acatgttaag aaactttccc gttatttacg 5640

ctctgttcct gttaatcaac ctctggatta caaaatttgt gaaagattga ctgatattct 5700

taactatgtt gctcctttta cgctgtgtgg atatgctgct ttatagcctc tgtatctagc 5760

tattgcttcc cgtacggctt tcgttttctc ctccttgtat aaatcctggt tgctgtctct 5820

tttagaggag ttgtggcccg ttgtccgtca acgtggcgtg gtgtgctctg tgtttgctga 5880

cgcaaccccc actggctggg gcattgccac cacctgtcaa ctcctttctg ggactttcgc 5940

tttccccctc ccgatcgcca cggcagaact catcgccgcc tgccttgccc gctgctggac 6000

aggggctagg ttgctgggca ctgataattc cgtggtgttg tcagtactgg taccttaag 6060

accaatgact tacaaggcag ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa agggggggact 6120

ggaagggcta attcactccc aaagaagaca agatctgctt tttgcctgta ctgggtctct 6180

ctggttagac cagatctgag cctgggagct ctctggctaa ctagggaacc cactgcttaa 6240

gcctcaataa agcttgcctt gagtgcttca agtagtgtgt gcccgtctgt tgtgtgactc 6300

tggtaactag agatccctca gacccttta gtcagtgtgg aaaatctcta gcatgatcat 6360

aatcaagcca tatcacatct gtagaggttt acttgcttta aaaaacctcc acacctcccc 6420

ctgaacctga aacataaaat gaatgcaatt gttgttgtta acttgtttat tgcagcttat 6480

aatggttaca aataaagcaa tagcatcaca aatttcacaa ataaagcatt tttttcactg 6540

cattctagtt gtggtttgtc caaactcatc aatgtatctt atcatgtctg gatctgcgtc 6600

gacacgaaga gacgactgac tgactgactg gaaagaggaa gggctggaag aggaaggagc 6660

ttgatccaga tcccgatctc gatccagatc cggatcgcag cttggcgtaa tcatggtcat 6720

agctgtttcc tgtgtgaaat tgttatccgc tcacaattcc acacaacata cgagccggaa 6780

gcataaagtg taaagcctgg ggtgcctaat gagtgagcta actcacatta attgcgttgc 6840

gctcactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgtcgtgcca gctgcattaa tgaatcggcc 6900

aacgcgcggg gagaggcggt ttgcgtattg ggcgctcttc cgcttcctcg ctcactgact 6960

cgctgcgctc ggtcgttcgg ctgcggcgag cggtatcagc tcactcaaag gcggtaatac 7020

ggttatccac agaatcaggg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa ggccagcaaa 7080

aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcgttttt ccataggctc cgccccctg 7140

acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agaggtggcg aaacccgaca ggactataaa 7200

gataccaggc gtttccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tcctgttccg accctgccgc 7260

ttaccggata cctgtccgcc tttctccctt cgggaagcgt ggcgctttct catagctcac 7320

gctgtaggta tctcagttcg gtgtaggtcg ttcgctccaa gctgggctgt gtgcacgaac 7380

cccccgttca gcccgaccgc tgcgccttat ccggtaacta tcgtcttgag tccaacccgg 7440

taagacacga cttatcgcca ctggcagcag ccactggtaa caggattagc agagcgaggt 7500

atgtaggcgg tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa ctacggctac actagaagaa 7560

cagtatttgg tatctgcgct ctgctgaagc cagttacctt cggaaaaaga gttggtagct 7620

cttgatccgg caaacaaacc accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc aagcagcaga 7680

ttacgcgcag aaaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg gggtctgacg 7740

ctcagtggaa cgaaaactca cgttaaggga ttttggtcat gagattatca aaaaggatct 7800

tcacctagat cctttttaaat taaaaatgaa gttttaaatc aatctaaagt atatatgagt 7860

aaacttggtc tgacagttac caatgcttaa tcagtgaggc acctatctca gcgatctgtc 7920

tatttcgttc atccatagtt gcctgactcc ccgtcgttgc taggttactg tcatgagcgg 7980

atacatattt gaatgtattt agaaaaataa acaaaagagt ttgtagaaac gcaaaaaggc 8040

catccgtcag gatggccttc tgcttaattt gatcggtggc agtttatggc gggcgtcctg 8100

cccgccaccc tccgggccgt tgcttcgcaa cgttcaaatc cgctcccggc ggatttgtcc 8160

tactcaggag agcgttcacc gacaaacaac agataaaacg aaaggcccag tctttcgact 8220

gagcctttcg ttttatttga tgcctggcag ttccctactc tcgcatgggt tgcggccgcc 8280

cgggccgtcg accaattctc atgtttgaca gcttatcatc gaatttctgc cattcatccg 8340

cttattatca cttattcagg cgtagcaacc aggcgtttaa gggcaccaat aactgcctta 8400

aaaaaattac gccccgccct gccactcatc gcagtactgt tgtaattcat taagcattct 8460

gccgacatgg aagccatcac aaacggcatg atgaacctga atcgccagcg gcatcagcac 8520

cttgtcgcct tgcgtataat atttgcccat ggtgaaaacg ggggcgaaga agttgtccat 8580

attggccacg tttaaatcaa aactggtgaa actcacccag ggattggctg agacgaaaaa 8640

catattctca ataaaccctt tagggaaata ggccaggttt tcaccgtaac acgccacatc 8700

ttgcgaatat atgtgtagaa actgccggaa atcgtcgtgg tattcactcc agagcgatga 8760

aaacgtttca gtttgctcat ggaaaacggt gtaacaaggg tgaacactat cccatatcac 8820

cagctcaccg tctttcattg ccatacgaaa ttccggatga gcattcatca ggcgggcaag 8880

aatgtgaata aaggccggat aaaacttgtg cttatttttc tttacggtct ttaaaaaggc 8940

cgtaatatcc agctgaacgg tctggttata ggtacattga gcaactgact gaaatgcctc 9000

aaaatgttct ttacgatgcc attgggatat atcaacggtg gtatatccag tgatttttt 9060

ctccatttta gcttccttag ctcctgaaaa tctcgataac tcaaaaaata cgcccggtag 9120

tgatcttatt tcattatggt gaaagttgga acctcttacg tgccgatcaa cgtctcattt 9180

tcgccaaaag tgacattaac ctataaaaat aggcgtatca cgaggccagc ttgggaaacc 9240

ataagaccga gatagagttg agtgttgttc cagtttggaa caagagtcca ctattaaaga 9300

acgtggactc caacgtcaaa gggcgaaaaa ccgtctatca gggcgatggc ccactacgtg 9360

aaccatcacc caaatcaagt tttttggggt cgaggtgccg taaagcacta aatcggaacc 9420

ctaaagggag cccccgattt agagcttgac ggggaaagcc ggcgaacgtg gcgagaaagg 9480

aagggaagaa agcgaaagga gcgggcgcta aggcgctggc aagtgtagcg gtcacgctgc 9540

gcgtaaccac cacacccgcc gcgcttaatg cgccgctaca gggcgcgtac tatggttgct 9600

ttgacgtatg cggtgtgaaa taccgcacag atgcgtaagg agaaaatacc gcatcaggcg 9660

ccattcgcca ttcaggctgc gcaactgttg ggaagggcga tcggtgcggg cctcttcgct 9720

attacgccag ctggcgaaag gggatgtgc tgcaaggcga ttaagttggg taacgccagg 9780

gttttcccag tcacgacgtt gtaaaacgac ggccagtgaa ttgatcgaga tcgtgatccg 9840

gatcaagatc cagatcgaat tggaggctac agtcagtgga gaggactttc actgactgac 9900

tgactgcgtc tcaacctcct aggg 9924

<210> 186

<211> 9845

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 186

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggcgtaatca 360

tggtcatagc tgtttcctgt gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga 420

gccggaagca taaagtgtaa agcctggggt gcctaatgag tgagctaact cacattaatt 480

gcgttgcgct cactgcccgc tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga 540

atcggccaac gcgcggggag aggcggtttg cgtattgggc gctcttccgc ttcctcgctc 600

actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg 660
gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc 720
cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc 780
ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga 840
ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc 900
ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat 960
agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg 1020

cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc 1080
aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga 1140
gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggctacact 1200
agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt 1260
ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag 1320
cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg 1380
tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag attatcaaaa 1440

aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata 1500
tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 1560
atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgttgctag gttactgtca 1620
tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca aaagagtttg tagaaacgca 1680
aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat cggtggcagt ttatggcggg 1740
cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt tcaaatccgc tcccggcgga 1800
tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga taaaacgaaa ggcccagtct 1860

ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc cctactctcg catgggttgc 1920
ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct tatcatcgaa tttctgccat 1980
tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg cgtttaaggg caccaataac 2040
tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca gtactgttgt aattcattaa 2100
gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg aacctgaatc gccagcggca 2160
tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt gaaaacgggg gcgaagaagt 2220
tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact cacccaggga ttggctgaga 2280

cgaaaaacat attctcaata aacccttag ggaaataggc caggttttca ccgtaacacg 2340

ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc gtcgtggtat tcactccaga 2400

gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta acaagggtga acactatccc 2460

atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc cggatgagca ttcatcaggc 2520

gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt atttttcttt acggtcttta 2580

aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt acattgagca actgactgaa 2640

atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc aacggtggta tatccagtga 2700

tttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct cgataactca aaaaatacgc 2760

ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc tcttacgtgc cgatcaacgt 2820

ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg cgtatcacga ggccagcttg 2880

ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag tttggaacaa gagtccacta 2940

ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg tctatcaggg cgatggccca 3000

ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga ggtgccgtaa agcactaaat 3060

cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg gaaagccggc gaacgtggcg 3120

agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg cgctggcaag tgtagcggtc 3180

acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc cgctacaggg cgcgtactat 3240

ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg cgtaaggaga aaataccgca 3300

tcaggcgcca ttcgccattc aggctgcgca actgttggga agggcgatcg gtgcgggcct 3360

cttcgctatt acgccagctg gcgaaagggg gatgtgctgc aaggcgatta agttgggtaa 3420

cgccagggtt ttcccagtca cgacgttgta aaacgacggc cagtgaattg atcgagatcg 3480

tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt cagtggagag gactttcact 3540

gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat tattgactag ttattaatag 3600

taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg agttccgcgt tacataactt 3660

acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgacccccc gcccattgac gtcaataatg 3720

acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt gacgtcaatg ggtggagtat 3780

ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc atatgccaag tacgcccccct 3840

attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg cccagtacat gaccttatgg 3900

gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg ctattaccat ggtgatgcgg 3960

ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact cacggggatt tccaagtctc 4020

caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa atcaacggga ctttccaaaa 4080

tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta ggcgtgtacg gtgggaggtc 4140

tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg ttagaccaga tctgagcctg 4200

ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct caataaagct tgccttgagt 4260

gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt aactagagat ccctcagacc 4320

cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga acagggactt gaaagcgaaa 4380

gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg ctgaagcgcg cacggcaaga 4440

ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga ctagcggagg ctagaaggag 4500

agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa ttagataaat gggaaaaaat 4560

tcggttaagg ccaggggggaa agaaacaata taaactaaaa catatagtta gggcaagcag 4620

ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag acatcagaag gctgtagaca 4680

aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca gaagaactta gatcattata 4740

taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata gatgtaaaag acaccaagga 4800

agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag aaaaaggcac agcaagcgat 4860

cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa ttggagaagt gaattatata 4920

aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc caccaaggca aagagaagag 4980

tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt gttccttggg ttcttgggag 5040

cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac ggtacaggcc agacaattat 5100

tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc tattgaggcg caacagcatc 5160

tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc aagaatcctg gctgtggaaa 5220

gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg ctctggaaaa ctcatttgca 5280

ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc tctggaacag atttggaata 5340

acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta cacaagctta atacactcct 5400

taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca agaattattg gaattagata 5460

aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg gctgtggtat ataaaattat 5520

tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt ttttgctgta ctttctatag 5580

tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca gacccacctc ccaatcccga 5640

ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt taaaagaaaa ggggggattg 5700

gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc aacagacata caaactaaag 5760

aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt ttattacagg gacagcagaa 5820

atccactttg gaaagctgag catccggctc cggtgcccgt cagtgggcag agcgcacatc 5880

gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat tgaaccggtg cctagagaag 5940

gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg ctccgccttt ttcccgaggg 6000

tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac gttctttttc gcaacgggtt 6060

tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc gggcctggcc tctttacggg 6120
ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacgcccctg gctgcagtac gtgattcttg 6180
atcccgagct tcgggttgga agtgggtggg agagttcgag gccttgcgct taaggagccc 6240
cttcgcctcg tgcttgagtt gaggcctggc ctgggcgctg gggccgccgc gtgcgaatct 6300
ggtggcacct tcgcgcctgt ctcgctgctt tcgataagtc tctagccatt taaaattttt 6360
gatgacctgc tgcgacgctt tttttctggc aagatagtct tgtaaatgcg ggccaagatc 6420
tgcacactgg tatttcggtt tttggggccg cgggcggcga cggggcccgt gcgtcccagc 6480

gcacatgttc ggcgaggcgg ggcctgcgag cgcggccacc gagaatcgga cgggggtagt 6540
ctcaagctgg ccggcctgct ctggtgcctg gcctcgcgcc gccgtgtatc gccccgccct 6600
gggcggcaag gctggcccgg tcggcaccag ttgcgtgagc ggaaagatgg ccgcttcccg 6660
gccctgctgc agggagctca aaatggagga cgcggcgctc gggagagcgg gcgggtgagt 6720
cacccacaca aaggaaaagg gcctttccgt cctcagccgt cgcttcatgt gactccacgg 6780
agtaccgggc gccgtccagg cacctcgatt agttctcgag cttttggagt acgtcgtctt 6840
taggttgggg ggaggggttt tatgcgatgg agtttcccca cactgagtgg gtggagactg 6900

aagttaggcc agcttggcac ttgatgtaat tctccttgga atttgccctt tttgagtttg 6960
gatcttggtt cattctcaag cctcagacag tggttcaaag ttttttttctt ccatttcagg 7020
tgtcgtgaaa actacccctc agagccgcca ccatgcttct cctggtgaca agccttctgc 7080
tctgtgagtt accacaccca gcattcctcc tgatcccaag tcagcctcat accaaaccat 7140
ccgtttttgt catgaaaaat ggaacaaatg tcgcttgtct ggtgaaggaa ttctacccca 7200
aggatataag aataaatctc gtgtcatcca agaagataac agagtttgat cctgctattg 7260
tcatctctcc cagtgggaag tacaatgctg tcaagcttgg taaatatgaa gattcaaatt 7320

cagtgacatg ttcagttcaa cacgacaata aaactgtgca ctccactgac tttgaagtga 7380
agacagattc tacagatcac gtaaaaccaa aggaaactga aaacacaaag caaccttcaa 7440
agagctgcca taaacccaaa gccatagttc ataccgagaa ggtgaacatg atgtccctca 7500
cagtgcttgg gctacgaatg ctgtttgcaa agactgttgc cgtcaatttt ctcttgactg 7560
ccaagttatt tttcttgggg tcaggcgcta ctaacttcag cctgctgaag caggctggag 7620
acgtggagga gaaccctgga cctatgctac tacttgtgac ctcactattg ttatgcgaac 7680
tccctcatcc cgcattcttg ctgattccag acattcagat gactcaaaca acttccagcc 7740

tctccgcctc actcggcgac cgcgtaacaa taagctgtcg ggcctcgcaa gatattagta 7800

agtacctgaa ttggtatcag caaaaacccg atggtacagt caagcttctg atctaccata 7860

ccagtcgtct gcacagcggt gtccccagca ggttcagcgg ctcaggatct ggtaccgatt 7920

attcactgac gatttccaac cttgagcagg aggacatcgc cacctacttc tgccagcagg 7980

gtaatactct gccgtacaca ttcgggggcg gtaccaagct cgagatcacg ggttcaacaa 8040

gcggttctgg caagccaggc agcggcgagg ggagtacaaa gggggaggtg aagttgcagg 8100

aaagtggccc tggattggtg gccccgagcc agagtctgtc tgtcacctgc acagtttccg 8160

gagtaagtct gcctgattac ggagtgtcct ggatcagaca gccacctcga aagggcttgg 8220

agtggcttgg ggtcatttgg ggcagtgaaa ccacatacta caacagcgct cttaagtcca 8280

ggctcactat catcaaggac aattcaaaga gccaagtatt cttgaaaatg aattccctgc 8340

agactgatga caccgctatt tattattgcg ctaaacatta ttactatgga ggttcttatg 8400

ccatggacta ctgggggcag ggtacctctg tgacagtgag ttcagctgca gctggaggtg 8460

gaggtagcgg aggcggtggt agtggagggg gtggttctct ggaagataaa caacttgatg 8520

cagatgtttc ccccaagccc actatttttc ttccttcaat tgctgaaaca aagctccaga 8580

aggctggaac ataccttttgt cttcttgaga aatttttccc tgatgttatt aagatacatt 8640

ggcaagaaaa gaagagcaac acgattctgg gatcccagga ggggaacacc atgaagacta 8700

acgacacata catgaaattt agctggttaa cggtgccaga aaagtcactg gacaaagaac 8760

acagatgtat cgtcagacat gagaataata aaaacggagt tgatcaagaa attatctttc 8820

ctccaataaa gacagatgtc atcacaatgg atcccaaaga caattgttca aaagatgcaa 8880

atgatacact actgctgcag ctcacaaaca cctctgcata ttacatgtac ctcctcctgc 8940

tcctcaagag tgtggtctat tttgccatca tcacctgctg tctgcttaga agaacggctt 9000

tctgctgcaa tggagagaaa tcataatgag atatcgagca tcttaccgcc atttataccc 9060

atatttgttc tgtttttctt gatttgggta tacatttaaa tgttaataaa acaaaatggt 9120

ggggcaatca tttacatttt tagggatatg taattactag ttcaggtgta ttgccacaag 9180

acaaacatgt taagaaactt tcccgttatt tacgctctgt tcctgttaat caacctctgg 9240

attacaaaat ttgtgaaaga ttgactgata ttcttaacta tgttgctcct tttacgctgt 9300

gtggatatgc tgctttatag cctctgtatc tagctattgc ttcccgtacg gctttcgttt 9360

tctcctcctt gtataaatcc tggttgctgt ctcttttaga ggagttgtgg cccgttgtcc 9420

gtcaacgtgg cgtggtgtgc tctgtgtttg ctgacgcaac ccccactggc tggggcattg 9480

ccaccacctg tcaactcctt tctgggactt tcgctttccc cctcccgatc gccacggcag 9540

aactcatcgc cgcctgcctt gcccgctgct ggacaggggc taggttgctg ggcactgata 9600

attccgtggt gttgtcagta ctggtacctt taagaccaat gacttacaag gcagctgtag 9660

atcttagcca ctttttaaaa gaaaaggggg gactggaagg gctaattcac tcccaaagaa 9720

gacaagatct gctttttgcc tgtactgggt ctctctggtt agaccagatc tgagcctggg 9780

agctctctgg ctaactaggg aacccactgc ttaagcctca ataaagcttg ccttgagtgc 9840

ttcaa 9845

<210> 187

<211> 9927

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 187

gacattgatt attgactagt tattaatagt aatcaattac ggggtcatta gttcatagcc 60

catatatgga gttccgcgtt acataactta cggtaaatgg cccgcctggc tgaccgccca 120

acgacccccg cccattgacg tcaataatga cgtatgttcc catagtaacg ccaatagggа 180

ctttccattg acgtcaatgg gtggagtatt tacggtaaac tgcccacttg gcagtacatc 240

aagtgtatca tatgccaagt acgcccccta ttgacgtcaa tgacggtaaa tggcccgcct 300

ggcattatgc ccagtacatg accttatggg actttcctac ttggcagtac atctacgtat 360

tagtcatcgc tattaccatg gtgatgcggt tttggcagta catcaatggg cgtggatagc 420

ggtttgactc acggggattt ccaagtctcc accccattga cgtcaatggg agtttgtttt 480

ggcaccaaaa tcaacgggac tttccaaaat gtcgtaacaa ctccgcccca ttgacgcaaa 540

tgggcggtag gcgtgtacgg tgggaggtct atataagcag agctcgttta gtgaaccggg 600

tctctctggt tagaccagat ctgagcctgg gagctctctg gctaactagg gaacccactg 660

cttaagcctc aataaagctt gccttgagtg ctcaaagtag tgtgtgcccg tctgttgtgt 720

gactctggta actagagatc cctcagaccc ttttagtcag tgtggaaaat ctctagcagt 780

ggcgcccgaa cagggacttg aaagcgaaag taaagccaga ggagatctct cgacgcagga 840

ctcggcttgc tgaagcgcgc acggcaagag gcgaggggcg gcgactggtg agtacgccaa 900

aaattttgac tagcggaggc tagaaggaga gagtagggtg cgagagcgtc ggtattaagc 960

gggggagaat tagataaatg ggaaaaaatt cggttaaggc caggggggaaa gaaacaatat 1020

aaactaaaac atatagttag ggcaagcagg gagctagaac gattcgcagt taatcctggc 1080

cttttagaga catcagaagg ctgtagacaa atactgggac agctacaacc atcccttcag 1140

acaggatcag aagaacttag atcattatat aatacaatag cagtcctcta ttgtgtgcat 1200

caaaggatag atgtaaaaga caccaaggaa gccttagata agatagagga agagcaaaac 1260

aaaagtaaga aaaaggcaca gcaagcgatc ttcagacctg gaggaggcag gaggcgatat 1320

gagggacaat tggagaagtg aattatataa atataaagta gtaaaaattg aaccattagg 1380

agtagcaccc accaaggcaa agagaagagt ggtgcagaga gaaaaaagag cagtgggaat 1440

aggagctttg ttccttgggt tcttgggagc agcaggaagc actatgggcg cagcgtcaat 1500

gacgctgacg gtacaggcca gacaattatt gtctgatata gtgcagcagc agaacaattt 1560

gctgagggct attgaggcgc aacagcatct gttgcaactc acagtctggg gcatcaaaca 1620

gctccaggca agaatcctgg ctgtggaaag atacctaaag gatcaacagc tcctggggat 1680

ttggggttgc tctggaaaac tcatttgcac cactgctgtg ccttggaatg ctagttggag 1740

taataaatct ctggaacaga tttggaataa catgacctgg atggagtggg acagagaaat 1800

taacaattac acaagcttaa tacactcctt aattgaagaa tcgcaaaacc agcaagaaaa 1860

gaatgaacaa gaattattgg aattagataa atgggcaagt ttgtggaatt ggtttaacat 1920

aacaaattgg ctgtggtata taaaattatt cataatgata gtaggaggct tggtaggttt 1980

aagaatagtt tttgctgtac tttctatagt gaatagagtt aggcagggat attcaccatt 2040

atcgtttcag acccacctcc caatcccgag gggaccacgc gtacaaatgg cagtattcat 2100

ccacaatttt aaaagaaaag gggggattgg ggggtacagt gcaggggaaa gaatagtaga 2160

cataatagca acagacatac aaactaaaga attacaaaaa caaattacaa aaattcaaaa 2220

ttttcgggtt tattacaggg acagcagaaa tccactttgg aaagctgagc atccggctcc 2280

ggtgcccgtc agtgggcaga gcgcacatcg cccacagtcc ccgagaagtt gggggggaggg 2340

gtcggcaatt gaaccggtgc ctagagaagg tggcgcgggg taaactggga aagtgatgtc 2400

gtgtactggc tccgcctttt tcccgagggt gggggagaac cgtatataag tgcagtagtc 2460

gccgtgaacg ttctttttcg caacgggttt gccgccagaa cacaggtaag tgccgtgtgt 2520

ggttcccgcg ggcctggcct ctttacgggt tatggccctt gcgtgccttg aattacttcc 2580

acgcccctgg ctgcagtacg tgattcttga tcccgagctt cgggttggaa gtgggtggga 2640

gagttcgagg ccttgcgctt aaggagcccc ttcgcctcgt gcttgagttg aggcctggcc 2700

tgggcgctgg ggccgccgcg tgcgaatctg gtggcacctt cgcgcctgtc tcgctgcttt 2760

cgataagtct ctagccattt aaaatttttg atgacctgct gcgacgcttt ttttctggca 2820

agatagtctt gtaaatgcgg gccaagatct gcacactggt atttcggttt ttggggccgc 2880

gggcggcgac ggggcccgtg cgtcccagcg cacatgttcg gcgaggcggg gcctgcgagc 2940

gcggccaccg agaatcggac ggggggtagtc tcaagctggc cggcctgctc tggtgcctgg 3000

cctcgcgccg ccgtgtatcg ccccgccctg ggcggcaagg ctggcccggt cggcaccagt 3060

tgcgtgagcg gaaagatggc cgcttcccgg ccctgctgca gggagctcaa aatggaggac 3120

gcggcgctcg ggagagcggg cgggtgagtc acccacacaa aggaaaaggg cctttccgtc 3180

ctcagccgtc gcttcatgtg actccacgga gtaccgggcg ccgtccaggc acctcgatta 3240

gttctcgagc ttttggagta cgtcgtcttt aggttggggg gaggggtttt atgcgatgga 3300

gtttccccac actgagtggg tggagactga agttaggcca gcttggcact tgatgtaatt 3360

ctccttggaa tttgcccttt ttgagtttgg atcttggttc attctcaagc ctcagacagt 3420

ggttcaaagt ttttttcttc catttcaggt gtcgtgaaaa ctacccctca gagccgccac 3480

catgcttctc ctggtgacaa gccttctgct ctgtgagtta ccacacccag cattcctcct 3540

gatcccaagt cagcctcata ccaaaccatc cgtttttgtc atgaaaaatg gaacaaatgt 3600

cgcttgtctg gtgaaggaat tctaccccaa ggatataaga ataaatctcg tgtcatccaa 3660

gaagataaca gagtttgatc ctgctattgt catctctccc agtgggaagt acaatgctgt 3720

caagcttggt aaatatgaag attcaaattc agtgacatgt tcagttcaac acgacaataa 3780

aactgtgcac tccactgact ttgaagtgaa gacagattct acagatcacg taaaaccaaa 3840

ggaaactgaa aacacaaagc aaccttcaaa gagctgccat aaacccaaag ccatagttca 3900

taccgagaag gtgaacatga tgtccctcac agtgcttggg ctacgaatgc tgtttgcaaa 3960

gactgttgcc gtcaattttc tcttgactgc caagttattt ttcttggggt caggcgctac 4020

taacttcagc ctgctgaagc aggctggaga cgtggaggag aaccctggac ctatgctact 4080

acttgtgacc tcactattgt tatgcgaact ccctcatccc gcattcttgc tgattccaga 4140

cattcagatg actcaaacaa cttccagcct ctccgcctca ctcggcgacc gcgtaacaat 4200

aagctgtcgg gcctcgcaag atattagtaa gtacctgaat tggtatcagc aaaaacccga 4260

tggtacagtc aagcttctga tctaccatac cagtcgtctg cacagcggtg tccccagcag 4320

gttcagcggc tcaggatctg gtaccgatta ttcactgacg atttccaacc ttgagcagga 4380

ggacatcgcc acctacttct gccagcaggg taatactctg ccgtacacat tcgggggcgg 4440

taccaagctc gagatcacgg gttcaacaag cggttctggc aagccaggca gcggcgaggg 4500

gagtacaaag ggggaggtga agttgcagga aagtggccct ggattggtgg ccccgagcca 4560

gagtctgtct gtcacctgca cagtttccgg agtaagtctg cctgattacg gagtgtcctg 4620

gatcagacag ccacctcgaa agggcttgga gtggcttggg gtcatttggg gcagtgaaac 4680

cacatactac aacagcgctc ttaagtccag gctcactatc atcaaggaca attcaaagag 4740

ccaagtattc ttgaaaatga attccctgca gactgatgac accgctattt attattgcgc 4800

taaacattat tactatggag gttcttatgc catggactac tgggggcagg gtacctctgt 4860

gacagtgagt tcagctgcag ctggaggtgg aggtagcgga ggcggtggta gtggaggggg 4920
tggttctctg gaagataaac aacttgatgc agatgtttcc cccaagccca ctatttttct 4980
tccttcaatt gctgaaacaa agctccagaa ggctggaaca tacctttgtc ttcttgagaa 5040
atttttccct gatgttatta agatacattg gcaagaaaag aagagcaaca cgattctggg 5100
atcccaggag gggaacacca tgaagactaa cgacacatac atgaaattta gctggttaac 5160
ggtgccagaa aagtcactgg acaaagaaca cagatgtatc gtcagacatg agaataataa 5220
aaacggagtt gatcaagaaa ttatctttcc tccaataaag acagatgtca tcacaatgga 5280

tcccaaagac aattgttcaa aagatgcaaa tgatacacta ctgctgcagc tcacaaacac 5340
ctctgcatat tacatgtacc tcctcctgct cctcaagagt gtggtctatt ttgccatcat 5400
cacctgctgt ctgcttagaa gaacggcttt ctgctgcaat ggagagaaat cataatgaga 5460
tatcgagcat cttaccgcca tttataccca tatttgttct gtttttcttg atttgggtat 5520
acatttaaat gttaataaaa caaaatggtg gggcaatcat ttacattttt agggatatgt 5580
aattactagt tcaggtgtat tgccacaaga caaacatgtt aagaaacttt cccgttattt 5640
acgctctgtt cctgttaatc aacctctgga ttacaaaatt tgtgaaagat tgactgatat 5700

tcttaactat gttgctcctt ttacgctgtg tggatatgct gctttatagc ctctgtatct 5760
agctattgct tcccgtacgg ctttcgtttt ctcctccttg tataaatcct ggttgctgtc 5820
tcttttagag gagttgtggc ccgttgtccg tcaacgtggc gtggtgtgct ctgtgtttgc 5880
tgacgcaacc cccactggct ggggcattgc caccacctgt caactccttt ctgggacttt 5940
cgctttcccc ctcccgatcg ccacggcaga actcatcgcc gcctgccttg cccgctgctg 6000
gacaggggct aggttgctgg gcactgataa ttccgtggtg ttgtcagtac tggtaccttt 6060
aagaccaatg acttacaagg cagctgtaga tcttagccac tttttaaaag aaaaggggga 6120

actggaaggg ctaattcact cccaaagaag acaagatctg ctttttgcct gtactgggtc 6180
tctctggtta gaccagatct gagcctggga gctctctggc taactaggga acccactgct 6240
taagcctcaa taaagcttgc cttgagtgct tcaagtagtg tgtgcccgtc tgttgtgtga 6300
ctctggtaac tagagatccc tcagaccctt ttagtcagtg tggaaaatct ctagcatgat 6360
cataatcaag ccatatcaca tctgtagagg tttacttgct ttaaaaaacc tccacacctc 6420
cccctgaacc tgaaacataa aatgaatgca attgttgttg ttaacttgtt tattgcagct 6480
tataatggtt acaaataaag caatagcatc acaaatttca caaataaagc atttttttca 6540

ctgcattcta gttgtggttt gtccaaactc atcaatgtat cttatcatgt ctggatctgc 6600

gtcgacacga agagacgact gactgactga ctggaaagag gaagggctgg aagaggaagg 6660

agcttgatcc agatcccgat ctcgatccag atccggatcg cagcttggcg taatcatggt 6720

catagctgtt tcctgtgtga aattgttatc cgctcacaat tccacacaac atacgagccg 6780

gaagcataaa gtgtaaagcc tggggtgcct aatgagtgag ctaactcaca ttaattgcgt 6840

tgcgctcact gcccgctttc agtcgggaa acctgtcgtg ccagctgcat taatgaatcg 6900

gccaacgcgc ggggagaggc ggtttgcgta ttgggcgctc ttccgcttcc tcgctcactg 6960

actcgctgcg ctcggtcgtt cggctgcggc gagcggtatc agctcactca aaggcggtaa 7020

tacggttatc cacagaatca ggggataacg caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc 7080

aaaaggccag gaaccgtaaa aaggccgcgt tgctggcgtt tttccatagg ctccgccccc 7140

ctgacgagca tcacaaaaat cgacgctcaa gtcagaggtg gcgaaacccg acaggactat 7200

aaagatacca ggcgtttccc cctggaagct ccctcgtgcg ctctcctgtt ccgaccctgc 7260

cgcttaccgg atacctgtcc gcctttctcc cttcgggaag cgtggcgctt tctcatagct 7320

cacgctgtag gtatctcagt tcggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcacg 7380

aacccccgt tcagcccgac cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgtctt gagtccaacc 7440

cggtaagaca cgacttatcg ccactggcag cagccactgg taacaggatt agcagagcga 7500

ggtatgtagg cggtgctaca gagttcttga agtggtggcc taactacggc tacactagaa 7560

gaacagtatt tggtatctgc gctctgctga agccagttac cttcggaaaa agagttggta 7620

gctcttgatc cggcaaacaa accaccgctg gtagcggtgg ttttttttgtt tgcaagcagc 7680

agattacgcg cagaaaaaaa ggatctcaag aagatccttt gatcttttct acggggtctg 7740

acgctcagtg gaacgaaaac tcacgttaag ggattttggt catgagatta tcaaaaagga 7800

tcttcaccta gatcctttta aattaaaaat gaagttttaa atcaatctaa agtatatatg 7860

agtaaacttg gtctgacagt taccaatgct taatcagtga ggcacctatc tcagcgatct 7920

gtctatttcg ttcatccata gttgcctgac tccccgtcgt tgctaggtta ctgtcatgag 7980

cggatacata tttgaatgta tttagaaaaa taaacaaaag agtttgtaga aacgcaaaaa 8040

ggccatccgt caggatggcc ttctgcttaa tttgatcggt ggcagtttat ggcgggcgtc 8100

ctgcccgcca ccctccgggc cgttgcttcg caacgttcaa atccgctccc ggcggatttg 8160

tcctactcag gagagcgttc accgacaaac aacagataaa acgaaaggcc cagtctttcg 8220

actgagcctt tcgttttatt tgatgcctgg cagttcccta ctctcgcatg ggttgcggcc 8280

gcccgggccg tcgaccaatt ctcatgtttg acagcttatc atcgaatttc tgccattcat 8340

ccgcttatta tcacttattc aggcgtagca accaggcgtt taagggcacc aataactgcc 8400

ttaaaaaaat tacgccccgc cctgccactc atcgcagtac tgttgtaatt cattaagcat 8460

tctgccgaca tggaagccat cacaaacggc atgatgaacc tgaatcgcca gcggcatcag 8520

caccttgtcg ccttgcgtat aatatttgcc catggtgaaa acgggggcga agaagttgtc 8580

catattggcc acgtttaaat caaaactggt gaaactcacc cagggattgg ctgagacgaa 8640

aaacatattc tcaataaacc ctttagggaa ataggccagg ttttcaccgt aacacgccac 8700

atcttgcgaa tatatgtgta gaaactgccg gaaatcgtcg tggtattcac tccagagcga 8760

tgaaaacgtt tcagtttgct catggaaaac ggtgtaacaa gggtgaacac tatcccatat 8820

caccagctca ccgtctttca ttgccatacg aaattccgga tgagcattca tcaggcgggc 8880

aagaatgtga ataaaggccg gataaaactt gtgcttattt ttctttacgg tctttaaaaa 8940

ggccgtaata tccagctgaa cggtctggtt ataggtacat tgagcaactg actgaaatgc 9000

ctcaaaatgt tctttacgat gccattggga tatatcaacg gtggtatatc cagtgatttt 9060

tttctccatt ttagcttcct tagctcctga aaatctcgat aactcaaaaa atacgcccgg 9120

tagtgatctt atttcattat ggtgaaagtt ggaacctctt acgtgccgat caacgtctca 9180

ttttcgccaa aagtgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc agcttgggaa 9240

accataagac cgagatagag ttgagtgttg ttccagtttg gaacaagagt ccactattaa 9300

agaacgtgga ctccaacgtc aaagggcgaa aaaccgtcta tcagggcgat ggcccactac 9360

gtgaaccatc acccaaatca agtttttttgg ggtcgaggtg ccgtaaagca ctaaatcgga 9420

accctaaagg gagcccccga tttagagctt gacggggaaa gccggcgaac gtggcgagaa 9480

aggaagggaa gaaagcgaaa ggagcgggcg ctaaggcgct ggcaagtgta gcggtcacgc 9540

tgcgcgtaac caccacaccc gccgcgctta atgcgccgct acagggcgcg tactatggtt 9600

gctttgacgt atgcggtgtg aaataccgca cagatgcgta aggagaaaat accgcatcag 9660

gcgccattcg ccattcaggc tgcgcaactg ttgggaaggg cgatcggtgc gggcctcttc 9720

gctattacgc cagctggcga aaggggatg tgctgcaagg cgattaagtt gggtaacgcc 9780

agggttttcc cagtcacgac gttgtaaaac gacggccagt gaattgatcg agatcgtgat 9840

ccggatcaag atccagatcg aattggaggc tacagtcagt ggagaggact ttcactgact 9900

gactgactgc gtctcaacct cctaggg 9927

<210> 188

<211> 9407

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 188

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggtcttccgc 360

ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca 420

ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg 480

agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca 540

taggctccgc ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa 600

cccgacagga ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc 660

tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc 720

gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct 780

gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg 840

tcttgagtcc aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag 900

gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta 960

cggctacact agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg 1020

aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt 1080

tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt 1140

ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag 1200

gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg 1260

tcgttgctag gttactgtca tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 1320

aaagagtttg tagaaacgca aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat 1380

cggtggcagt ttatggcggg cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt 1440

tcaaatccgc tcccggcgga tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga 1500

taaaacgaaa ggcccagtct ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc 1560

cctactctcg catgggttgc ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct 1620

tatcatcgaa tttctgccat tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg 1680

cgtttaaggg caccaataac tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca 1740

gtactgttgt aattcattaa gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg 1800

aacctgaatc gccagcggca tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt 1860

gaaaacgggg gcgaagaagt tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact 1920

cacccaggga ttggctgaga cgaaaaacat attctcaata aacccttag ggaaataggc 1980

caggttttca ccgtaacacg ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc 2040

gtcgtggtat tcactccaga gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta 2100

acaagggtga acactatccc atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc 2160

cggatgagca ttcatcaggc gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt 2220

atttttcttt acggtcttta aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt 2280

acattgagca actgactgaa atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc 2340

aacggtggta tatccagtga ttttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct 2400

cgataactca aaaaatacgc ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc 2460

tcttacgtgc cgatcaacgt ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg 2520

cgtatcacga ggccagcttg ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag 2580

tttggaacaa gagtccacta ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg 2640

tctatcaggg cgatggccca ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga 2700

ggtgccgtaa agcactaaat cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg 2760

gaaagccggc gaacgtggcg agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg 2820

cgctggcaag tgtagcggtc acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc 2880

cgctacaggg cgcgtactat ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg 2940

cgtaaggaga aaatacatcg tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt 3000

cagtggagag gactttcact gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat 3060

tattgactag ttattaatag taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg 3120

agttccgcgt tacataactt acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgaccccc 3180

gcccattgac gtcaataatg acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt 3240

gacgtcaatg ggtggagtat ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc 3300

atatgccaag tacgcccccct attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg 3360

cccagtacat gaccttatgg gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg 3420

ctattaccat ggtgatgcgg ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact 3480

cacggggatt tccaagtctc caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa 3540

atcaacggga ctttccaaaa tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta 3600

ggcgtgtacg gtgggaggtc tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg 3660
ttagaccaga tctgagcctg ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct 3720
caataaagct tgccttgagt gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt 3780
aactagagat ccctcagacc cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga 3840
acagggactt gaaagcgaaa gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg 3900
ctgaagcgcg cacggcaaga ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga 3960
ctagcggagg ctagaaggag agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa 4020

ttagataaat gggaaaaaat tcggttaagg ccaggggaa agaaacaata taaactaaaa 4080
catatagtta gggcaagcag ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag 4140
acatcagaag gctgtagaca aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca 4200
gaagaactta gatcattata taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata 4260
gatgtaaaag acaccaagga agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag 4320
aaaaaggcac agcaagcgat cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa 4380
ttggagaagt gaattatata aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc 4440

caccaaggca aagagaagag tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt 4500
gttccttggg ttcttgggag cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac 4560
ggtacaggcc agacaattat tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc 4620
tattgaggcg caacagcatc tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc 4680
aagaatcctg gctgtggaaa gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg 4740
ctctggaaaa ctcatttgca ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc 4800
tctggaacag atttggaata acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta 4860

cacaagctta atacactcct taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca 4920
agaattattg gaattagata aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg 4980
gctgtggtat ataaaattat tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt 5040
ttttgctgta ctttctatag tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca 5100
gacccacctc ccaatcccga ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt 5160
taaaagaaaa ggggggattg gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc 5220
aacagacata caaactaaag aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt 5280

ttattacagg gacagcagaa atccactttg gaaagctgag catccggctc cggtgcccgt 5340

cagtgggcag agcgcacatc gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat 5400

tgaaccggtg cctagagaag gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg 5460

ctccgccttt ttcccgaggg tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac 5520

gttctttttc gcaacgggtt tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc 5580

gggcctggcc tctttacggg ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacgcccctg 5640

gctgcagtac gtgattcttg atcccgagct tcgggttgga agtgggtggg agagttcgag 5700

gccttgcgct taaggagccc cttcgcctcg tgcttgagtt gaggcctggc ctgggcgctg 5760

gggccgccgc gtgcgaatct ggtggcacct tcgcgcctgt ctcgctgctt tcgataagtc 5820

tctagccatt taaaattttt gatgacctgc tgcgacgctt tttttctggc aagatagtct 5880

tgtaaatgcg ggccaagatc tgcacactgg tatttcggtt tttggggccg cgggcggcga 5940

cggggcccgt gcgtcccagc gcacatgttc ggcgaggcgg ggcctgcgag cgcggccacc 6000

gagaatcgga cgggggtagt ctcaagctgg ccggcctgct ctggtgcctg gcctcgcgcc 6060

gccgtgtatc gccccgccct gggcggcaag gctggcccgg tcggcaccag ttgcgtgagc 6120

ggaaagatgg ccgcttcccg gccctgctgc agggagctca aaatggagga cgcggcgctc 6180

gggagagcgg gcgggtgagt cacccacaca aaggaaaagg gcctttccgt cctcagccgt 6240

cgcttcatgt gactccacgg agtaccgggc gccgtccagg cacctcgatt agttctcgag 6300

cttttggagt acgtcgtctt taggttgggg ggaggggttt tatgcgatgg agtttcccca 6360

cactgagtgg gtggagactg aagttaggcc agcttggcac ttgatgtaat tctccttgga 6420

atttgccctt tttgagtttg gatcttggtt cattctcaag cctcagacag tggttcaaag 6480

ttttttttctt ccatttcagg tgtcgtgaaa actacccctc agagccgcca ccatgcttct 6540

cctggtgaca agccttctgc tctgtgagtt accacaccca gcattcctcc tgatcccaga 6600

catccagatg acacagacta catcctccct gtctgcctct ctgggagaca gagtcaccat 6660

cagttgcagg gcaagtcagg acattagtaa atatttaaat tggtatcagc agaaaccaga 6720

tggaactgtt aaactcctga tctaccatac atcaagatta cactcaggag tcccatcaag 6780

gttcagtggc agtgggtctg gaacagatta ttctctcacc attagcaacc tggagcaaga 6840

agatattgcc acttactttt gccaacaggg taatacgctt ccgtacacgt tcggaggggg 6900

gactaagttg gaaataacag gctccacctc tggatccggc aagcccggat ctggcgaggg 6960

atccaccaag ggcgaggtga aactgcagga gtcaggacct ggcctggtgg cgccctcaca 7020

gagcctgtcc gtcacatgca ctgtctcagg ggtctcatta cccgactatg gtgtaagctg 7080

gattcgccag cctccacgaa agggtctgga gtggctggga gtaatatggg gtagtgaaac 7140

cacatactat aattcagctc tcaaatccag actgaccatc atcaaggaca actccaagag 7200

ccaagttttc ttaaaaatga acagtctgca aactgatgac acagccattt actactgtgc 7260

caaacattat tactacggtg gtagctatgc tatggactac tggggtcaag gaacctcagt 7320

caccgtctcc tcagcggccg caggtggagg aggttctgga ggtggtggat caggtggtgg 7380

aggatcttta gaaagtcagc ctcataccaa accatccgtt tttgtcatga aaaatggaac 7440

aaatgtcgct tgtctggtga aggaattcta ccccaaggat ataagaataa atctcgtgtc 7500

atccaagaag ataacagagt ttgatcctgc tattgtcatc tctcccagtg ggaagtacaa 7560

tgctgtcaag cttggtaaat atgaagattc aaattcagtg acatgttcag ttcaacacga 7620

caataaaact gtgcactcca ctgactttga agtgaagaca gattctacag atcacgtaaa 7680

accaaaggaa actgaaaaca caaagcaacc ttcaaagagc tgccataaac ccaaagccat 7740

agttcatacc gagaaggtga acatgatgtc cctcacagtg cttgggctac gaatgctgtt 7800

tgcaaagact gttgccgtca attttctctt gactgccaag ttatttttct tggggtcagg 7860

cgctactaac ttcagcctgc tgaagcaggc tggagacgtg gaggagaacc ctggacctat 7920

gctactactt gtgacctcac tattgttatg cgaactccct catcccgcat tcttgctgat 7980

tccagataaa caacttgatg cagatgtttc ccccaagccc actatttttc ttccttcaat 8040

tgctgaaaca aagctccaga aggctggaac ataccctttgt cttcttgaga aatttttccc 8100

tgatgttatt aagatacatt ggcaagaaaa gaagagcaac acgattctgg gatcccagga 8160

ggggaacacc atgaagacta acgacacata catgaaattt agctggttaa cggtgccaga 8220

aaagtcactg gacaaagaac acagatgtat cgtcagacat gagaataata aaaacggagt 8280

tgatcaagaa attatctttc ctccaataaa gacagatgtc atcacaatgg atcccaaaga 8340

caattgttca aaagatgcaa atgatacact actgctgcag ctcacaaaca cctctgcata 8400

ttacatgtac ctcctcctgc tcctcaagag tgtggtctat tttgccatca tcacctgctg 8460

tctgcttaga agaacggctt tctgctgcaa tggagagaaa tcataatgag atatcgagca 8520

tcttaccgcc atttataccc atatttgttc tgtttttctt gatttgggta tacatttaaa 8580

tgttaataaa acaaaatggt ggggcaatca tttacatttt tagggatatg taattactag 8640

ttcaggtgta ttgccacaag acaaacatgt taagaaactt tcccgttatt tacgctctgt 8700

tcctgttaat caacctctgg attacaaaat ttgtgaaaga ttgactgata ttcttaacta 8760

tgttgctcct tttacgctgt gtggatatgc tgctttatag cctctgtatc tagctattgc 8820

ttcccgtacg gctttcgttt tctcctcctt gtataaatcc tggttgctgt ctcttttaga 8880

ggagttgtgg cccgttgtcc gtcaacgtgg cgtggtgtgc tctgtgtttg ctgacgcaac 8940

ccccactggc tggggcattg ccaccacctg tcaactcctt tctgggactt tcgctttccc 9000

cctcccgatc gccacggcag aactcatcgc cgcctgcctt gcccgctgct ggacaggggc 9060

taggttgctg ggcactgata attccgtggt gttgtcagta ctggtacctt taagaccaat 9120
gacttacaag gcagctgtag atcttagcca ctttttaaaa gaaaaggggg gactggaagg 9180
gctaattcac tcccaaagaa gacaagatct gctttttgcc tgtactgggt ctctctggtt 9240
agaccagatc tgagcctggg agctctctgg ctaactaggg aacccactgc ttaagcctca 9300
ataaagcttg ccttgagtgc ttcaagtagt gtgtgcccgt ctgttgtgtg actctggtaa 9360
ctagagatcc ctcagaccct tttagtcagt gtggaaaatc tctagca 9407

<210> 189
<211> 10203
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 189
ctcgctgcgc tcggtcgttc ggctgcggcg agcggtatca gctcactcaa aggcggtaat 60
acggttatcc acagaatcag gggataacgc aggaaagaac atgtgagcaa aaggccagca 120
aaaggccagg aaccgtaaaa aggccgcgtt gctggcgttt ttccataggc tccgcccccc 180
tgacgagcat cacaaaaatc gacgctcaag tcagaggtgg cgaaacccga caggactata 240
aagataccag gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc cgaccctgcc 300
gcttaccgga tacctgtccg cctttctccc ttcgggaagc gtggcgcttt ctcatagctc 360

acgctgtagg tatctcagtt cggtgtaggt cgttcgctcc aagctgggct gtgtgcacga 420
acccccccgtt cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaaccc 480
ggtaagacac gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta gcagagcgag 540
gtatgtaggc ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct acactagaag 600
aacagtattt ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag 660
ctcttgatcc ggcaaacaaa ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt gcaagcagca 720
gattacgcgc agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga 780

cgctcagtgg aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgaggtgag gcacctatct 840
cagcgatctg tctatttcgt tcatccatag ttgcctgact ccccgtcgtt gctaggttac 900
tgtcatgagc ggatacatat ttgaatgtat ttagaaaaat aaacaaaaga gtttgtagaa 960
acgcaaaaag gccatccgtc aggatggcct tctgcttaat ttgatcggtg gcagtttatg 1020

gcgggcgtcc tgcccgccac cctccgggcc gttgcttcgc aacgttcaaa tccgctcccg 1080

gcggatttgt cctactcagg agagcgttca ccgacaaaca acagataaaa cgaaaggccc 1140

agtctttcga ctgagccttt cgttttattt gatgcctggc agttccctac tctcgcatgg 1200

gttgcggccg cccgggccgt cgaccaattc tcatgtttga cagcttatca tcgaatttct 1260

gccattcatc cgcttattat cacttattca ggcgtagcaa ccaggcgttt aagggcacca 1320

ataactgcct taaaaaaatt acgccccgcc ctgccactca tcgcagtact gttgtaattc 1380

attaagcatt ctgccgacat ggaagccatc acaaacggca tgatgaacct gaatcgccag 1440

cggcatcagc accttgtcgc cttgcgtata atatttgccc atggtgaaaa cgggggcgaa 1500

gaagttgtcc atattggcca cgtttaaatc aaaactggtg aaactcaccc agggattggc 1560

tgagacgaaa aacatattct caataaaccc tttagggaaa taggccaggt tttcaccgta 1620

acacgccaca tcttgcgaat atatgtgtag aaactgccgg aaatcgtcgt ggtattcact 1680

ccagagcgat gaaaacgttt cagtttgctc atggaaaacg gtgtaacaag ggtgaacact 1740

atcccatatc accagctcac cgtctttcat tgccatacga aattccggat gagcattcat 1800

caggcgggca agaatgtgaa taaaggccgg ataaaacttg tgcttatttt tctttacggt 1860

ctttaaaaag gccgtaatat ccagctgaac ggtctggtta taggtacatt gagcaactga 1920

ctgaaatgcc tcaaaatgtt ctttacgatg ccattgggat atatcaacgg tggtatatcc 1980

agtgattttt ttctccattt tagcttcctt agctcctgaa aatctcgata actcaaaaaa 2040

tacgcccggt agtgatctta tttcattatg gtgaaagttg gaacctctta cgtgccgatc 2100

aacgtctcat tttcgccaaa agtgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggcca 2160

gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc 2220

cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg 2280

gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa gtttttgggg gtcgaggtgc cgtaaagcac 2340

taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg 2400

tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg gcaagtgtag 2460

cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta cagggcgcgt 2520

actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga ataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata 2580

catcgtgatc cggatcaaga tccagatcga attggaggct acagtcagtg gagaggactt 2640

tcactgactg actgactgcg tctcaacctc ctaggggaca ttgattattg actagttatt 2700

aatagtaatc aattacgggg tcattagttc atagcccata tatggagttc cgcgttacat 2760

aacttacggt aaatggcccg cctggctgac cgcccaacga cccccgccca ttgacgtcaa 2820

taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg 2880

agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc 2940
cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct 3000
tatgggactt tcctacttgg cagtacatct acgtattagt catcgctatt accatggtga 3060
tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa 3120
gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc 3180
caaaatgtcg taacaactcc gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg 3240
aggtctatat aagcagagct cgtttagtga accgggtctc tctggttaga ccagatctga 3300

gcctgggagc tctctggcta actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct 3360
tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc 3420
agacccttt agtcagtgtg gaaaatctct agcagtggcg cccgaacagg gacttgaaag 3480
cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac gcaggactcg gcttgctgaa gcgcgcacgg 3540
caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta cgccaaaaat tttgactagc ggaggctaga 3600
aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta ttaagcgggg gagaattaga taaatgggaa 3660
aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa caatataaac taaaacatat agttagggca 3720

agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat cctggccttt tagagacatc agaaggctgt 3780
agacaaatac tgggacagct acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga acttagatca 3840
ttatataata caatagcagt cctctattgt gtgcatcaaa ggatagatgt aaaagacacc 3900
aaggaagcct tagataagat agaggaagag caaaacaaaa gtaagaaaaa ggcacagcaa 3960
gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg cgatatgagg gacaattgga gaagtgaatt 4020
atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc attaggagta gcacccacca aggcaaagag 4080
aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt gggaatagga gctttgttcc ttgggttctt 4140

gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc gtcaatgacg ctgacggtac aggccagaca 4200
attattgtct gatatagtgc agcagcagaa caatttgctg agggctattg aggcgcaaca 4260
gcatctgttg caactcacag tctggggcat caaacagctc caggcaagaa tcctggctgt 4320
ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct ggggatttgg ggttgctctg gaaaactcat 4380
ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag ttggagtaat aaatctctgg aacagatttg 4440
gaataacatg acctggatgg agtgggacag agaaattaac aattacacaa gcttaataca 4500
ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca agaaaagaat gaacaagaat tattggaatt 4560

agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt taacataaca aattggctgt ggtatataaa 4620

attattcata atgatagtag gaggcttggt aggtttaaga atagtttttg ctgtactttc 4680

tatagtgaat agagttaggc agggatattc accattatcg tttcagaccc acctcccaat 4740

cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt attcatccac aattttaaaa gaaaaggggg 4800

gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat agtagacata atagcaacag acatacaaac 4860

taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat tcaaaatttt cgggtttatt acagggacag 4920

cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc 4980

acatcgccca cagtccccga gaagttgggg ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag 5040

agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt gatgtcgtgt actggctccg ccttttccc 5100

gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac 5160

gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt 5220

acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat 5280

tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg 5340

agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg 5400

aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa 5460

tttttgatga cctgctgcga cgctttttttt ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca 5520

agatctgcac actggtattt cggtttttgg ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc 5580

ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg 5640

gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc 5700

gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct 5760

tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg 5820

tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc 5880

cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc 5940

gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc gatggagttt ccccacactg agtgggtgga 6000

gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga 6060

gtttggatct tggttcattc tcaagcctca gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt 6120

tcaggtgtcg tgaaaactac ccctctagag ccgccaccat gcttctcctg gtgacaagcc 6180

ttctgctctg tgagttacca cacccagcat tcctcctgat cccagacatc cagatgacac 6240

agactacatc ctccctgtct gcctctctgg gagacagagt caccatcagt tgcagggcaa 6300

gtcaggacat tagtaaatat ttaaattggt atcagcagaa accagatgga actgttaaac 6360

tcctgatcta ccatacatca agattacact caggagtccc atcaaggttc agtggcagtg 6420

ggtctggaac agattattct ctcaccatta gcaacctgga gcaagaagat attgccactt 6480

acttttgcca acagggtaat acgcttccgt acacgttcgg agggggggact aagttggaaa 6540

taacaggctc cacctctgga tccggcaagc ccggatctgg cgagggatcc accaagggcg 6600

aggtgaaact gcaggagtca ggacctggcc tggtggcgcc ctcacagagc ctgtccgtca 6660

catgcactgt ctcaggggtc tcattacccg actatggtgt aagctggatt cgccagcctc 6720

cacgaaaggg tctggagtgg ctgggagtaa tatggggtag tgaaaccaca tactataatt 6780

cagctctcaa atccagactg accatcatca aggacaactc caagagccaa gttttcttaa 6840

aaatgaacag tctgcaaact gatgacacag ccatttacta ctgtgccaaa cattattact 6900

acggtggtag ctatgctatg gactactggg gtcaaggaac ctcagtcacc gtctcctcag 6960

cggccgcagg tggaggaggt tctggaggtg gtggatcagg tggtggagga tctttagaaa 7020

gtcagcctca taccaaacca tccgtttttg tcatgaaaaa tggaacaaat gtcgcttgtc 7080

tggtgaagga attctacccc aaggatataa gaataaatct cgtgtcatcc aagaagataa 7140

cagagtttga tcctgctatt gtcatctctc ccagtgggaa gtacaatgct gtcaagcttg 7200

gtaaatatga agattcaaat tcagtgacat gttcagttca acacgacaat aaaactgtgc 7260

actccactga ctttgaagtg aagacagatt ctacagatca cgtaaaacca aaggaaactg 7320

aaaacacaaa gcaaccttca aagagctgcc ataaacccaa agccatagtt cataccgaga 7380

aggtgaacat gatgtccctc acagtgcttg ggctacgaat gctgtttgca aagactgttg 7440

ccgtcaattt tctcttgact gccaagttat ttttcttggg gtcaggcgct actaacttca 7500

gcctgctgaa gcaggctgga gacgtggagg agaaccctgg acctatgcta ctacttgtga 7560

cctcactatt gttatgcgaa ctccctcatc ccgcattctt gctgattcca gacattcaga 7620

tgactcaaac aacttccagc ctctccgcct cactcggcga ccgcgtaaca ataagctgtc 7680

gggcctcgca agatattagt aagtacctga attggtatca gcaaaaaccc gatggtacag 7740

tcaagcttct gatctaccat accagtcgtc tgcacagcgg tgtccccagc aggttcagcg 7800

gctcaggatc tggtaccgat tattcactga cgatttccaa ccttgagcaa gaggacatcg 7860

ccacctactt ctgccagcag ggtaatactc tgccgtacac attcgggggc ggtaccaagc 7920

tcgagatcac gggttcaaca agcggttctg gcaagccagg cagcggcgag gggagtacaa 7980

agggggaggt gaagttgcag gaaagtggcc ctggattggt ggccccgagc cagagtctgt 8040

ctgtcacctg cacagtttcc ggagtaagtc tgcctgatta cggagtgtcc tggatcagac 8100

agccacctcg aaagggcttg gagtggcttg gggtcatttg gggcagtgaa accacatact 8160

acaacagcgc tcttaagtcc aggctcacta tcatcaagga caattcaaag agccaagtat 8220

tcttgaaaat gaattccctg cagactgatg acaccgctat ttattattgc gctaaacatt 8280

attactatgg aggttcttat gccatggact actgggggca gggtacctct gtgacagtga 8340

gttcagctgc agctggaggt ggaggtagcg gaggcggtgg tagtggaggg ggtggttctc 8400
tggaagataa acaacttgat gcagatgttt cccccaagcc cactattttt cttccttcaa 8460
ttgctgaaac aaagctccag aaggctggaa catacctttg tcttcttgag aaatttttcc 8520
ctgatgttat taagatacat tggcaagaaa agaagagcaa cacgattctg ggatcccagg 8580
aggggaacac catgaagact aacgacacat acatgaaatt tagctggtta acggtgccag 8640
aaaagtcact ggacaaagaa cacagatgta tcgtcagaca tgagaataat aaaaacggag 8700
ttgatcaaga aattatcttt cctccaataa agacagatgt catcacaatg gatcccaaag 8760

acaattgttc aaaagatgca aatgatacac tactgctgca gctcacaaac acctctgcat 8820
attacatgta cctcctcctg ctcctcaaga gtgtggtcta ttttgccatc atcacctgct 8880
gtctgcttag aagaacggct ttctgctgca atggagagaa atcataatga gatatcgagc 8940
atcttaccgc catttatacc catatttgtt ctgtttttct tgatttgggt atacatttaa 9000
atgttaataa aacaaaatgg tggggcaatc atttacattt ttagggatat gtaattacta 9060
gttcaggtgt attgccacaa gacaaacatg ttaagaaact ttcccgttat ttacgctctg 9120
ttcctgttaa tcaacctctg gattacaaaa tttgtgaaag attgactgat attcttaact 9180

atgttgctcc ttttacgctg tgtggatatg ctgctttata gcctctgtat ctagctattg 9240
cttcccgtac ggctttcgtt ttctcctcct tgtataaatc ctggttgctg tctcttttag 9300
aggagttgtg gcccgttgtc cgtcaacgtg gcgtggtgtg ctctgtgttt gctgacgcaa 9360
cccccactgg ctggggcatt gccaccacct gtcaactcct ttctgggact ttcgctttcc 9420
ccctcccgat cgccacggca gaactcatcg ccgcctgcct tgcccgctgc tggacagggg 9480
ctaggttgct gggcactgat aattccgtgg tgttgtcagt actggtacct ttaagaccaa 9540
tgacttacaa ggcagctgta gatcttagcc actttttaaa agaaaagggg ggactggaag 9600

ggctaattca ctcccaaaga agacaagatc tgctttttgc ctgtactggg tctctctggt 9660
tagaccagat ctgagcctgg gagctctctg gctaactagg gaacccactg cttaagcctc 9720
aataaagctt gccttgagtg cttcaagtag tgtgtgcccg tctgttgtgt gactctggta 9780
actagagatc cctcagaccc ttttagtcag tgtggaaaat ctctagcatg atcataatca 9840
agccatatca catctgtaga ggtttacttg ctttaaaaaa cctccacacc tccccctgaa 9900
cctgaaacat aaaatgaatg caattgttgt tgttaacttg tttattgcag cttataatgg 9960
ttacaaataa agcaatagca tcacaaattt cacaaataaa gcatttttt cactgcattc 10020

tagttgtggt ttgtccaaac tcatcaatgt atcttatcat gtctggatct gcgtcgacac 10080

gaagagacga ctgactgact gactggaaag aggaagggct ggaagaggaa ggagcttgat 10140

ccagatcccg atctcgatcc agatccggat cgcagcttgg tcttccgctt cctcgctcac 10200

tga 10203

<210> 190

<211> 10583

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 190

tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact gctttaaaa aacctccaca 60

cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120

agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180

ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240

ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300

aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggcgtaatca 360

tggtcatagc tgtttcctgt gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga 420

gccggaagca taaagtgtaa agcctggggt gcctaatgag tgagctaact cacattaatt 480

gcgttgcgct cactgcccgc tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga 540

atcggccaac gcgcggggag aggcggtttg cgtattgggc gctcttccgc ttcctcgctc 600

actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg 660

gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc 720

cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc 780

ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga 840

ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc 900

ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat 960

agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg 1020

cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc 1080

aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga 1140

gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggctacact 1200

agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt 1260

ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag 1320

cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg 1380
tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag attatcaaaa 1440
aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata 1500
tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg 1560
atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgttgctag gttactgtca 1620
tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca aaagagtttg tagaaacgca 1680
aaaaggccat ccgtcaggat ggccttctgc ttaatttgat cggtggcagt ttatggcggg 1740

cgtcctgccc gccaccctcc gggccgttgc ttcgcaacgt tcaaatccgc tcccggcgga 1800
tttgtcctac tcaggagagc gttcaccgac aaacaacaga taaaacgaaa ggcccagtct 1860
ttcgactgag cctttcgttt tatttgatgc ctggcagttc cctactctcg catgggttgc 1920
ggccgcccgg gccgtcgacc aattctcatg tttgacagct tatcatcgaa tttctgccat 1980
tcatccgctt attatcactt attcaggcgt agcaaccagg cgtttaaggg caccaataac 2040
tgccttaaaa aaattacgcc ccgccctgcc actcatcgca gtactgttgt aattcattaa 2100
gcattctgcc gacatggaag ccatcacaaa cggcatgatg aacctgaatc gccagcggca 2160

tcagcacctt gtcgccttgc gtataatatt tgcccatggt gaaaacgggg gcgaagaagt 2220
tgtccatatt ggccacgttt aaatcaaaac tggtgaaact cacccaggga ttggctgaga 2280
cgaaaaacat attctcaata aacccttag ggaaataggc caggttttca ccgtaacacg 2340
ccacatcttg cgaatatatg tgtagaaact gccggaaatc gtcgtggtat tcactccaga 2400
gcgatgaaaa cgtttcagtt tgctcatgga aaacggtgta acaagggtga acactatccc 2460
atatcaccag ctcaccgtct ttcattgcca tacgaaattc cggatgagca ttcatcaggc 2520
gggcaagaat gtgaataaag gccggataaa acttgtgctt atttttcttt acggtcttta 2580

aaaaggccgt aatatccagc tgaacggtct ggttataggt acattgagca actgactgaa 2640
atgcctcaaa atgttcttta cgatgccatt gggatatatc aacggtggta tatccagtga 2700
ttttttttctc cattttagct tccttagctc ctgaaaatct cgataactca aaaaatacgc 2760
ccggtagtga tcttatttca ttatggtgaa agttggaacc tcttacgtgc cgatcaacgt 2820
ctcattttcg ccaaaagtga cattaaccta taaaaatagg cgtatcacga ggccagcttg 2880
ggaaaccata agaccgagat agagttgagt gttgttccag tttggaacaa gagtccacta 2940
ttaaagaacg tggactccaa cgtcaaaggg cgaaaaaccg tctatcaggg cgatggccca 3000

ctacgtgaac catcacccaa atcaagtttt ttggggtcga ggtgccgtaa agcactaaat 3060

cggaacccta aagggagccc ccgatttaga gcttgacggg gaaagccggc gaacgtggcg 3120

agaaaggaag ggaagaaagc gaaaggagcg ggcgctaagg cgctggcaag tgtagcggtc 3180

acgctgcgcg taaccaccac acccgccgcg cttaatgcgc cgctacaggg cgcgtactat 3240

ggttgctttg acgtatgcgg tgtgaaatac cgcacagatg cgtaaggaga aaataccgca 3300

tcaggcgcca ttcgccattc aggctgcgca actgttggga agggcgatcg gtgcgggcct 3360

cttcgctatt acgccagctg gcgaaagggg gatgtgctgc aaggcgatta agttgggtaa 3420

cgccagggtt ttcccagtca cgacgttgta aaacgacggc cagtgaattg atcgagatcg 3480

tgatccggat caagatccag atcgaattgg aggctacagt cagtggagag gactttcact 3540

gactgactga ctgcgtctca acctcctagg ggacattgat tattgactag ttattaatag 3600

taatcaatta cggggtcatt agttcatagc ccatatatgg agttccgcgt tacataactt 3660

acggtaaatg gcccgcctgg ctgaccgccc aacgaccccc gcccattgac gtcaataatg 3720

acgtatgttc ccatagtaac gccaataggg actttccatt gacgtcaatg ggtggagtat 3780

ttacggtaaa ctgcccactt ggcagtacat caagtgtatc atatgccaag tacgcccccc 3840

attgacgtca atgacggtaa atggcccgcc tggcattatg cccagtacat gaccttatgg 3900

gactttccta cttggcagta catctacgta ttagtcatcg ctattaccat ggtgatgcgg 3960

ttttggcagt acatcaatgg gcgtggatag cggtttgact cacggggatt tccaagtctc 4020

caccccattg acgtcaatgg gagtttgttt tggcaccaaa atcaacggga ctttccaaaa 4080

tgtcgtaaca actccgcccc attgacgcaa atgggcggta ggcgtgtacg gtgggaggtc 4140

tatataagca gagctcgttt agtgaaccgg gtctctctgg ttagaccaga tctgagcctg 4200

ggagctctct ggctaactag ggaacccact gcttaagcct caataaagct tgccttgagt 4260

gctcaaagta gtgtgtgccc gtctgttgtg tgactctggt aactagagat ccctcagacc 4320

cttttagtca gtgtggaaaa tctctagcag tggcgcccga acagggactt gaaagcgaaa 4380

gtaaagccag aggagatctc tcgacgcagg actcggcttg ctgaagcgcg cacggcaaga 4440

ggcgaggggc ggcgactggt gagtacgcca aaaattttga ctagcggagg ctagaaggag 4500

agagtagggt gcgagagcgt cggtattaag cgggggagaa ttagataaat gggaaaaaat 4560

tcggttaagg ccaggggggaa agaaaacaata taaactaaaa catatagtta gggcaagcag 4620

ggagctagaa cgattcgcag ttaatcctgg ccttttagag acatcagaag gctgtagaca 4680

aatactggga cagctacaac catcccttca gacaggatca gaagaactta gatcattata 4740

taatacaata gcagtcctct attgtgtgca tcaaaggata gatgtaaaag acaccaagga 4800

agccttagat aagatagagg aagagcaaaa caaaagtaag aaaaaggcac agcaagcgat 4860

cttcagacct ggaggaggca ggaggcgata tgagggacaa ttggagaagt gaattatata 4920

aatataaagt agtaaaaatt gaaccattag gagtagcacc caccaaggca aagagaagag 4980

tggtgcagag agaaaaaaga gcagtgggaa taggagcttt gttccttggg ttcttgggag 5040

cagcaggaag cactatgggc gcagcgtcaa tgacgctgac ggtacaggcc agacaattat 5100

tgtctgatat agtgcagcag cagaacaatt tgctgagggc tattgaggcg caacagcatc 5160

tgttgcaact cacagtctgg ggcatcaaac agctccaggc aagaatcctg gctgtggaaa 5220

gatacctaaa ggatcaacag ctcctgggga tttggggttg ctctggaaaa ctcatttgca 5280

ccactgctgt gccttggaat gctagttgga gtaataaatc tctggaacag atttggaata 5340

acatgacctg gatggagtgg gacagagaaa ttaacaatta cacaagctta atacactcct 5400

taattgaaga atcgcaaaac cagcaagaaa agaatgaaca agaattattg gaattagata 5460

aatgggcaag tttgtggaat tggtttaaca taacaaattg gctgtggtat ataaaattat 5520

tcataatgat agtaggaggc ttggtaggtt taagaatagt ttttgctgta ctttctatag 5580

tgaatagagt taggcaggga tattcaccat tatcgtttca gacccacctc ccaatcccga 5640

ggggaccacg cgtacaaatg gcagtattca tccacaattt taaaagaaaa ggggggattg 5700

gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag acataatagc aacagacata caaactaaag 5760

aattacaaaa acaaattaca aaaattcaaa attttcgggt ttattacagg gacagcagaa 5820

atccactttg gaaagctgag catccggctc cggtgcccgt cagtgggcag agcgcacatc 5880

gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat tgaaccggtg cctagagaag 5940

gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg ctccgccttt ttcccgaggg 6000

tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac gttctttttc gcaacgggtt 6060

tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc gggcctggcc tctttacggg 6120

ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacgcccctg gctgcagtac gtgattcttg 6180

atcccgagct tcgggttgga agtgggtggg agagttcgag gccttgcgct taaggagccc 6240

cttcgcctcg tgcttgagtt gaggcctggc ctgggcgctg gggccgccgc gtgcgaatct 6300

ggtggcacct tcgcgcctgt ctcgctgctt tcgataagtc tctagccatt taaaattttt 6360

gatgacctgc tgcgacgctt tttttctggc aagatagtct tgtaaatgcg ggccaagatc 6420

tgcacactgg tatttcggtt tttggggccg cgggcggcga cggggcccgt gcgtcccagc 6480

gcacatgttc ggcgaggcgg ggcctgcgag cgcggccacc gagaatcgga cgggggtagt 6540

ctcaagctgg ccggcctgct ctggtgcctg gcctcgcgcc gccgtgtatc gccccgccct 6600

gggcggcaag gctggcccgg tcggcaccag ttgcgtgagc ggaaagatgg ccgcttcccg 6660

gccctgctgc agggagctca aaatggagga cgcggcgctc gggagagcgg gcgggtgagt 6720

cacccacaca aaggaaaagg gcctttccgt cctcagccgt cgcttcatgt gactccacgg 6780

agtaccgggc gccgtccagg cacctcgatt agttctcgag cttttggagt acgtcgtctt 6840
taggttgggg ggaggggttt tatgcgatgg agtttcccca cactgagtgg gtggagactg 6900
aagttaggcc agcttggcac ttgatgtaat tctccttgga atttgccctt tttgagtttg 6960
gatcttggtt cattctcaag cctcagacag tggttcaaag ttttttttctt ccatttcagg 7020
tgtcgtgaaa actacccctc tgagccgcca ccatgcttct gcttgtgacg tccctcctgc 7080
tttgtgaact cccgcatcct gccttcctgc tcatcccgca ggtccaactt caacaatcag 7140
gaccagggct cgtgaagccg tcccaaacgc ttagtctcac atgcgccatt agtggggact 7200

ccgtgagttc aaattccgcc gcctggaatt ggattaggca aagtccatct aggggtcttg 7260
agtggctcgg ccgcacttac tacagatcca agtggtataa cgactacgca gtatccgtaa 7320
aatcaagaat aacaattaat ccagatactt ctaagaacca atttagtctt caactgaaca 7380
gcgtgacccc ggaggataca gcggtgtatt attgtgcgcg agaagttacc ggggatctgg 7440
aggatgcttt tgatatctgg ggccaaggaa caatggtaac cgttagttca ggaggagggg 7500
gaagtgatat acaaatgaca cagagcccta gttcccttag tgcctcagtt ggggataggg 7560
taacaatcac ttgccgagca tcacagacga tatggtccta tctcaactgg tatcaacaac 7620

gccctggcaa ggcacccaac ctgctgatct acgccgctag tagtttgcaa agtggggtac 7680
ctagtagatt ctccggcaga ggttctggca ctgactttac cttgacaatc agcagcctcc 7740
aagcagaaga cttcgcgaca tactactgtc agcaaagtta ctctatacct cagacgttcg 7800
gtcaggggac caagctcgag atcaaggcgg ccgcaggtgg aggaggttct ggaggtggtg 7860
gatcaggtgg tggaggatct ttagaaagtc agcctcatac caaaccatcc gtttttgtca 7920
tgaaaaatgg aacaaatgtc gcttgtctgg tgaaggaatt ctaccccaag gatataagaa 7980
taaatctcgt gtcatccaag aagataacag agtttgatcc tgctattgtc atctctccca 8040

gtgggaagta caatgctgtc aagcttggta aatatgaaga ttcaaattca gtgacatgtt 8100
cagttcaaca cgacaataaa actgtgcact ccactgactt tgaagtgaag acagattcta 8160
cagatcacgt aaaaccaaag gaaactgaaa acacaaagca accttcaaag agctgccata 8220
aacccaaagc catagttcat accgagaagg tgaacatgat gtccctcaca gtgcttgggc 8280
tacgaatgct gtttgcaaag actgttgccg tcaattttct cttgactgcc aagttatttt 8340
tcttggggtc aggcgagggc agaggaagtc tgctaacatg cggtgacgtc gaggagaatc 8400
ctggacctat gcttctcctg gtgacaagcc ttctgctctg tgagttacca cacccagcat 8460

tcctcctgat cccacaggtg cagctgcagc agagcggccc cggcctggtg aagcccagcc 8520

agaccctgag cctgacctgc gctatcagcg gcgacagcgt tagcagcaac agcgctgctt 8580

ggaactggat cagacagagc cccagcagag gcctggagtg gctgggcaga acctactata 8640

gaagcaaatg gtacaacgat tacgccgtga gcgtgaagag caggatcacc atcaaccccg 8700

acaccagcaa gaatcagttc agcctgcagc tcaattccgt caccccgag gacaccgccg 8760

tgtactactg cgccagagag gtgaccggcg acctcgagga cgccttcgac atttggggac 8820

agggcaccat ggttaccgtg tctagcggtg gcggaggcag cgacatccag atgacccagt 8880

cccccagcag cctgagcgcc agcgtgggcg acagagtgac catcacctgc agagccagcc 8940

agaccatctg gagctacctg aattggtacc agcagagacc cggaaaagcc cctaacctcc 9000

tcatttacgc tgccagcagc ctgcagagcg gcgtgcccag caggttcagc ggaagaggca 9060

gcggaaccga cttcaccctg accatttcct ctctgcaggc cgaggacttt gccacctatt 9120

actgccagca gagctacagc atcccccaga cctttggcca gggcacaaaa ctggagatta 9180

aggctgcagc tggaggtgga ggtagcggag gcggtggtag tggaggggggt ggttctctgg 9240

aagataaaca acttgatgca gatgtttccc ccaagcccac tatttttctt ccttcaattg 9300

ctgaaacaaa gctccagaag gctggaacat acctttgtct tcttgagaaa tttttccctg 9360

atgttattaa gatacattgg caagaaaaga agagcaacac gattctggga tcccaggagg 9420

ggaacaccat gaagactaac gacacataca tgaaatttag ctggttaacg gtgccagaaa 9480

agtcactgga caaagaacac agatgtatcg tcagacatga gaataataaa aacggagttg 9540

atcaagaaat tatctttcct ccaataaaga cagatgtcat cacaatggat cccaaagaca 9600

attgttcaaa agatgcaaat gatacactac tgctgcagct cacaaacacc tctgcatatt 9660

acatgtacct cctcctgctc ctcaagagtg tggtctattt tgccatcatc acctgctgtc 9720

tgcttagaag aacggctttc tgctgcaatg gagagaaatc ataatgagat atcgagcatc 9780

ttaccgccat ttatacccat atttgttctg tttttcttga tttgggtata catttaaatg 9840

ttaataaaac aaaatggtgg ggcaatcatt tacattttta gggatatgta attactagtt 9900

caggtgtatt gccacaagac aaacatgtta agaaactttc ccgttattta cgctctgttc 9960

ctgttaatca acctctggat tacaaaattt gtgaaagatt gactgatatt cttaactatg 10020

ttgctccttt tacgctgtgt ggatatgctg ctttatagcc tctgtatcta gctattgctt 10080

cccgtacggc tttcgttttc tcctccttgt ataaatcctg gttgctgtct cttttagagg 10140

agttgtggcc cgttgtccgt caacgtggcg tggtgtgctc tgtgtttgct gacgcaaccc 10200

ccactggctg gggcattgcc accacctgtc aactcctttc tgggactttc gctttccccc 10260

tcccgatcgc cacggcagaa ctcatcgccg cctgccttgc ccgctgctgg acaggggcta 10320

ggttgctggg cactgataat tccgtggtgt tgtcagtact ggtaccttta agaccaatga 10380

cttacaaggc agctgtagat cttagccact ttttaaaaga aaaggggga ctggaagggc 10440

taattcactc ccaaagaaga caagatctgc tttttgcctg tactgggtct ctctggttag 10500

accagatctg agcctgggag ctctctggct aactagggaa cccactgctt aagcctcaat 10560

aaagcttgcc ttgagtgctt caa 10583

<210> 191

<211> 8933

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 191

ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 60

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 120

gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 180

gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 240

gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 300

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 360

gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 420

ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 480

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgcttttttt 540

ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 600

ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 660

gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 720

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 780

accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 840

gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 900

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 960

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 1020

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 1080

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 1140

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac cccgggatgc 1200

tactacttgt gacctcacta ttgttatgcg aactccctca tcccgcattc ttgctgattc 1260

cagcaggaca cctggagcag cctcaaatct cttccacaaa gactctgtct aagactgcta 1320

gacttgagtg cgtcgttagc gggatcacca tctccgcaac ctccgtatac tggtaccgcg 1380

aacggcctgg agaggtgatt cagtttctgg taagcatttc ttacgatggt accgtgcgta 1440

aagaaagcgg gatcccttca ggcaagttcg aagttgaccg catccccgag acgtcaacta 1500

gcaccctcac tatccacaac gtggagaagc aggacatcgc gacctactat tgtgccttgt 1560

gggaagcgca gcaggagctg ggaaaaaaga ttaaggtgtt cgggccaggg acaaagttga 1620

ttattaccga taagcagctc gatgcggacg tgtcacctaa accgactatt ttcttgccaa 1680

gtatagccga gacaaagctt cagaaggcag ggacttactt atgcctgctg gagaagtttt 1740

tccctgacgt catcaagatt cactgggaag aaaagaagag caacactatc ctcggatccc 1800

aggaggggaa tacaatgaag accaatgata cctatatgaa gttttcttgg ctgactgtgc 1860

ccgagaagtc ccttgataag gaacatagat gcatcgtgag acatgagaac aataaaaacg 1920

gggtggatca ggaaatcatt ttccccccca ttaagaccga cgttatcacc atggatccaa 1980

aggataattg ctctaaggac gccaacgaca ctcttctgct tcagctgact aatacaagcg 2040

cttactatat gtacctgctc ctgcttctga aaagcgtggt gtacttcgca atcattactt 2100

gttgccttct gcggagaact gccttctgtt gtaacggtga aaaatccggg tcaggcgagg 2160

gcagaggaag tctgctaaca tgcggtgacg tcgaggagaa tcctggacct atgcagagaa 2220

tcagctctct gatccacctg agcctgttct gggcaggcgt gatgtctgcc atcgagctgg 2280

tgcctgagca ccagaccgtt ccagtgagca tcggcgtgcc tgccaccctg agatgcagca 2340

tgaagggcga ggccatcggc aactattaca tcaactggta cagaaagacc cagggcaaca 2400

ccatgacctt catctacaga gagaaggaca tctacggacc cggcttcaag gacaacttcc 2460

agggggacat tgacatcgcc aagaacctgg ctgtgctgaa gatcctggcc cctagcgaga 2520

gagacgaggg cagctactat tgcgcctgcg atgcactgaa gagaaccgac accgataagc 2580

tgatcttcgg caagggaacc agagtgaccg ttgagcccag aagccagcct cacaccaagc 2640

ccagcgtgtt cgtgatgaag aacggcacca acgttgcctg cctggtgaag gagttctacc 2700

ctaaggacat cagaatcaac ctggtgtcca gcaagaagat caccgagttc gacccagcca 2760

tcgtgatcag cccaagcgga aagtacaacg ccgtgaaact gggcaagtac gaggacagca 2820

actctgtgac ttgcagcgtg cagcacgaca acaagaccgt tcactccacc gacttcgagg 2880

tgaagaccga cagcaccgat cacgtgaagc ccaaggagac cgagaacacc aaacagccta 2940

gcaagagctg ccacaagccc aaagccatcg tgcacaccga gaaggtgaac atgatgagcc 3000

tgaccgtgct tggactcaga atgctgttcg ccaagaccgt agccgtgaac ttcctgctta 3060

ccgccaagct gttcttcctg tagatatcga gcatcttacc gccatttata cccatatttg 3120

ttctgttttt cttgatttgg gtatacattt aaatgttaat aaaacaaaat ggtggggcaa 3180

tcatttacat ttttagggat atgtaattac tagttcaggt gtattgccac aagacaaaca 3240

tgttaagaaa ctttcccgtt atttacgctc tgttcctgtt aatcaacctc tggattacaa 3300

aatttgtgaa agattgactg atattcttaa ctatgttgct ccttttacgc tgtgtggata 3360

tgctgcttta tagcctctgt atctagctat tgcttcccgt acggctttcg ttttctcctc 3420

cttgtataaa tcctggttgc tgtctctttt agaggagttg tggcccgttg tccgtcaacg 3480

tggcgtggtg tgctctgtgt ttgctgacgc aacccccact ggctggggca ttgccaccac 3540

ctgtcaactc ctttctggga ctttcgcttt ccccctcccg atcgccacgg cagaactcat 3600

cgccgcctgc cttgcccgct gctggacagg ggctaggttg ctgggcactg ataattccgt 3660

ggtgttgtca gtactggtac ctttaagacc aatgacttac aaggcagctg tagatcttag 3720

ccacttttta aaagaaaagg ggggactgga agggctaatt cactcccaaa gaagacaaga 3780

tctgcttttt gcctgtactg ggtctctctg gttagaccag atctgagcct gggagctctc 3840

tggctaacta gggaacccac tgcttaagcc tcaataaagc ttgccttgag tgcttcaatg 3900

atcataatca agccatatca catctgtaga ggtttacttg ctttaaaaaa cctccacacc 3960

tccccctgaa cctgaaacat aaaatgaatg caattgttgt tgttaacttg tttattgcag 4020

cttataatgg ttacaaataa agcaatagca tcacaaattt cacaaataaa gcatttttt 4080

cactgcattc tagttgtggt ttgtccaaac tcatcaatgt atcttatcat gtctggatct 4140

gcgtcgacac gaagagacga ctgactgact gactggaaag aggaagggct ggaagaggaa 4200

ggagcttgat ccagatcccg atctcgatcc agatccggat cgcagcttgg tcttccgctt 4260

cctcgctcac tgactcgctg cgctcggtcg ttcggctgcg gcgagcggta tcagctcact 4320

caaaggcggt aatacggtta tccacagaat caggggataa cgcaggaaag aacatgtgag 4380

caaaaggcca gcaaaaggcc aggaaccgta aaaaggccgc gttgctggcg tttttccata 4440

ggctccgccc ccctgacgag catcacaaaa atcgacgctc aagtcagagg tggcgaaacc 4500

cgacaggact ataaagatac caggcgtttc cccctggaag ctccctcgtg cgctctcctg 4560

ttccgaccct gccgcttacc ggatacctgt ccgcctttct cccttcggga agcgtggcgc 4620

tttctcatag ctcacgctgt aggtatctca gttcggtgta ggtcgttcgc tccaagctgg 4680

gctgtgtgca cgaacccccc gttcagcccg accgctgcgc cttatccggt aactatcgtc 4740

ttgagtccaa cccggtaaga cacgacttat cgccactggc agcagccact ggtaacagga 4800

ttagcagagc gaggtatgta ggcggtgcta cagagttctt gaagtggtgg cctaactacg 4860

gctacactag aagaacagta tttggtatct gcgctctgct gaagccagtt accttcggaa 4920
aaagagttgg tagctcttga tccggcaaac aaaccaccgc tggtagcggt ggtttttttg 4980
tttgcaagca gcagattacg cgcagaaaaa aaggatctca agaagatcct ttgatctttt 5040
ctacggggtc tgacgctcag tggaacgaaa actcacgtta agggattttg gtcatgagtt 5100
aattaacttg cgccgtcccg tcaagtcagc gtaatgctct gccagtgtta caaccaatta 5160
accaattctg attagaaaaa ctcatcgagc atcaaatgaa actgcaattt attcacatca 5220
ggattatcaa taccatattt ttgaaaaagc cgtttctgta atgaaggaga aaactcaccg 5280

aggcagttcc ataggatggc aagatcctgg tatcggtctg cgattccgac tcgtccaaca 5340
tcaatacaac ctattaattt cccctcgtca aaaataaggt tatcaagtga gaaatcacca 5400
tgagtgacga ctgaatccgg tgagaatggc aaaagtttat gcatttcttt ccagacttgt 5460
tcaacaggcc agccattacg ctcgtcatca aaatcactcg catcaaccaa accgttattc 5520
attcgtgatt gcgcctgagc aagacgaaat acgcgatcgc tgttaaaagg acaattacaa 5580
acaggaatcg aatgcaaccg gcgcaggaac actgccagcg catcaacaat attttcacct 5640
gaatcaggat attcttctaa tacctggaat gctgtttttc cggggatcgc agtggtgagt 5700

aaccatgcat catcaggagt acggataaaa tgcttgatgg tcggaagagg cataaattcc 5760
gtcagccagt ttagtctgac catctcatct gtaacatcat tggcaacgct acctttgcca 5820
tgtttcagaa acaactctgg cgcatcgggc ttcccataca agcgatagat tgtcgcacct 5880
gattgcccga cattatcgcg agcccattta tacccatata aatcagcatc catgttggaa 5940
tttaatcgcg gcctcgacgt ttcccgttga atatggctca taacacccct tgtattactg 6000
tttatgtaag cagacagttt tattgttcat gatgatatat ttttatcttg tgcaatgtaa 6060
catcagagat tttgagacac aacgtggctt tcccccccccc ccccatgaca ttaacctata 6120

aaaataggcg tatcacgagg ccagcttggg aaaccataag accgagatag agttgagtgt 6180
tgttccagtt tggaacaaga gtccactatt aaagaacgtg gactccaacg tcaaagggcg 6240
aaaaaccgtc tatcagggcg atggcccact acgtgaacca tcacccaaat caagtttttt 6300
ggggtcgagg tgccgtaaag cactaaatcg gaaccctaaa gggagccccc gatttagagc 6360
ttgacgggga aagccggcga acgtggcgag aaaggaaggg aagaaagcga aaggagcggg 6420
cgctaaggcg ctggcaagtg tagcggtcac gctgcgcgta accaccacac ccgccgcgct 6480
taatgcgccg ctacagggcg cgtactatgg ttgctttgac gtatgcggtg tgaaataccg 6540

cacagatgcg taaggagaaa atacatcgtg atccggatca agatccagat cgaattggag 6600

gctacagtca gtggagagga ctttcactga ctgactgact gcgtctcaac ctcctagggg 6660

acattgatta ttgactagtt attaatagta atcaattacg gggtcattag ttcatagccc 6720

atatatggag ttccgcgtta cataacttac ggtaaatggc ccgcctggct gaccgcccaa 6780

cgacccccgc ccattgacgt caataatgac gtatgttccc atagtaacgc caatagggac 6840

tttccattga cgtcaatggg tggagtattt acggtaaact gcccacttgg cagtacatca 6900

agtgtatcat atgccaagta cgccccctat tgacgtcaat gacggtaaat ggcccgcctg 6960

gcattatgcc cagtacatga ccttatggga ctttcctact tggcagtaca tctacgtatt 7020

agtcatcgct attaccatgg tgatgcggtt ttggcagtac atcaatgggc gtggatagcg 7080

gtttgactca cggggatttc caagtctcca ccccattgac gtcaatggga gtttgttttg 7140

gcaccaaaat caacgggact ttccaaaatg tcgtaacaac tccgccccat tgacgcaaat 7200

gggcggtagg cgtgtacggt gggaggtcta tataagcaga gctcgtttag tgaaccgggt 7260

ctctctggtt agaccagatc tgagcctggg agctctctgg ctaactaggg aacccactgc 7320

ttaagcctca ataaagcttg ccttgagtgc tcaaagtagt gtgtgcccgt ctgttgtgtg 7380

actctggtaa ctagagatcc ctcagaccct tttagtcagt gtggaaaatc tctagcagtg 7440

gcgcccgaac agggacttga aagcgaaagt aaagccagag gagatctctc gacgcaggac 7500

tcggcttgct gaagcgcgca cggcaagagg cgaggggcgg cgactggtga gtacgccaaa 7560

aattttgact agcggaggct agaaggagag agtagggtgc gagagcgtcg gtattaagcg 7620

ggggagaatt agataaatgg gaaaaaattc ggttaaggcc agggggaaag aaacaatata 7680

aactaaaaca tatagttagg gcaagcaggg agctagaacg attcgcagtt aatcctggcc 7740

ttttagagac atcagaaggc tgtagacaaa tactgggaca gctacaacca tcccttcaga 7800

caggatcaga agaacttaga tcattatata atacaatagc agtcctctat tgtgtgcatc 7860

aaaggataga tgtaaaagac accaaggaag ccttagataa gatagaggaa gagcaaaaca 7920

aaagtaagaa aaaggcacag caagcgatct tcagacctgg aggaggcagg aggcgatatg 7980

agggacaatt ggagaagtga attatataaa tataaagtag taaaaattga accattagga 8040

gtagcaccca ccaaggcaaa gagaagagtg gtgcagagag aaaaaagagc agtgggaata 8100

ggagctttgt tccttgggtt cttgggagca gcaggaagca ctatgggcgc agcgtcaatg 8160

acgctgacgg tacaggccag acaattattg tctgatatag tgcagcagca gaacaatttg 8220

ctgagggcta ttgaggcgca acagcatctg ttgcaactca cagtctgggg catcaaacag 8280

ctccaggcaa gaatcctggc tgtggaaaga tacctaaagg atcaacagct cctggggatt 8340

tggggttgct ctggaaaact catttgcacc actgctgtgc cttggaatgc tagttggagt 8400

aataaatctc tggaacagat ttggaataac atgacctgga tggagtggga cagagaaatt 8460

aacaattaca caagcttaat acactcctta attgaagaat cgcaaaacca gcaagaaaag 8520

aatgaacaag aattattgga attagataaa tgggcaagtt tgtggaattg gtttaacata 8580

acaaattggc tgtggtatat aaaattattc ataatgatag taggaggctt ggtaggttta 8640

agaatagttt ttgctgtact ttctatagtg aatagagtta ggcagggata ttcaccatta 8700

tcgtttcaga cccacctccc aatcccgagg ggaccacgcg tacaaatggc agtattcatc 8760

cacaatttta aaagaaaagg ggggattggg gggtacagtg caggggaaag aatagtagac 8820

ataatagcaa cagacataca aactaaagaa ttacaaaaac aaattacaaa aattcaaaat 8880

tttcgggttt attacaggga cagcagaaat ccactttgga aagctgagca tcc 8933

<210> 192

<211> 10416

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 192

ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 60

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 120

gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 180

gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 240

gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 300

acttccacgc ccctggctgc agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg 360

gtgggagagt tcgaggcctt gcgcttaagg agcccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc 420

ctggcctggg cgctggggcc gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc 480

tgctttcgat aagtctctag ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttttt 540

ctggcaagat agtcttgtaa atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg 600

ggccgcgggc ggcgacgggg cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct 660

gcgagcgcgg ccaccgagaa tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt 720

gcctggcctc gcgccgccgt gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc 780

accagttgcg tgagcggaaa gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg 840

gaggacgcgg cgctcgggag agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt 900

tccgtcctca gccgtcgctt catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct 960

cgattagttc tcgagctttt ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc 1020

gatggagttt ccccacactg agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat 1080

gtaattctcc ttggaatttg ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca 1140

gacagtggtt caaagttttt ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac cccgggatgc 1200

tactacttgt gacctcacta ttgttatgcg aactccctca tcccgcattc ttgctgattc 1260

cagcaggaca cctggagcag cctcaaatct cttccacaaa gactctgtct aagactgcta 1320

gacttgagtg cgtcgttagc gggatcacca tctccgcaac ctccgtatac tggtaccgcg 1380

aacggcctgg agaggtgatt cagtttctgg taagcatttc ttacgatggt accgtgcgta 1440

aagaaagcgg gatcccttca ggcaagttcg aagttgaccg catccccgag acgtcaacta 1500

gcaccctcac tatccacaac gtggagaagc aggacatcgc gacctactat tgtgccttgt 1560

gggaagcgca gcaggagctg ggaaaaaaga ttaaggtgtt cgggccaggg acaaagttga 1620

ttattaccga taagcagctc gatgcggacg tgtcacctaa accgactatt ttcttgccaa 1680

gtatagccga gacaaagctt cagaaggcag ggacttactt atgcctgctg gagaagtttt 1740

tccctgacgt catcaagatt cactgggaag aaaagaagag caacactatc ctcggatccc 1800

aggaggggaa tacaatgaag accaatgata cctatatgaa gttttcttgg ctgactgtgc 1860

ccgagaagtc ccttgataag gaacatagat gcatcgtgag acatgagaac aataaaaacg 1920

gggtggatca ggaaatcatt ttccccccca ttaagaccga cgttatcacc atggatccaa 1980

aggataattg ctctaaggac gccaacgaca ctcttctgct tcagctgact aatacaagcg 2040

cttactatat gtacctgctc ctgcttctga aaagcgtggt gtacttcgca atcattactt 2100

gttgccttct gcggagaact gccttctgtt gtaacggtga aaaatccggg tcaggcgagg 2160

gcagaggaag tctgctaaca tgcggtgacg tcgaggagaa tcctggacct atgcagagaa 2220

tcagctctct gatccacctg agcctgttct gggcaggcgt gatgtctgcc atcgagctgg 2280

tgcctgagca ccagaccgtt ccagtgagca tcggcgtgcc tgccaccctg agatgcagca 2340

tgaagggcga ggccatcggc aactattaca tcaactggta cagaaagacc cagggcaaca 2400

ccatgacctt catctacaga gagaaggaca tctacggacc cggcttcaag gacaacttcc 2460

agggggacat tgacatcgcc aagaacctgg ctgtgctgaa gatcctggcc cctagcgaga 2520

gagacgaggg cagctactat tgcgcctgcg atgcactgaa gagaaccgac accgataagc 2580

tgatcttcgg caagggaacc agagtgaccg ttgagcccag aagccagcct cacaccaagc 2640

ccagcgtgtt cgtgatgaag aacggcacca acgttgcctg cctggtgaag gagttctacc 2700

ctaaggacat cagaatcaac ctggtgtcca gcaagaagat caccgagttc gacccagcca 2760

tcgtgatcag cccaagcgga aagtacaacg ccgtgaaact gggcaagtac gaggacagca 2820

actctgtgac ttgcagcgtg cagcacgaca acaagaccgt tcactccacc gacttcgagg 2880

tgaagaccga cagcaccgat cacgtgaagc ccaaggagac cgagaacacc aaacagccta 2940

gcaagagctg ccacaagccc aaagccatcg tgcacaccga gaaggtgaac atgatgagcc 3000

tgaccgtgct tggactcaga atgctgttcg ccaagaccgt agccgtgaac ttcctgctta 3060

ccgccaagct gttcttcctg ggaagtggcg ctactaactt cagcctgctg aagcaggctg 3120

gagacgtgga ggagaaccct ggacctatgc ttctcctggt gacaagcctt ctgctctgtg 3180

agttaccaca cccagcattc ctcctgatcc cagacatcca gatgacacag actacatcct 3240

ccctgtctgc ctctctggga gacagagtca ccatcagttg cagggcaagt caggacatta 3300

gtaaatattt aaattggtat cagcagaaac cagatggaac tgttaaactc ctgatctacc 3360

atacatcaag attacactca ggagtcccat caaggttcag tggcagtggg tctggaacag 3420

attattctct caccattagc aacctggagc aagaagatat tgccacttac ttttgccaac 3480

agggtaatac gcttccgtac acgttcggag gggggactaa gttggaaata acaggctcca 3540

cctctggatc cggcaagccc ggatctggcg agggatccac caagggcgag gtgaaactgc 3600

aggagtcagg acctggcctg gtggcgccct cacagagcct gtccgtcaca tgcactgtct 3660

caggggtctc attacccgac tatggtgtaa gctggattcg ccagcctcca cgaaagggtc 3720

tggagtggct gggagtaata tggggtagtg aaaccacata ctataattca gctctcaaat 3780

ccagactgac catcatcaag gacaactcca agagccaagt tttcttaaaa atgaacagtc 3840

tgcaaactga tgacacagcc atttactact gtgccaaaca ttattactac ggtggtagct 3900

atgctatgga ctactggggt caaggaacct cagtcaccgt ctcctcagct gccgcaggtg 3960

ggggaggatc tggaggcggt ggcagtgggg gtggaggctc actggaggat ggtaatgaag 4020

aaatgggtgg tattacacag acaccatata aagtctccat ctctggaacc acagtaatat 4080

tgacatgccc tcagtatcct ggatctgaaa tactatggca acacaatgat aagaacatcg 4140

gcggagatga ggatgataaa aacataggca gtgatgagga tcacctgtca ctgaaggaat 4200

tttcagaatt ggagcaaagt ggttattatg tctgctaccc cagaggaagc aaaccagaag 4260

atgcgaactt ttatctctac ctgagggcaa gagtgtgtga gaactgcatg gagatggatg 4320

tgatgtcggt ggccacaatt gtcatagtgg acatctgcat cactgggggc ttgctgctgc 4380

tggtttacta ctggagcaag aatagaaagg ccaaggccaa gcctgtgaca cgaggagcgg 4440

gtgctggcgg caggcaaagg ggacaaaaca aggagaggcc accacctgtt cccaacccag 4500

actatgagcc catccggaaa ggccagcggg acctgtattc tggcctgaat cagagacgca 4560

tctaagatat cgagcatctt accgccattt atacccatat ttgttctgtt tttcttgatt 4620

tgggtataca tttaaatgtt aataaaacaa aatggtgggg caatcattta cattttagg 4680
gatatgtaat tactagttca ggtgtattgc cacaagacaa acatgttaag aaactttccc 4740
gttatttacg ctctgttcct gttaatcaac ctctggatta caaaatttgt gaaagattga 4800
ctgatattct taactatgtt gctcctttta cgctgtgtgg atatgctgct ttatagcctc 4860
tgtatctagc tattgcttcc cgtacggctt tcgttttctc ctccttgtat aaatcctggt 4920
tgctgtctct tttagaggag ttgtggcccg ttgtccgtca acgtggcgtg gtgtgctctg 4980
tgtttgctga cgcaaccccc actggctggg gcattgccac cacctgtcaa ctcctttctg 5040

ggactttcgc tttccccctc ccgatcgcca cggcagaact catcgccgcc tgccttgccc 5100
gctgctggac aggggctagg ttgctgggca ctgataattc cgtggtgttg tcagtactgg 5160
taccttttaag accaatgact tacaaggcag ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa 5220
agggggggact ggaagggcta attcactccc aaagaagaca agatctgctt tttgcctgta 5280
ctgggtctct ctggttagac cagatctgag cctgggagct ctctggctaa ctagggaacc 5340
cactgcttaa gcctcaataa agcttgcctt gagtgcttca atgatcataa tcaagccata 5400
tcacatctgt agaggtttac ttgctttaaa aaacctccac acctcccccc gaacctgaaa 5460

cataaaatga atgcaattgt tgttgttaac ttgtttattg cagcttataa tggttacaaa 5520
taaagcaata gcatcacaaa tttcacaaat aaagcatttt tttcactgca ttctagttgt 5580
ggtttgtcca aactcatcaa tgtatcttat catgtctgga tctgcgtcga cacgaagaga 5640
cgactgactg actgactgga aagaggaagg gctggaagag gaaggagctt gatccagatc 5700
ccgatctcga tccagatccg gatcgcagct tggtcttccg cttcctcgct cactgactcg 5760
ctgcgctcgg tcgttcggct gcggcgagcg gtatcagctc actcaaaggc ggtaatacgg 5820
ttatccacag aatcagggga taacgcagga aagaacatgt gagcaaaagg ccagcaaaag 5880

gccaggaacc gtaaaaaggc cgcgttgctg gcgtttttcc ataggctccg cccccctgac 5940
gagcatcaca aaaatcgacg ctcaagtcag aggtggcgaa acccgacagg actataaaga 6000
taccaggcgt ttcccccctgg aagctccctc gtgcgctctc ctgttccgac cctgccgctt 6060
accggatacc tgtccgcctt tctcccttcg ggaagcgtgg cgctttctca tagctcacgc 6120
tgtaggtatc tcagttcggt gtaggtcgtt cgctccaagc tgggctgtgt gcacgaaccc 6180
cccgttcagc ccgaccgctg cgccttatcc ggtaactatc gtcttgagtc caacccggta 6240
agacacgact tatcgccact ggcagcagcc actggtaaca ggattagcag agcgaggtat 6300

gtaggcggtg ctacagagtt cttgaagtgg tggcctaact acggctacac tagaagaaca 6360

gtatttggta tctgcgctct gctgaagcca gttaccttcg gaaaaagagt tggtagctct 6420

tgatccggca aacaaaccac cgctggtagc ggtggttttt ttgtttgcaa gcagcagatt 6480

acgcgcagaa aaaaaggatc tcaagaagat cctttgatct tttctacggg gtctgacgct 6540

cagtggaacg aaaactcacg ttaagggatt ttggtcatga gttaattaac ttgcgccgtc 6600

ccgtcaagtc agcgtaatgc tctgccagtg ttacaaccaa ttaaccaatt ctgattagaa 6660

aaactcatcg agcatcaaat gaaactgcaa tttattcaca tcaggattat caataccata 6720

ttttgaaaa agccgtttct gtaatgaagg agaaaactca ccgaggcagt tccataggat 6780

ggcaagatcc tggtatcggt ctgcgattcc gactcgtcca acatcaatac aacctattaa 6840

tttcccctcg tcaaaaataa ggttatcaag tgagaaatca ccatgagtga cgactgaatc 6900

cggtgagaat ggcaaaagtt tatgcatttc tttccagact tgttcaacag gccagccatt 6960

acgctcgtca tcaaaatcac tcgcatcaac caaaccgtta ttcattcgtg attgcgcctg 7020

agcaagacga aatacgcgat cgctgttaaa aggacaatta caaacaggaa tcgaatgcaa 7080

ccggcgcagg aacactgcca gcgcatcaac aatattttca cctgaatcag gatattcttc 7140

taatacctgg aatgctgttt ttccggggat cgcagtggtg agtaaccatg catcatcagg 7200

agtacggata aaatgcttga tggtcggaag aggcataaat tccgtcagcc agtttagtct 7260

gaccatctca tctgtaacat cattggcaac gctacctttg ccatgtttca gaaacaactc 7320

tggcgcatcg ggcttcccat acaagcgata gattgtcgca cctgattgcc cgacattatc 7380

gcgagcccat ttatacccat ataaatcagc atccatgttg gaatttaatc gcggcctcga 7440

cgtttcccgt tgaatatggc tcataacacc ccttgtatta ctgtttatgt aagcagacag 7500

ttttattgtt catgatgata tatttttatc ttgtgcaatg taacatcaga gattttgaga 7560

cacaacgtgg ctttcccccc ccccccccatg acattaacct ataaaaatag gcgtatcacg 7620

aggccagctt gggaaaccat aagaccgaga tagagttgag tgttgttcca gtttggaaca 7680

agagtccact attaaagaac gtggactcca acgtcaaagg gcgaaaaacc gtctatcagg 7740

gcgatggccc actacgtgaa ccatcaccca aatcaagttt tttggggtcg aggtgccgta 7800

aagcactaaa tcggaaccct aaagggagcc cccgatttag agcttgacgg ggaaagccgg 7860

cgaacgtggc gagaaaggaa gggaagaaag cgaaaggagc gggcgctaag gcgctggcaa 7920

gtgtagcggt cacgctgcgc gtaaccacca cacccgccgc gcttaatgcg ccgctacagg 7980

gcgcgtacta tggttgcttt gacgtatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag 8040

aaaatacatc gtgatccgga tcaagatcca gatcgaattg gaggctacag tcagtggaga 8100

ggactttcac tgactgactg actgcgtctc aacctcctag gggacattga ttattgacta 8160

gttattaata gtaatcaatt acggggtcat tagttcatag cccatatatg gagttccgcg 8220

ttacataact tacggtaaat ggcccgcctg gctgaccgcc caacgacccc cgcccattga 8280

cgtcaataat gacgtatgtt cccatagtaa cgccaatagg gactttccat tgacgtcaat 8340

gggtggagta tttacggtaa actgcccact tggcagtaca tcaagtgtat catatgccaa 8400

gtacgccccc tattgacgtc aatgacggta aatggcccgc ctggcattat gcccagtaca 8460

tgaccttatg ggactttcct acttggcagt acatctacgt attagtcatc gctattacca 8520

tggtgatgcg gttttggcag tacatcaatg ggcgtggata gcggtttgac tcacggggat 8580

ttccaagtct ccaccccatt gacgtcaatg ggagtttgtt ttggcaccaa aatcaacggg 8640

actttccaaa atgtcgtaac aactccgccc cattgacgca aatgggcggt aggcgtgtac 8700

ggtgggaggt ctatataagc agagctcgtt tagtgaaccg ggtctctctg gttagaccag 8760

atctgagcct gggagctctc tggctaacta gggaacccac tgcttaagcc tcaataaagc 8820

ttgccttgag tgctcaaagt agtgtgtgcc cgtctgttgt gtgactctgg taactagaga 8880

tccctcagac ccttttagtc agtgtggaaa atctctagca gtggcgcccg aacagggact 8940

tgaaagcgaa agtaaagcca gaggagatct ctcgacgcag gactcggctt gctgaagcgc 9000

gcacggcaag aggcgagggg cggcgactgg tgagtacgcc aaaaattttg actagcggag 9060

gctagaagga gagagtaggg tgcgagagcg tcggtattaa gcgggggaga attagataaa 9120

tgggaaaaaa ttcggttaag gccaggggga aagaaacaat ataaactaaa acatatagtt 9180

agggcaagca gggagctaga acgattcgca gttaatcctg gccttttaga gacatcagaa 9240

ggctgtagac aaatactggg acagctacaa ccatcccttc agacaggatc agaagaactt 9300

agatcattat ataatacaat agcagtcctc tattgtgtgc atcaaaggat agatgtaaaa 9360

gacaccaagg aagccttaga taagatagag gaagagcaaa acaaaagtaa gaaaaaggca 9420

cagcaagcga tcttcagacc tggaggaggc aggaggcgat atgagggaca attggagaag 9480

tgaattatat aaatataaag tagtaaaaat tgaaccatta ggagtagcac ccaccaaggc 9540

aaagagaaga gtggtgcaga gagaaaaaag agcagtggga ataggagctt tgttccttgg 9600

gttcttggga gcagcaggaa gcactatggg cgcagcgtca atgacgctga cggtacaggc 9660

cagacaatta ttgtctgata tagtgcagca gcagaacaat ttgctgaggg ctattgaggc 9720

gcaacagcat ctgttgcaac tcacagtctg gggcatcaaa cagctccagg caagaatcct 9780

ggctgtggaa agatacctaa aggatcaaca gctcctgggg atttggggtt gctctggaaa 9840

actcatttgc accactgctg tgccttggaa tgctagttgg agtaataaat ctctggaaca 9900

gatttggaat aacatgacct ggatggagtg ggacagagaa attaacaatt acacaagctt 9960

aatacactcc ttaattgaag aatcgcaaaa ccagcaagaa aagaatgaac aagaattatt 10020

ggaattagat aaatgggcaa gtttgtggaa ttggtttaac ataacaaatt ggctgtggta 10080

tataaaatta ttcataatga tagtaggagg cttggtaggt ttaagaatag tttttgctgt 10140
actttctata gtgaatagag ttaggcaggg atattcacca ttatcgtttc agacccacct 10200
cccaatcccg aggggaccac gcgtacaaat ggcagtattc atccacaatt ttaaaagaaa 10260
agggggggatt gggggtaca gtgcagggga aagaatagta gacataatag caacagacat 10320
acaaactaaa gaattacaaa aacaaattac aaaaattcaa aattttcggg tttattacag 10380
ggacagcaga aatccacttt ggaaagctga gcatcc 10416

<210> 193
<211> 8671
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 193
tgatcataat caagccatat cacatctgta gaggtttact tgctttaaaa aacctccaca 60
cctccccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt gttgttaact tgtttattgc 120
agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat ttcacaaata aagcattttt 180
ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttatc atgtctggat 240
ctgcgtcgac acgaagagac gactgactga ctgactggaa agaggaaggg ctggaagagg 300
aaggagcttg atccagatcc cgatctcgat ccagatccgg atcgcagctt ggtcttccgc 360

ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca 420
ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg 480
agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca 540
taggctccgc ccccctgacg agcatcacaa aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa 600
cccgacagga ctataaagat accaggcgtt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc 660
tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc 720
gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct 780

gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg 840
tcttgagtcc aacccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag 900
gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta 960
cggctacact agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg 1020

aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt 1080

tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt 1140

ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt taagggattt tggtcatgag 1200

ttaattaact tgcgccgtcc cgtcaagtca gcgtaatgct ctgccagtgt tacaaccaat 1260

taaccaattc tgattagaaa aactcatcga gcatcaaatg aaactgcaat ttattcacat 1320

caggattatc aataccatat ttttgaaaaa gccgtttctg taatgaagga gaaaactcac 1380

cgaggcagtt ccataggatg gcaagatcct ggtatcggtc tgcgattccg actcgtccaa 1440

catcaataca acctattaat ttcccctcgt caaaaataag gttatcaagt gagaaatcac 1500

catgagtgac gactgaatcc ggtgagaatg gcaaaagttt atgcatttct ttccagactt 1560

gttcaacagg ccagccatta cgctcgtcat caaaatcact cgcatcaacc aaaccgttat 1620

tcattcgtga ttgcgcctga gcaagacgaa atacgcgatc gctgttaaaa ggacaattac 1680

aaacaggaat cgaatgcaac cggcgcagga acactgccag cgcatcaaca atattttcac 1740

ctgaatcagg atattcttct aatacctgga atgctgtttt tccggggatc gcagtggtga 1800

gtaaccatgc atcatcagga gtacggataa aatgcttgat ggtcggaaga ggcataaatt 1860

ccgtcagcca gtttagtctg accatctcat ctgtaacatc attggcaacg ctacctttgc 1920

catgtttcag aaacaactct ggcgcatcgg gcttcccata caagcgatag attgtcgcac 1980

ctgattgccc gacattatcg cgagcccatt tatacccata taaatcagca tccatgttgg 2040

aatttaatcg cggcctcgac gtttcccgtt gaatatggct cataacaccc cttgtattac 2100

tgtttatgta agcagacagt tttattgttc atgatgatat atttttatct tgtgcaatgt 2160

aacatcagag attttgagac acaacgtggc tttccccccc ccccatgaca ttaacctata 2220

aaaataggcg tatcacgagg ccagcttggg aaaccataag accgagatag agttgagtgt 2280

tgttccagtt tggaacaaga gtccactatt aaagaacgtg gactccaacg tcaaagggcg 2340

aaaaaccgtc tatcagggcg atggcccact acgtgaacca tcacccaaat caagtttttt 2400

ggggtcgagg tgccgtaaag cactaaatcg gaaccctaaa gggagccccc gatttagagc 2460

ttgacgggga aagccggcga acgtggcgag aaaggaaggg aagaaagcga aaggagcggg 2520

cgctaaggcg ctggcaagtg tagcggtcac gctgcgcgta accaccacac ccgccgcgct 2580

taatgcgccg ctacagggcg cgtactatgg ttgctttgac gtatgcggtg tgaaataccg 2640

cacagatgcg taaggagaaa atacatcgtg atccggatca agatccagat cgaattggag 2700

gctacagtca gtggagagga ctttcactga ctgactgact gcgtctcaac ctcctagggg 2760

acattgatta ttgactagtt attaatagta atcaattacg gggtcattag ttcatagccc 2820

atatatggag ttccgcgtta cataacttac ggtaaatggc ccgcctggct gaccgcccaa 2880

cgacccccgc ccattgacgt caataatgac gtatgttccc atagtaacgc caatagggac 2940
tttccattga cgtcaatggg tggagtattt acggtaaact gcccacttgg cagtacatca 3000
agtgtatcat atgccaagta cgccccctat tgacgtcaat gacggtaaat ggcccgcctg 3060
gcattatgcc cagtacatga ccttatggga ctttcctact tggcagtaca tctacgtatt 3120
agtcatcgct attaccatgg tgatgcggtt ttggcagtac atcaatgggc gtggatagcg 3180
gtttgactca cggggatttc caagtctcca ccccattgac gtcaatggga gtttgttttg 3240
gcaccaaaat caacgggact ttccaaaatg tcgtaacaac tccgccccat tgacgcaaat 3300

gggcggtagg cgtgtacggt gggaggtcta tataagcaga gctcgtttag tgaaccgggt 3360
ctctctggtt agaccagatc tgagcctggg agctctctgg ctaactaggg aacccactgc 3420
ttaagcctca ataaagcttg ccttgagtgc tcaaagtagt gtgtgcccgt ctgttgtgtg 3480
actctggtaa ctagagatcc ctcagaccct tttagtcagt gtggaaaatc tctagcagtg 3540
gcgcccgaac agggacttga aagcgaaagt aaagccagag gagatctctc gacgcaggac 3600
tcggcttgct gaagcgcgca cggcaagagg cgaggggcgg cgactggtga gtacgccaaa 3660
aattttgact agcggaggct agaaggagag agtagggtgc gagagcgtcg gtattaagcg 3720

ggggagaatt agataaatgg gaaaaaattc ggttaaggcc agggggaaag aaacaatata 3780
aactaaaaca tatagttagg gcaagcaggg agctagaacg attcgcagtt aatcctggcc 3840
ttttagagac atcagaaggc tgtagacaaa tactgggaca gctacaacca tcccttcaga 3900
caggatcaga agaacttaga tcattatata atacaatagc agtcctctat tgtgtgcatc 3960
aaaggataga tgtaaaagac accaaggaag ccttagataa gatagaggaa gagcaaaaca 4020
aaagtaagaa aaaggcacag caagcgatct tcagacctgg aggaggcagg aggcgatatg 4080
agggacaatt ggagaagtga attatataaa tataaagtag taaaaattga accattagga 4140

gtagcaccca ccaaggcaaa gagaagagtg gtgcagagag aaaaaagagc agtgggaata 4200
ggagctttgt tccttgggtt cttgggagca gcaggaagca ctatgggcgc agcgtcaatg 4260
acgctgacgg tacaggccag acaattattg tctgatatag tgcagcagca gaacaatttg 4320
ctgagggcta ttgaggcgca acagcatctg ttgcaactca cagtctgggg catcaaacag 4380
ctccaggcaa gaatcctggc tgtggaaaga tacctaaagg atcaacagct cctggggatt 4440
tggggttgct ctggaaaact catttgcacc actgctgtgc cttggaatgc tagttggagt 4500
aataaatctc tggaacagat ttggaataac atgacctgga tggagtggga cagagaaatt 4560

aacaattaca caagcttaat acactcctta attgaagaat cgcaaaacca gcaagaaaag 4620

aatgaacaag aattattgga attagataaa tgggcaagtt tgtggaattg gtttaacata 4680

acaaattggc tgtggtatat aaaattattc ataatgatag taggaggctt ggtaggttta 4740

agaatagttt ttgctgtact ttctatagtg aatagagtta ggcagggata ttcaccatta 4800

tcgtttcaga cccacctccc aatcccgagg ggaccacgcg tacaaatggc agtattcatc 4860

cacaatttta aaagaaaagg ggggattggg gggtacagtg caggggaaag aatagtagac 4920

ataatagcaa cagacataca aactaaagaa ttacaaaaac aaattacaaa aattcaaaat 4980

tttcgggttt attacaggga cagcagaaat ccactttgga aagctgagca tccggctccg 5040

gtgcccgtca gtgggcagag cgcacatcgc ccacagtccc cgagaagttg gggggagggg 5100

tcggcaattg aaccggtgcc tagagaaggt ggcgcggggt aaactgggaa agtgatgtcg 5160

tgtactggct ccgccttttt cccgagggtg ggggagaacc gtatataagt gcagtagtcg 5220

ccgtgaacgt tctttttcgc aacgggtttg ccgccagaac acaggtaagt gccgtgtgtg 5280

gttcccgcgg gcctggcctc tttacgggtt atggcccttg cgtgccttga attacttcca 5340

cgcccctggc tgcagtacgt gattcttgat cccgagcttc gggttggaag tgggtgggag 5400

agttcgaggc cttgcgctta aggagcccct tcgcctcgtg cttgagttga ggcctggcct 5460

gggcgctggg gccgccgcgt gcgaatctgg tggcaccttc gcgcctgtct cgctgctttc 5520

gataagtctc tagccattta aaatttttga tgacctgctg cgacgctttt tttctggcaa 5580

gatagtcttg taaatgcggg ccaagatctg cacactggta tttcggtttt tggggccgcg 5640

ggcggcgacg gggcccgtgc gtcccagcgc acatgttcgg cgaggcgggg cctgcgagcg 5700

cggccaccga gaatcggacg ggggtagtct caagctggcc ggcctgctct ggtgcctggc 5760

ctcgcgccgc cgtgtatcgc cccgccctgg gcggcaaggc tggcccggtc ggcaccagtt 5820

gcgtgagcgg aaagatggcc gcttcccggc cctgctgcag ggagctcaaa atggaggacg 5880

cggcgctcgg gagagcgggc gggtgagtca cccacacaaa ggaaaagggc ctttccgtcc 5940

tcagccgtcg cttcatgtga ctccacggag taccgggcgc cgtccaggca cctcgattag 6000

ttctcgagct tttggagtac gtcgtcttta ggttgggggg aggggtttta tgcgatggag 6060

tttccccaca ctgagtgggt ggagactgaa gttaggccag cttggcactt gatgtaattc 6120

tccttggaat ttgccctttt tgagtttgga tcttggttca ttctcaagcc tcagacagtg 6180

gttcaaagtt tttttcttcc atttcaggtg tcgtgaaaac tacccctcag agccgccacc 6240

atgcttctcc tggtgacaag ccttctgctc tgtgagttac cacacccagc attcctcctg 6300

atccccgcca cctaccccag ttcagacgtt ccctgtgatg ccacgttgac tgagaaaagc 6360

tttgaaacag atatgaacct aaactttcaa aacctgtcag ttatgggact ccgaatcctc 6420

ctgctgaaag tagccggatt taacctgctc atgacgctga ggctgtggtc cagtggcagc 6480

ggcgagggca gaggaagtct gctaacatgc ggtgacgtcg aggagaatcc tggacctggt 6540

cgagcagact gtggtattac ctcagcatcc tatcaacaag gagtcttgtc tgccaccatc 6600

ctctatgaga tcctgctagg gaaagccacc ctgtatgctg tgcttgtcag tacactggtg 6660

gtgatggcta tggtcaaaag aaagaattca gggtcaggcg ctactaactt cagcctgctg 6720

aagcaggctg gagacgtgga ggagaaccct ggacctatgc tactacttgt gacctcacta 6780

ttgttatgcg aactccctca tcccgcattc ttgctgattc cagaagttca gctggtagag 6840

tccggtggcg ggctggtaca gccaggggga tctctccgtc tctcatgtgc tgccagtggg 6900

ggagattggt ccgctaactt tatgtactgg tatcgtcaag cacctgggaa acaacgcgag 6960

ctggttgcac ggatctctgg acgaggggta gtggattacg tggaaagtgt gaaaggacga 7020

ttcacaattt ccagggacaa ttctaaaaac acccttttatt tgcaaatgaa tagtctgaga 7080

gcagaagaca cagccgtata ttattgtgca gtcgcatcct attgggggca ggggactctt 7140

gtcacagtct cgagtgctgc cgcaggaggc ggtggcagtg gtgggggagg atctggcgga 7200

ggaggtagcc tcgaggatgg taatgaagaa atgggtggta ttacacagac accatataaa 7260

gtctccatct ctggaaccac agtaatattg acatgccctc agtatcctgg atctgaaata 7320

ctatggcaac acaatgacaa aaacataggc ggagatgagg atgataagaa cataggcagt 7380

gatgaggatc acctgtcact gaaggaattt tcagaattgg agcaaagtgg ttattatgtc 7440

tgctacccca gaggaagcaa accagaagat gcgaactttt atctctacct gagggcaaga 7500

gtgtgtgaga actgcatgga gatggatgtg atgtcggtgg ccacaattgt catagtggac 7560

atctgcatca ctgggggctt gctgctgctg gtttactact ggagcaagaa tagaaaggcc 7620

aaggccaagc ctgtgacacg aggagcgggt gctggcggca ggcaaagggg acaaaacaag 7680

gagaggccac cacctgttcc caacccagac tatgagccca tccggaaagg ccagcgggac 7740

ctgtattctg gcctgaatca gagacgcatc taagatatcg agcatcttac cgccatttat 7800

acccatattt gttctgtttt tcttgatttg ggtatacatt taaatgttaa taaaacaaaa 7860

tggtggggca atcatttaca tttttaggga tatgtaatta ctagttcagg tgtattgcca 7920

caagacaaac atgttaagaa actttcccgt tatttacgct ctgttcctgt taatcaacct 7980

ctggattaca aaatttgtga aagattgact gatattctta actatgttgc tccttttacg 8040

ctgtgtggat atgctgcttt atagcctctg tatctagcta ttgcttcccg tacggctttc 8100

gttttctcct ccttgtataa atcctggttg ctgtctcttt tagaggagtt gtggcccgtt 8160

gtccgtcaac gtggcgtggt gtgctctgtg tttgctgacg caacccccac tggctggggc 8220

attgccacca cctgtcaact cctttctggg actttcgctt tccccctccc gatcgccacg 8280

gcagaactca tcgccgcctg ccttgcccgc tgctggacag gggctaggtt gctgggcact 8340

gataattccg tggtgttgtc agtactggta cctttaagac caatgactta caaggcagct 8400
gtagatctta gccacttttt aaaagaaaag gggggactgg aagggctaat tcactcccaa 8460
agaagacaag atctgctttt tgcctgtact gggtctctct ggttagacca gatctgagcc 8520
tgggagctct ctggctaact agggaaccca ctgcttaagc ctcaataaag cttgccttga 8580
gtgcttcaag tagtgtgtgc ccgtctgttg tgtgactctg gtaactagag atccctcaga 8640
ccctttttagt cagtgtggaa aatctctagc a 8671

<210> 194
<211> 8928
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 194
ctcgctgcgc tcggtcgttc ggctgcggcg agcggtatca gctcactcaa aggcggtaat 60
acggttatcc acagaatcag gggataacgc aggaaagaac atgtgagcaa aaggccagca 120
aaaggccagg aaccgtaaaa aggccgcgtt gctggcgttt ttccataggc tccgcccccc 180
tgacgagcat cacaaaaatc gacgctcaag tcagaggtgg cgaaacccga caggactata 240
aagataccag gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc cgaccctgcc 300
gcttaccgga tacctgtccg cctttctccc ttcgggaagc gtggcgcttt ctcatagctc 360

acgctgtagg tatctcagtt cggtgtaggt cgttcgctcc aagctgggct gtgtgcacga 420
acccccccgtt cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaaccc 480
ggtaagacac gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta gcagagcgag 540
gtatgtaggc ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct acactagaag 600
aacagtattt ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag 660
ctcttgatcc ggcaaacaaa ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt gcaagcagca 720
gattacgcgc agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga 780

cgctcagtgg aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgagttaat taacttgcgc 840
cgtcccgtca agtcagcgta atgctctgcc agtgttacaa ccaattaacc aattctgatt 900
agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt cacatcagga ttatcaatac 960
catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa ctcaccgagg cagttccata 1020

ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg tccaacatca atacaaccta 1080

ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa atcaccatga gtgacgactg 1140

aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca gacttgttca acaggccagc 1200

cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc gttattcatt cgtgattgcg 1260

cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca attacaaaca ggaatcgaat 1320

gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt ttcacctgaa tcaggatatt 1380

cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt ggtgagtaac catgcatcat 1440

caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat aaattccgtc agccagttta 1500

gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc tttgccatgt ttcagaaaca 1560

actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt cgcacctgat tgcccgacat 1620

tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat gttggaattt aatcgcggcc 1680

tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa cacccttgt attactgttt atgtaagcag 1740

acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc aatgtaacat cagagatttt 1800

gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta acctataaaa ataggcgtat 1860

cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg 1920

aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat 1980

cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc 2040

cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttg acggggaaag 2100

ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg 2160

gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta 2220

cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga aataccgcac agatgcgtaa 2280

ggagaaaata catcgtgatc cggatcaaga tccagatcga attggaggct acagtcagtg 2340

gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc ctaggggaca ttgattattg 2400

actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc atagcccata tatggagttc 2460

cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac cgcccaacga cccccgccca 2520

ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt 2580

caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg 2640

ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag 2700

tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct acgtattagt catcgctatt 2760

accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg 2820

ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa 2880

cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt 2940
gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga accgggtctc tctggttaga 3000
ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac ccactgctta agcctcaata 3060
aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta 3120
gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct agcagtggcg cccgaacagg 3180
gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac gcaggactcg gcttgctgaa 3240
gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta cgccaaaaat tttgactagc 3300

ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta ttaagcgggg gagaattaga 3360
taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa caatataaac taaaacatat 3420
agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat cctggccttt tagagacatc 3480
agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga 3540
acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt gtgcatcaaa ggatagatgt 3600
aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag caaaacaaaa gtaagaaaaa 3660
ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg cgatatgagg gacaattgga 3720

gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc attaggagta gcacccacca 3780
aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt gggaatagga gctttgttcc 3840
ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc gtcaatgacg ctgacggtac 3900
aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa caatttgctg agggctattg 3960
aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat caaacagctc caggcaagaa 4020
tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct ggggatttgg ggttgctctg 4080
gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag ttggagtaat aaatctctgg 4140

aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag agaaattaac aattacacaa 4200
gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca agaaaagaat gaacaagaat 4260
tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt taacataaca aattggctgt 4320
ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt aggtttaaga atagtttttg 4380
ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc accattatcg tttcagaccc 4440
acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt attcatccac aattttaaaa 4500
gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat agtagacata atagcaacag 4560

acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat tcaaaatttt cgggtttatt 4620

acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc ggctccggtg cccgtcagtg 4680

ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg ggaggggtcg gcaattgaac 4740

cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt gatgtcgtgt actggctccg 4800

ccttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca gtagtcgccg tgaacgttct 4860

ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc gtgtgtggtt cccgcgggcc 4920

tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt acttccacgc ccctggctgc 4980

agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg gtgggagagt tcgaggcctt 5040

gcgcttaagg agccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc ctggcctggg cgctggggcc 5100

gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc tgctttcgat aagtctctag 5160

ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttt ctggcaagat agtcttgtaa 5220

atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg ggccgcgggc ggcgacgggg 5280

cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct gcgagcgcgg ccaccgagaa 5340

tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt gcctggcctc gcgccgccgt 5400

gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc accagttgcg tgagcggaaa 5460

gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg gaggacgcgg cgctcgggag 5520

agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt tccgtcctca gccgtcgctt 5580

catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct cgattagttc tcgagctttt 5640

ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc gatggagttt ccccacactg 5700

agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat gtaattctcc ttggaatttg 5760

ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca gacagtggtt caaagttttt 5820

ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac cccatgccgc caccatgctt ctcctggtga 5880

caagccttct gctctgtgag ttaccacacc cagcattcct cctgatccca gaagttcagc 5940

tggtagagtc cggtggcggg ctggtacagc cagggggatc tctccgtctc tcatgtgctg 6000

ccagtggggg agattggtcc gctaacttta tgtactggta tcgtcaagca cctgggaaac 6060

aacgcgagct ggttgcacgg atctctggac gaggggtagt ggattacgtg gaaagtgtga 6120

aaggacgatt cacaatttcc agggacaatt ctaaaaacac cctttatttg caaatgaata 6180

gtctgagagc agaagacaca gccgtatatt attgtgcagt cgcatcctat tgggggcagg 6240

ggactcttgt cacagtctcg agtattcaga accctgagcc tgccgtgtat caactgaagg 6300

accctagaag ccaggacagc accctgtgcc tgttcaccga cttcgacagc cagatcaacg 6360

tgcccaagac catggaaagc ggcaccttca tcaccgataa gactgtgctg gacatgaagg 6420

ccatggacag caagagcaac ggcgccattg catggtccaa tcagaccagc tttacctgcc 6480

aagacatctt caaagagaca aacgccacct accccagttc agacgttccc tgtgatgcca 6540

cgttgactga gaaaagcttt gaaacagata tgaacctaaa ctttcaaaac ctgtcagtta 6600

tgggactccg aatcctcctg ctgaaagtag ccggatttaa cctgctcatg acgctgaggc 6660

tgtggtccag tggcagcggc gctactaact tcagcctgct gaagcaggct ggagacgtgg 6720

aggagaaccc tggacctatg ctactacttg tgacctcact attgttatgc gaactccctc 6780

atcccgcatt cttgctgatt ccagaggtgc aacttgtgga aagtggggga ggtctcgttc 6840

aacctggtgg cagccttaga ctgagctgcg cagcttcagg aggtgactgg agtgcaaatt 6900

tcatgtattg gtacagacag gctccaggaa agcagcgaga acttgtagcc agaattagcg 6960

gtaggggagt tgtcgactat gtcgagtcag ttaagggtag gtttaccatc agtcgagata 7020

acagcaagaa tacattgtac ctccagatga actcacttcg ggctgaggat actgcagtgt 7080

actactgcgc tgttgctagt tactggggac aaggtacatt ggtaactgtt agttcagatc 7140

tgagaaatgt gactccaccc aaggtctcct tgtttgagcc atcaaaagca gagattgcaa 7200

acaaacaaaa ggctaccctc gtgtgcttgg ccaggggctt cttccctgac cacgtggagc 7260

tgagctggtg ggtgaatggc aaggaggtcc acagtggggt cagcacggac ccacaggcct 7320

acaaggagag caattatagc tactgcctga gcagccgcct gagggtctct gctaccttct 7380

ggcacaatcc tcgcaaccac ttccgctgcc aagtgcagtt ccatgggctt tcagaggagg 7440

acaagtggcc agagggctca cccaaacctg tcacacagaa catcagtgca gaggcctggg 7500

gtcgagcaga ctgtggtatt acctcagcat cctatcaaca aggagtcttg tctgccacca 7560

tcctctatga gatcctgcta gggaaagcca ccctgtatgc tgtgcttgtc agtacactgg 7620

tggtgatggc tatggtcaaa agaaagaatt catgagatat cgagcatctt accgccattt 7680

atacccatat ttgttctgtt tttcttgatt tgggtataca tttaaatgtt aataaaacaa 7740

aatggtgggg caatcattta catttttagg gatatgtaat tactagttca ggtgtattgc 7800

cacaagacaa acatgttaag aaactttccc gttatttacg ctctgttcct gttaatcaac 7860

ctctggatta caaaatttgt gaaagattga ctgatattct taactatgtt gctccttta 7920

cgctgtgtgg atatgctgct ttatagcctc tgtatctagc tattgcttcc cgtacggctt 7980

tcgttttctc ctccttgtat aaatcctggt tgctgtctct tttagaggag ttgtggcccg 8040

ttgtccgtca acgtggcgtg gtgtgctctg tgtttgctga cgcaaccccc actggctggg 8100

gcattgccac cacctgtcaa ctccttttctg ggactttcgc tttccccctc ccgatcgcca 8160

cggcagaact catcgccgcc tgccttgccc gctgctggac aggggctagg ttgctgggca 8220

ctgataattc cgtggtgttg tcagtactgg taccttttaag accaatgact tacaaggcag 8280

ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa agggggggact ggaagggcta attcactccc 8340

aaagaagaca agatctgctt tttgcctgta ctgggtctct ctggttagac cagatctgag 8400

cctgggagct ctctggctaa ctagggaacc cactgcttaa gcctcaataa agcttgcctt 8460

gagtgcttca agtagtgtgt gcccgtctgt tgtgtgactc tggtaactag agatccctca 8520

gacccttta gtcagtgtgg aaaatctcta gcatgatcat aatcaagcca tatcacatct 8580

gtagaggttt acttgcttta aaaaacctcc acacctcccc ctgaacctga aacataaaat 8640

gaatgcaatt gttgttgtta acttgtttat tgcagcttat aatggttaca aataaagcaa 8700

tagcatcaca aatttcacaa ataaagcatt tttttcactg cattctagtt gtggtttgtc 8760

caaactcatc aatgtatctt atcatgtctg gatctgcgtc gacacgaaga gacgactgac 8820

tgactgactg gaaagaggaa gggctggaag aggaaggagc ttgatccaga tcccgatctc 8880

gatccagatc cggatcgcag cttggtcttc cgcttcctcg ctcactga 8928

<210> 195

<211> 9339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 195

ctcgctgcgc tcggtcgttc ggctgcggcg agcggtatca gctcactcaa aggcggtaat 60

acggttatcc acagaatcag gggataacgc aggaaagaac atgtgagcaa aaggccagca 120

aaaggccagg aaccgtaaaa aggccgcgtt gctggcgttt ttccataggc tccgcccccc 180

tgacgagcat cacaaaaatc gacgctcaag tcagaggtgg cgaaacccga caggactata 240

aagataccag gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc cgaccctgcc 300

gcttaccgga tacctgtccg cctttctccc ttcgggaagc gtggcgcttt ctcatagctc 360

acgctgtagg tatctcagtt cggtgtaggt cgttcgctcc aagctgggct gtgtgcacga 420

acccccgtt cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaaccc 480

ggtaagacac gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta gcagagcgag 540

gtatgtaggc ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct acactagaag 600

aacagtattt ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag 660

ctcttgatcc ggcaaacaaa ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt gcaagcagca 720

gattacgcgc agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga 780

cgctcagtgg aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgagttaat taacttgcgc 840

cgtcccgtca agtcagcgta atgctctgcc agtgttacaa ccaattaacc aattctgatt 900

agaaaaactc atcgagcatc aaatgaaact gcaatttatt cacatcagga ttatcaatac 960

catatttttg aaaaagccgt ttctgtaatg aaggagaaaa ctcaccgagg cagttccata 1020

ggatggcaag atcctggtat cggtctgcga ttccgactcg tccaacatca atacaaccta 1080

ttaatttccc ctcgtcaaaa ataaggttat caagtgagaa atcaccatga gtgacgactg 1140

aatccggtga gaatggcaaa agtttatgca tttctttcca gacttgttca acaggccagc 1200

cattacgctc gtcatcaaaa tcactcgcat caaccaaacc gttattcatt cgtgattgcg 1260

cctgagcaag acgaaatacg cgatcgctgt taaaaggaca attacaaaca ggaatcgaat 1320

gcaaccggcg caggaacact gccagcgcat caacaatatt ttcacctgaa tcaggatatt 1380

cttctaatac ctggaatgct gtttttccgg ggatcgcagt ggtgagtaac catgcatcat 1440

caggagtacg gataaaatgc ttgatggtcg gaagaggcat aaattccgtc agccagttta 1500

gtctgaccat ctcatctgta acatcattgg caacgctacc tttgccatgt ttcagaaaca 1560

actctggcgc atcgggcttc ccatacaagc gatagattgt cgcacctgat tgcccgacat 1620

tatcgcgagc ccatttatac ccatataaat cagcatccat gttggaattt aatcgcggcc 1680

tcgacgtttc ccgttgaata tggctcataa caccccttgt attactgttt atgtaagcag 1740

acagttttat tgttcatgat gatatatttt tatcttgtgc aatgtaacat cagagatttt 1800

gagacacaac gtggctttcc ccccccccc catgacatta acctataaaa ataggcgtat 1860

cacgaggcca gcttgggaaa ccataagacc gagatagagt tgagtgttgt tccagtttgg 1920

aacaagagtc cactattaaa gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat 1980

cagggcgatg gcccactacg tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc 2040

cgtaaagcac taaatcggaa ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttg acggggaaag 2100

ccggcgaacg tggcgagaaa ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc taaggcgctg 2160

gcaagtgtag cggtcacgct gcgcgtaacc accacacccg ccgcgcttaa tgcgccgcta 2220

cagggcgcgt actatggttg ctttgacgta tgcggtgtga ataccgcac agatgcgtaa 2280

ggagaaaata catcgtgatc cggatcaaga tccagatcga attggaggct acagtcagtg 2340

gagaggactt tcactgactg actgactgcg tctcaacctc ctaggggaca ttgattattg 2400

actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc atagcccata tatggagttc 2460

cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg cctggctgac cgcccaacga cccccgccca 2520

ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt 2580

caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg 2640

ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag 2700
tacatgacct tatgggactt tcctacttgg cagtacatct acgtattagt catcgctatt 2760
accatggtga tgcggttttg gcagtacatc aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg 2820
ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa 2880
cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt 2940
gtacggtggg aggtctatat aagcagagct cgtttagtga accgggtctc tctggttaga 3000
ccagatctga gcctgggagc tctctggcta actagggaac ccactgctta agcctcaata 3060

aagcttgcct tgagtgctca aagtagtgtg tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta 3120
gagatccctc agacccttttt agtcagtgtg gaaaatctct agcagtggcg cccgaacagg 3180
gacttgaaag cgaaagtaaa gccagaggag atctctcgac gcaggactcg gcttgctgaa 3240
gcgcgcacgg caagaggcga ggggcggcga ctggtgagta cgccaaaaat tttgactagc 3300
ggaggctaga aggagagagt agggtgcgag agcgtcggta ttaagcgggg gagaattaga 3360
taaatgggaa aaaattcggt taaggccagg gggaaagaaa caatataaac taaaacatat 3420
agttagggca agcagggagc tagaacgatt cgcagttaat cctggccttt tagagacatc 3480

agaaggctgt agacaaatac tgggacagct acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga 3540
acttagatca ttatataata caatagcagt cctctattgt gtgcatcaaa ggatagatgt 3600
aaaagacacc aaggaagcct tagataagat agaggaagag caaaacaaaa gtaagaaaaa 3660
ggcacagcaa gcgatcttca gacctggagg aggcaggagg cgatatgagg gacaattgga 3720
gaagtgaatt atataaatat aaagtagtaa aaattgaacc attaggagta gcacccacca 3780
aggcaaagag aagagtggtg cagagagaaa aaagagcagt gggaatagga gctttgttcc 3840
ttgggttctt gggagcagca ggaagcacta tgggcgcagc gtcaatgacg ctgacggtac 3900

aggccagaca attattgtct gatatagtgc agcagcagaa caatttgctg agggctattg 3960
aggcgcaaca gcatctgttg caactcacag tctggggcat caaacagctc caggcaagaa 4020
tcctggctgt ggaaagatac ctaaaggatc aacagctcct ggggatttgg ggttgctctg 4080
gaaaactcat ttgcaccact gctgtgcctt ggaatgctag ttggagtaat aaatctctgg 4140
aacagatttg gaataacatg acctggatgg agtgggacag agaaattaac aattacacaa 4200
gcttaataca ctccttaatt gaagaatcgc aaaaccagca agaaaagaat gaacaagaat 4260
tattggaatt agataaatgg gcaagtttgt ggaattggtt taacataaca aattggctgt 4320

ggtatataaa attattcata atgatagtag gaggcttggt aggtttaaga atagtttttg 4380

ctgtactttc tatagtgaat agagttaggc agggatattc accattatcg tttcagaccc 4440

acctcccaat cccgagggga ccacgcgtac aaatggcagt attcatccac aattttaaaa 4500

gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat agtagacata atagcaacag 4560

acatacaaac taaagaatta caaaaacaaa ttacaaaaat tcaaaatttt cgggtttatt 4620

acagggacag cagaaatcca ctttggaaag ctgagcatcc ggctccggtg cccgtcagtg 4680

ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg ggaggggtcg gcaattgaac 4740

cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt gatgtcgtgt actggctccg 4800

ccttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca gtagtcgccg tgaacgttct 4860

ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc gtgtgtggtt cccgcgggcc 4920

tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt acttccacgc ccctggctgc 4980

agtacgtgat tcttgatccc gagcttcggg ttggaagtgg gtgggagagt tcgaggcctt 5040

gcgcttaagg agccccttcg cctcgtgctt gagttgaggc ctggcctggg cgctggggcc 5100

gccgcgtgcg aatctggtgg caccttcgcg cctgtctcgc tgctttcgat aagtctctag 5160

ccatttaaaa tttttgatga cctgctgcga cgctttttt ctggcaagat agtcttgtaa 5220

atgcgggcca agatctgcac actggtattt cggtttttgg ggccgcgggc ggcgacgggg 5280

cccgtgcgtc ccagcgcaca tgttcggcga ggcggggcct gcgagcgcgg ccaccgagaa 5340

tcggacgggg gtagtctcaa gctggccggc ctgctctggt gcctggcctc gcgccgccgt 5400

gtatcgcccc gccctgggcg gcaaggctgg cccggtcggc accagttgcg tgagcggaaa 5460

gatggccgct tcccggccct gctgcaggga gctcaaaatg gaggacgcgg cgctcgggag 5520

agcgggcggg tgagtcaccc acacaaagga aaagggcctt tccgtcctca gccgtcgctt 5580

catgtgactc cacggagtac cgggcgccgt ccaggcacct cgattagttc tcgagctttt 5640

ggagtacgtc gtctttaggt tgggggggagg ggttttatgc gatggagttt ccccacactg 5700

agtgggtgga gactgaagtt aggccagctt ggcacttgat gtaattctcc ttggaatttg 5760

ccctttttga gtttggatct tggttcattc tcaagcctca gacagtggtt caaagttttt 5820

ttcttccatt tcaggtgtcg tgaaaactac cccatgccgc caccatgctt ctcctggtga 5880

caagccttct gctctgtgag ttaccacacc cagcattcct cctgatccca attcagaacc 5940

ctgagcctgc cgtgtatcaa ctgaaggacc ctagaagcca ggacagcacc ctgtgcctgt 6000

tcaccgactt cgacagccag atcaacgtgc ccaagaccat ggaaagcggc accttcatca 6060

ccgataagac tgtgctggac atgaaggcca tggacagcaa gagcaacggc gccattgcat 6120

ggtccaatca gaccagcttt acctgccaag acatcttcaa agagacaaac gccacctacc 6180

ccagttcaga cgttccctgt gatgccacgt tgactgagaa aagctttgaa acagatatga 6240

acctaaactt tcaaaacctg tcagttatgg gactccgaat cctcctgctg aaagtagccg 6300

gatttaacct gctcatgacg ctgaggctgt ggtccagtgg cagcggcgag ggcagaggaa 6360

gtctgctaac atgcggtgac gtcgaggaga atcctggacc tatgctacta cttgtgacct 6420

cactattgtt atgcgaactc cctcatcccg cattcttgct gattccagat ctgagaaatg 6480

tgactccacc caaggtctcc ttgtttgagc catcaaaagc agagattgca aacaaacaaa 6540

aggctaccct cgtgtgcttg gccaggggct tcttccctga ccacgtggag ctgagctggt 6600

gggtgaatgg caaggaggtc cacagtgggg tcagcacgga cccacaggcc tacaaggaga 6660

gcaattatag ctactgcctg agcagccgcc tgagggtctc tgctaccttc tggcacaatc 6720

ctcgcaacca cttccgctgc caagtgcagt tccatgggct ttcagaggag gacaagtggc 6780

cagagggctc acccaaacct gtcacacaga acatcagtgc agaggcctgg ggtcgagcag 6840

actgtggtat tacctcagca tcctatcaac aaggagtctt gtctgccacc atcctctatg 6900

agatcctgct agggaaagcc accctgtatg ctgtgcttgt cagtacactg gtggtgatgg 6960

ctatggtcaa aagaaagaat tcaggatctg gtgctactaa cttcagcctg ctgaagcagg 7020

ctggagacgt ggaggagaac cctggaccta tgctcctgct tgtgacgtcc ctcctgcttt 7080

gtgaactccc gcatcctgcc ttcctgctca tccctgaagt tcagctggta gagtccggtg 7140

gcgggctggt acagccaggg ggatctctcc gtctctcatg tgctgccagt gggggagatt 7200

ggtccgctaa ctttatgtac tggtatcgtc aagcacctgg gaaacaacgc gagctggttg 7260

cacggatctc tggacgaggg gtagtggatt acgtggaaag tgtgaaagga cgattcacaa 7320

tttccaggga caattctaaa aacacccttt atttgcaaat gaatagtctg agagcagaag 7380

acacagccgt atattattgt gcagtcgcat cctattgggg gcaggggact cttgtcacag 7440

tctcgagtgc tgccgcagga ggcggtggca gtggtggggg aggatctggc ggaggaggta 7500

gcctcgagga cggaaacgag gagatggggg gaatcactca aaccccttac aaggtgtcta 7560

tttccggcac taccgtgatt cttacctgtc cacaataccc aggcagcgat attctctggc 7620

agcataacga caaaaatatc ggaggagacg aagacgacaa gaatatcggg tcggacgaag 7680

accatctcag ccttaaagag ttcagcgagc ttgaacagag cggctactac gtttgttatc 7740

cacgagggtc taagcctgag gacgcaaatt tctacctgta tctcagagct agggtttgcg 7800

aaaattgtat ggaaatggac gttatgagtg tcgctacgat cgtgattgtt gatatttgta 7860

ttacaggagg gctgcttttg ctcgtctatt attggtctaa aaaccggaaa gctaaagcaa 7920

aacccgtaac gaggggcgct ggagcaggag gaagacagag aggccagaat aaagaacgtc 7980

ctcccccagt gccaaatccc gattacgaac caattagaaa gggacaaaga gatttgtaca 8040

gcggactcaa ccaacggaga atttgagata tcgagcatct taccgccatt tatacccata 8100

tttgttctgt ttttcttgat ttgggtatac atttaaatgt taataaaaca aaatggtggg 8160
gcaatcattt acatttttag ggatatgtaa ttactagttc aggtgtattg ccacaagaca 8220
aacatgttaa gaaactttcc cgttatttac gctctgttcc tgttaatcaa cctctggatt 8280
acaaaatttg tgaaagattg actgatattc ttaactatgt tgctcctttt acgctgtgtg 8340
gatatgctgc tttatagcct ctgtatctag ctattgcttc ccgtacggct ttcgttttct 8400
cctccttgta taaatcctgg ttgctgtctc ttttagagga gttgtggccc gttgtccgtc 8460
aacgtggcgt ggtgtgctct gtgtttgctg acgcaacccc cactggctgg ggcattgcca 8520

ccacctgtca actcctttct gggactttcg ctttcccccc cccgatcgcc acggcagaac 8580
tcatcgccgc ctgccttgcc cgctgctgga caggggctag gttgctgggc actgataatt 8640
ccgtggtgtt gtcagtactg gtacctttaa gaccaatgac ttacaaggca gctgtagatc 8700
ttagccactt tttaaaagaa aaggggggac tggaagggct aattcactcc caaagaagac 8760
aagatctgct ttttgcctgt actgggtctc tctggttaga ccagatctga gcctgggagc 8820
tctctggcta actagggaac ccactgctta agcctcaata aagcttgcct tgagtgcttc 8880
aagtagtgtg tgcccgtctg ttgtgtgact ctggtaacta gagatccctc agacccttt 8940

agtcagtgtg gaaaatctct agcatgatca taatcaagcc atatcacatc tgtagaggtt 9000
tacttgcttt aaaaaacctc cacacctccc cctgaacctg aaacataaaa tgaatgcaat 9060
tgttgttgtt aacttgttta ttgcagctta taatggttac aaataaagca atagcatcac 9120
aaatttcaca aataaagcat ttttttcact gcattctagt tgtggtttgt ccaaactcat 9180
caatgtatct tatcatgtct ggatctgcgt cgacacgaag agacgactga ctgactgact 9240
ggaaagagga agggctggaa gaggaaggag cttgatccag atcccgatct cgatccagat 9300
ccggatcgca gcttggtctt ccgcttcctc gctcactga 9339

<210> 196
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide
<400> 196
ctcgaccagc ttgacatcac 20
<210> 197

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 197

acactggtgt gcctggccac 20

<210> 198

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 198

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly
20 25 30

Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly
35 40 45

Gly Asp Trp Ser Ala Asn Phe Met Tyr Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly

50 55 60

Lys Gln Arg Glu Leu Val Ala Arg Ile Ser Gly Arg Gly Val Val Asp
65 70 75 80

Tyr Val Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Val Ala Ser Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu

115 120 125

Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
130 135 140

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly
145 150 155 160
Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val
165 170 175
Ile Leu Thr Cys Pro Gln Tyr Pro Gly Ser Glu Ile Leu Trp Gln His

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

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

305 310 315 320
Pro Ile Arg Lys Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser Gly Leu Asn Gln Arg
325 330 335
Arg Ile

<210> 199
<211> 469
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 199

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

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

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

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

210 215 220
Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala
225 230 235 240

Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln
245 250 255
Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser
260 265 270
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Gly Asn Glu

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

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

405 410 415
Arg Lys Ala Lys Ala Lys Pro Val Thr Arg Gly Ala Gly Ala Gly Gly
420 425 430
Arg Gln Arg Gly Gln Asn Lys Glu Arg Pro Pro Pro Val Pro Asn Pro
435 440 445
Asp Tyr Glu Pro Ile Arg Lys Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser Gly Leu
450 455 460
Asn Gln Arg Arg Ile
465
<210
> 200

<211> 165

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 200

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly
20 25 30

Leu Asp Ser Thr Gly Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys Asp
35 40 45

Ala Thr Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn Phe
50 55 60

Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala
65 70 75 80

Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly
85 90 95

Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro
100 105 110

Gly Pro Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln
115 120 125

Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala
130 135 140

Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val
145 150 155 160

Lys Arg Lys Asn Ser
165

<210> 201

<211> 22

<212> PRT

<213> Unknown

<220><223> Description of Unknown:

GM-CSFRa signal peptide sequence

<400> 201

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro
20

<210> 202

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 202

Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr
1 5 10

<210> 203

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 203

Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu
1 5 10 15
Glu Asn Pro Gly Pro
20

<210> 204

<211> 393

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 204

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

130 135 140

Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln

145 150 155 160

Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr

165 170 175

Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu

180 185 190

Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys

195 200 205

Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu

210 215 220

Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala

225 230 235 240

Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln
245 250 255
Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp

260 265 270
Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met
275 280 285
Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu
290 295 300
Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser
305 310 315 320
Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val

325 330 335
Glu Glu Asn Pro Gly Pro Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala
340 345 350
Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu
355 360 365
Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val
370 375 380
Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asn Ser
385 390

<210> 205
<211> 242
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 205
Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile

35 40 45

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

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

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

Ser Ser

<210> 206
<211> 595
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 206

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60

Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110

Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125

Thr Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
130 135 140

Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln
145 150 155 160

Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr
165 170 175

Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu
180 185 190

Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys
195 200 205

Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu
210 215 220

Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala

225 230 235 240

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

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

Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu
370 375 380
Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser
385 390 395 400
Ser Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu Lys Gln Ala Gly Asp
405 410 415
Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys
420 425 430

Val Ser Leu Phe Glu Pro Ser Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys
435 440 445
Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu
450 455 460
Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr
465 470 475 480

Asp Pro Gln Ala Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser Ser
485 490 495

Arg Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp His Asn Pro Arg Asn His Phe
500 505 510
Arg Cys Gln Val Gln Phe His Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp Pro
515 520 525
Glu Gly Ser Pro Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala Trp
530 535 540
Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val
545 550 555 560

Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu
565 570 575
Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg
580 585 590
Lys Asn Ser
595

<210> 207
<211> 136
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 207
Ile Gln Asn Pro Glu Pro Ala Val Tyr Gln Leu Lys Asp Pro Arg Ser
1 5 10 15
Gln Asp Ser Thr Leu Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Ile Asn

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

Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu

85 90 95

Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val

100 105 110

Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu

115 120 125

Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser

130 135

<210> 208

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 208

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

1 5 10 15

Glu Glu Asn Pro Gly Pro

20

<210> 209

<211> 172

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 209

Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys Val Ser Leu Phe Glu Pro Ser

1 5 10 15

Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala

20 25 30

Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly

35 40 45

Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Ala Tyr Lys Glu

50 55 60

Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu Arg Val Ser Ala Thr
65 70 75 80
Phe Trp His Asn Pro Arg Asn His Phe Arg Cys Gln Val Gln Phe His
85 90 95

Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp Pro Glu Gly Ser Pro Lys Pro Val
100 105 110
Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile
115 120 125
Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr
130 135 140
Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr
145 150 155 160

Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asn Ser
165 170

<210> 210
<211> 594
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 210
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30

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

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110
Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125
Thr Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
130 135 140
Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln
145 150 155 160

Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr
165 170 175
Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu
180 185 190
Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys
195 200 205
Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu
210 215 220

Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala
225 230 235 240
Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln
245 250 255
Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Ile Gln Asn Pro Glu Pro Ala
260 265 270
Val Tyr Gln Leu Lys Asp Pro Arg Ser Gln Asp Ser Thr Leu Cys Leu
275 280 285

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

Cys Gln Asp Ile Phe Lys Glu Thr Asn Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp
340 345 350

Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met
355 360 365

Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu
370 375 380

Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser
385 390 395 400

Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val
405 410 415

Glu Glu Asn Pro Gly Pro Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys Val
420 425 430

Ser Leu Phe Glu Pro Ser Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys Ala
435 440 445

Thr Leu Val Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu
450 455 460

Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp
465 470 475 480

Pro Gln Ala Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser Ser Arg
485 490 495

Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp His Asn Pro Arg Asn His Phe Arg
500 505 510

Cys Gln Val Gln Phe His Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp Pro Glu
515 520 525

Gly Ser Pro Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala Trp Gly
530 535 540

Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu
545 550 555 560

Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr
565 570 575

Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg Lys

580 585 590

Asn Ser

<210> 211

<211> 703

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 211

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60

Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110

Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125

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

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu
180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser
195 200 205
Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln
210 215 220
Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr
225 230 235 240
Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly
260 265 270
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Gly
275 280 285
Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu
290 295 300
Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val
305 310 315 320

Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu
325 330 335
Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser
340 345 350
Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu
355 360 365
Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu
370 375 380

Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala
385 390 395 400
Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile
405 410 415
Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys

420 425 430

Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg

435 440 445

Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn

450 455 460

Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr

465 470 475 480

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

485 490 495

Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly

500 505 510

Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln

515 520 525

Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr

530 535 540

Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu

545 550 555 560

Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys

565 570 575

Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu

580 585 590

Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala

595 600 605

Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln

610 615 620

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser

625 630 635 640

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Gly Arg Ala Asp

645 650 655

Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr

660 665 670

Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu
675 680 685
Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asn Ser
690 695 700

<210> 212
<211> 245
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 212
Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile
35 40 45

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

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

165 170 175

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

Val Thr Val Ser Ser
245

<210> 213
<211> 21
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<400> 213
Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
1 5 10 15
Gly Ser Leu Glu Gly
20
<210> 214
<211> 20
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<400
> 214
Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
1 5 10 15
Gly Ser Leu Glu

20

<210> 215

<211> 594

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 215

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

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

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

145 150 155 160
Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr
165 170 175
Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu
180 185 190

Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys
195 200 205
Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu

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

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

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

405 410 415
Glu Glu Asn Pro Gly Pro Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys Val
420 425 430
Ser Leu Phe Glu Pro Ser Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys Ala

435 440 445

Thr Leu Val Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu

450 455 460

Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp

465 470 475 480

Pro Gln Ala Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser Ser Arg

485 490 495

Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp His Asn Pro Arg Asn His Phe Arg

500 505 510

Cys Gln Val Gln Phe His Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp Pro Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala Trp Gly

530 535 540

Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu

545 550 555 560

Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr

565 570 575

Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg Lys

580 585 590

Asn Ser

<210> 216

<211> 594

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 216

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45

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

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

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

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

275 280 285

Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Ile Asn Val Pro Lys Thr Met Glu Ser

290 295 300

Gly Thr Phe Ile Thr Asp Lys Thr Val Leu Asp Met Lys Ala Met Asp

305 310 315 320

Ser Lys Ser Asn Gly Ala Ile Ala Trp Ser Asn Gln Thr Ser Phe Thr

325 330 335

Cys Gln Asp Ile Phe Lys Glu Thr Asn Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp

340 345 350

Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met

355 360 365

Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu

370 375 380

Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser

385 390 395 400

Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val

405 410 415

Glu Glu Asn Pro Gly Pro Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys Val

420 425 430

Ser Leu Phe Glu Pro Ser Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys Ala

435 440 445

Thr Leu Val Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu

450 455 460

Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp

465 470 475 480

Pro Gln Ala Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser Ser Arg

485 490 495

Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp His Asn Pro Arg Asn His Phe Arg

500 505 510

Cys Gln Val Gln Phe His Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp Pro Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala Trp Gly
530 535 540
Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu
545 550 555 560

Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr
565 570 575
Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg Lys
580 585 590
Asn Ser

<210> 217
<211> 619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 217
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

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

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95
Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110
Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ile Gln Asn Pro Glu

260 265 270

Pro Ala Val Tyr Gln Leu Lys Asp Pro Arg Ser Gln Asp Ser Thr Leu

275 280 285

Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Ile Asn Val Pro Lys Thr Met

290 295 300

Glu Ser Gly Thr Phe Ile Thr Asp Lys Thr Val Leu Asp Met Lys Ala

305 310 315 320

Met Asp Ser Lys Ser Asn Gly Ala Ile Ala Trp Ser Asn Gln Thr Ser

325 330 335

Phe Thr Cys Gln Asp Ile Phe Lys Glu Thr Asn Ala Thr Tyr Pro Ser

340 345 350

Ser Asp Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr

355 360 365

Asp Met Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile
370 375 380
Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu
385 390 395 400

Trp Ser Ser Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu Lys Gln Ala
405 410 415
Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser
420 425 430
Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp
435 440 445
Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys Val Ser Leu Phe Glu Pro Ser Lys
450 455 460

Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala Arg
465 470 475 480
Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys
485 490 495
Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Ala Tyr Lys Glu Ser
500 505 510
Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe
515 520 525

Trp His Asn Pro Arg Asn His Phe Arg Cys Gln Val Gln Phe His Gly
530 535 540
Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp Pro Glu Gly Ser Pro Lys Pro Val Thr
545 550 555 560
Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr
565 570 575
Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu
580 585 590

Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu
595 600 605
Val Val Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asn Ser

610 615

<210> 218

<211> 639

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 218

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60

Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110

Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125

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

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu
180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser
195 200 205

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

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

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

Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met
405 410 415
Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu
420 425 430
Leu Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu

435 440 445

Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu
450 455 460

Leu Ile Pro Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys Val Ser Leu Phe
465 470 475 480

Glu Pro Ser Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys Ala Thr Leu Val
485 490 495

Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp
500 505 510

Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Ala
515 520 525

Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu Arg Val
530 535 540

Ser Ala Thr Phe Trp His Asn Pro Arg Asn His Phe Arg Cys Gln Val
545 550 555 560

Gln Phe His Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp Pro Glu Gly Ser Pro
565 570 575

Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala Asp
580 585 590

Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr
595 600 605

Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu
610 615 620

Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asn Ser
625 630 635

<210> 219

<211> 904

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 219

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

Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80
Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95
Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110
Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser
130 135 140
Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160
Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175
Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu
180 185 190

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

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly
260 265 270
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Gln Asn Pro Glu Pro Ala Val Tyr Gln Leu Lys Asp Pro Arg Ser Gln
290 295 300
Asp Ser Thr Leu Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Ile Asn Val
305 310 315 320

Pro Lys Thr Met Glu Ser Gly Thr Phe Ile Thr Asp Lys Thr Val Leu
325 330 335
Asp Met Lys Ala Met Asp Ser Lys Ser Asn Gly Ala Ile Ala Trp Ser
340 345 350
Asn Gln Thr Ser Phe Thr Cys Gln Asp Ile Phe Lys Glu Thr Asn Ala
355 360 365
Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu Lys
370 375 380

Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Met
385 390 395 400
Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met
405 410 415
Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu
420 425 430
Leu Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu
435 440 445

Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu
450 455 460
Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala
465 470 475 480
Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile
485 490 495

Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys
500 505 510

Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg
515 520 525
Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn
530 535 540
Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr
545 550 555 560
Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser
565 570 575

Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly
580 585 590
Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln
595 600 605
Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr
610 615 620
Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu
625 630 635 640

Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys
645 650 655
Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu
660 665 670
Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala
675 680 685
Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln
690 695 700

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser
705 710 715 720
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Leu Arg Asn
725 730 735
Val Thr Pro Pro Lys Val Ser Leu Phe Glu Pro Ser Lys Ala Glu Ile

740 745 750

Ala Asn Lys Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe
755 760 765

Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His
770 775 780

Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Ala Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser
785 790 795 800

Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp His Asn
805 810 815

Pro Arg Asn His Phe Arg Cys Gln Val Gln Phe His Gly Leu Ser Glu
820 825 830

Glu Asp Lys Trp Pro Glu Gly Ser Pro Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile
835 840 845

Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser
850 855 860

Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu
865 870 875 880

Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met
885 890 895

Ala Met Val Lys Arg Lys Asn Ser
900

<210> 220

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 220

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ile Gln Asn Pro Glu

260 265 270

Pro Ala Val Tyr Gln Leu Lys Asp Pro Arg Ser Gln Asp Ser Thr Leu

275 280 285

Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Ile Asn Val Pro Lys Thr Met

290 295 300

Glu Ser Gly Thr Phe Ile Thr Asp Lys Thr Val Leu Asp Met Lys Ala

305 310 315 320

Met Asp Ser Lys Ser Asn Gly Ala Ile Ala Trp Ser Asn Gln Thr Ser

325 330 335

Phe Thr Cys Gln Asp Ile Phe Lys Glu Thr Asn Ala Thr Tyr Pro Ser

340 345 350

Ser Asp Val Pro Cys Asp Ala Thr Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr

355 360 365

Asp Met Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile

370 375 380

Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu

385 390 395 400

Trp Ser Ser Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu Lys Gln Ala

405 410 415

Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser

420 425 430

Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp

435 440 445

Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp

450 455 460

Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu

465 470 475 480

Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr

485 490 495

His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser

500 505 510

Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu

515 520 525

Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr
530 535 540
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser

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

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

675 680 685
Thr Val Ser Ser Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro Lys Val Ser Leu
690 695 700
Phe Glu Pro Ser Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln Lys Ala Thr Leu
705 710 715 720
Val Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp
725 730 735
Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln

740 745 750
Ala Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu Arg
755 760 765
Val Ser Ala Thr Phe Trp His Asn Pro Arg Asn His Phe Arg Cys Gln

770 775 780

Val Gln Phe His Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp Pro Glu Gly Ser

785 790 795 800

Pro Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala

805 810 815

Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala

820 825 830

Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val

835 840 845

Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asn Ser

850 855 860

<210> 221

<211> 320

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 221

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Trp Gly Arg Ala

260 265 270

Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala

275 280 285

Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val

290 295 300

Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe

305 310 315 320

<210> 222

<211> 52

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 222

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

Arg Lys Asp Phe
50

<210> 223
<211> 334
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 223
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30
Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45
Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60
Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80
Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95
Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110
Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125
Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Cys

275 280 285

Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile

290 295 300

Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val

305 310 315 320

Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe

325 330

<210> 224

<211> 47

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 224

Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr

1 5 10 15

Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu
20 25 30
Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe
35 40 45

<210> 225
<211> 446
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 225
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

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

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

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Val Glu Asp Leu

260 265 270

Asn Lys Val Phe Pro Pro Glu Val Ala Val Phe Glu Pro Ser Glu Ala

275 280 285

Glu Ile Ser His Thr Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala Thr Gly

290 295 300

Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Pro Leu Lys Glu Gln Pro

325 330 335

Ala Leu Asn Asp Ser Arg Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu Arg Val Ser

340 345 350

Ala Thr Phe Trp Gln Asn Pro Arg Asn His Phe Arg Cys Gln Val Gln

355 360 365

Phe Tyr Gly Leu Ser Glu Asn Asp Glu Trp Thr Gln Asp Arg Ala Lys

370 375 380

Pro Val Thr Gln Ile Val Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala Asp Cys

385 390 395 400

Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile
405 410 415
Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val
420 425 430
Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe
435 440 445

<210> 226
<211> 2
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 226
Val Glu
1

<210> 227
<211> 176
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 227
Asp Leu Asn Lys Val Phe Pro Pro Glu Val Ala Val Phe Glu Pro Ser
1 5 10 15
Glu Ala Glu Ile Ser His Thr Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala
20 25 30
Thr Gly Phe Phe Pro Asp His Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly
35 40 45
Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser Thr Asp Pro Gln Pro Leu Lys Glu

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

100 105 110

Ala Lys Pro Val Thr Gln Ile Val Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala

115 120 125

Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala

130 135 140

Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val

145 150 155 160

Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe

165 170 175

<210> 228

<211> 304

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 228

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly

20 25 30

Leu Asp Ser Thr Gly Cys Asp Val Lys Leu Val Glu Lys Ser Phe Glu

35 40 45

Thr Asp Thr Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Ile Gly Phe Arg

50 55 60

Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg

65 70 75 80

Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys

85 90 95

Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Thr Glu Tyr Lys Pro Thr

100 105 110

Val Arg Leu Ala Thr Arg Asp Asp Val Pro Arg Ala Val Arg Thr Leu

115 120 125

Ala Ala Ala Phe Ala Asp Tyr Pro Ala Thr Arg His Thr Val Asp Pro

130 135 140

Asp Arg His Ile Glu Arg Val Thr Glu Leu Gln Glu Leu Phe Leu Thr

145 150 155 160

Arg Val Gly Leu Asp Ile Gly Lys Val Trp Val Ala Asp Asp Gly Ala

165 170 175

Ala Val Ala Val Trp Thr Thr Pro Glu Ser Val Glu Ala Gly Ala Val

180 185 190

Phe Ala Glu Ile Gly Pro Arg Met Ala Glu Leu Ser Gly Ser Arg Leu

195 200 205

Ala Ala Gln Gln Gln Met Glu Gly Leu Leu Ala Pro His Arg Pro Lys

210 215 220

Glu Pro Ala Trp Phe Leu Ala Thr Val Gly Val Ser Pro Asp His Gln

225 230 235 240

Gly Lys Gly Leu Gly Ser Ala Val Val Leu Pro Gly Val Glu Ala Ala

245 250 255

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

260 265 270

Leu Pro Phe Tyr Glu Arg Leu Gly Phe Thr Val Thr Ala Asp Val Glu

275 280 285

Val Pro Glu Gly Pro Arg Thr Trp Cys Met Thr Arg Lys Pro Gly Ala

290 295 300

<210> 229

<211> 228

<212> PRT

<213> Streptomyces alboniger

<400> 229

Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser

1 5 10 15

Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Thr Glu

20 25 30

Tyr Lys Pro Thr Val Arg Leu Ala Thr Arg Asp Asp Val Pro Arg Ala
35 40 45
Val Arg Thr Leu Ala Ala Ala Phe Ala Asp Tyr Pro Ala Thr Arg His
50 55 60

Thr Val Asp Pro Asp Arg His Ile Glu Arg Val Thr Glu Leu Gln Glu
65 70 75 80
Leu Phe Leu Thr Arg Val Gly Leu Asp Ile Gly Lys Val Trp Val Ala
85 90 95
Asp Asp Gly Ala Ala Val Ala Val Trp Thr Thr Pro Glu Ser Val Glu
100 105 110
Ala Gly Ala Val Phe Ala Glu Ile Gly Pro Arg Met Ala Glu Leu Ser
115 120 125

Gly Ser Arg Leu Ala Ala Gln Gln Gln Met Glu Gly Leu Leu Ala Pro
130 135 140
His Arg Pro Lys Glu Pro Ala Trp Phe Leu Ala Thr Val Gly Val Ser
145 150 155 160
Pro Asp His Gln Gly Lys Gly Leu Gly Ser Ala Val Val Leu Pro Gly
165 170 175
Val Glu Ala Ala Glu Arg Ala Gly Val Pro Ala Phe Leu Glu Thr Ser
180 185 190

Ala Pro Arg Asn Leu Pro Phe Tyr Glu Arg Leu Gly Phe Thr Val Thr
195 200 205
Ala Asp Val Glu Val Pro Glu Gly Pro Arg Thr Trp Cys Met Thr Arg
210 215 220
Lys Pro Gly Ala
225

<210> 230
<211> 391
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 230

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly

20 25 30

Leu Asp Ser Thr Gly Ala Val Tyr Gln Leu Arg Asp Ser Lys Ser Ser

35 40 45

Asp Lys Ser Val Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Thr Asn Val

50 55 60

Ser Gln Ser Lys Asp Ser Asp Val Tyr Ile Thr Asp Lys Thr Val Leu

65 70 75 80

Asp Met Arg Ser Met Asp Phe Lys Ser Asn Ser Ala Val Ala Trp Ser

85 90 95

Asn Lys Ser Asp Phe Ala Cys Ala Asn Ala Phe Asn Asn Ser Ile Ile

100 105 110

Pro Glu Asp Thr Phe Phe Pro Ser Pro Glu Ser Ser Cys Asp Val Lys

115 120 125

Leu Val Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Thr Asn Leu Asn Phe Gln Asn

130 135 140

Leu Ser Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe

145 150 155 160

Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gly

165 170 175

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

180 185 190

Met Thr Glu Tyr Lys Pro Thr Val Arg Leu Ala Thr Arg Asp Asp Val

195 200 205

Pro Arg Ala Val Arg Thr Leu Ala Ala Ala Phe Ala Asp Tyr Pro Ala

210 215 220

Thr Arg His Thr Val Asp Pro Asp Arg His Ile Glu Arg Val Thr Glu

225 230 235 240

Leu Gln Glu Leu Phe Leu Thr Arg Val Gly Leu Asp Ile Gly Lys Val
245 250 255
Trp Val Ala Asp Asp Gly Ala Ala Val Ala Val Trp Thr Thr Pro Glu

260 265 270
Ser Val Glu Ala Gly Ala Val Phe Ala Glu Ile Gly Pro Arg Met Ala
275 280 285
Glu Leu Ser Gly Ser Arg Leu Ala Ala Gln Gln Gln Met Glu Gly Leu
290 295 300
Leu Ala Pro His Arg Pro Lys Glu Pro Ala Trp Phe Leu Ala Thr Val
305 310 315 320
Gly Val Ser Pro Asp His Gln Gly Lys Gly Leu Gly Ser Ala Val Val

325 330 335
Leu Pro Gly Val Glu Ala Ala Glu Arg Ala Gly Val Pro Ala Phe Leu
340 345 350
Glu Thr Ser Ala Pro Arg Asn Leu Pro Phe Tyr Glu Arg Leu Gly Phe
355 360 365
Thr Val Thr Ala Asp Val Glu Val Pro Glu Gly Pro Arg Thr Trp Cys
370 375 380
Met Thr Arg Lys Pro Gly Ala
385 390

<210> 231
<211> 698
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 231
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30
Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

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

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

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

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
245 250 255
Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Trp Gly Arg Ala
260 265 270
Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala
275 280 285

Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val
290 295 300

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

Gly Ile Gly Ile Gly Glu Phe Lys Asp Ser Leu Ser Ile Asn Ala Thr
370 375 380
Asn Ile Lys His Phe Lys Asn Cys Thr Ser Ile Ser Gly Asp Leu His
385 390 395 400
Ile Leu Pro Val Ala Phe Arg Gly Asp Ser Phe Thr His Thr Pro Pro
405 410 415
Leu Asp Pro Gln Glu Leu Asp Ile Leu Lys Thr Val Lys Glu Ile Thr
420 425 430

Gly Phe Leu Leu Ile Gln Ala Trp Pro Glu Asn Arg Thr Asp Leu His
435 440 445
Ala Phe Glu Asn Leu Glu Ile Ile Arg Gly Arg Thr Lys Gln His Gly
450 455 460
Gln Phe Ser Leu Ala Val Val Ser Leu Asn Ile Thr Ser Leu Gly Leu
465 470 475 480
Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Asp Gly Asp Val Ile Ile Ser Gly Asn
485 490 495

Lys Asn Leu Cys Tyr Ala Asn Thr Ile Asn Trp Lys Lys Leu Phe Gly
500 505 510
Thr Ser Gly Gln Lys Thr Lys Ile Ile Ser Asn Arg Gly Glu Asn Ser
515 520 525
Cys Lys Ala Thr Gly Gln Val Cys His Ala Leu Cys Ser Pro Glu Gly

530 535 540

Cys Trp Gly Pro Glu Pro Arg Asp Cys Val Ser Cys Arg Asn Val Ser
545 550 555 560

Arg Gly Arg Glu Cys Val Asp Lys Cys Asn Leu Leu Glu Gly Glu Pro
565 570 575

Arg Glu Phe Val Glu Asn Ser Glu Cys Ile Gln Cys His Pro Glu Cys
580 585 590

Leu Pro Gln Ala Met Asn Ile Thr Cys Thr Gly Arg Gly Pro Asp Asn
595 600 605

Cys Ile Gln Cys Ala His Tyr Ile Asp Gly Pro His Cys Val Lys Thr
610 615 620

Cys Pro Ala Gly Val Met Gly Glu Asn Asn Thr Leu Val Trp Lys Tyr
625 630 635 640

Ala Asp Ala Gly His Val Cys His Leu Cys His Pro Asn Cys Thr Tyr
645 650 655

Gly Cys Thr Gly Pro Gly Leu Glu Gly Cys Pro Thr Asn Gly Pro Lys
660 665 670

Ile Pro Ser Ile Ala Thr Gly Met Val Gly Ala Leu Leu Leu Leu Leu
675 680 685

Val Val Ala Leu Gly Ile Gly Leu Phe Met
690 695

<210> 232

<211> 335

<212> PRT

<213> Unknown

<220><223> Description of Unknown:
trEGFR sequence

<400> 232

Arg Lys Val Cys Asn Gly Ile Gly Ile Gly Glu Phe Lys Asp Ser Leu
1 5 10 15

Ser Ile Asn Ala Thr Asn Ile Lys His Phe Lys Asn Cys Thr Ser Ile
20 25 30

Ser Gly Asp Leu His Ile Leu Pro Val Ala Phe Arg Gly Asp Ser Phe

35 40 45

Thr His Thr Pro Pro Leu Asp Pro Gln Glu Leu Asp Ile Leu Lys Thr

50 55 60

Val Lys Glu Ile Thr Gly Phe Leu Leu Ile Gln Ala Trp Pro Glu Asn

65 70 75 80

Arg Thr Asp Leu His Ala Phe Glu Asn Leu Glu Ile Ile Arg Gly Arg

85 90 95

Thr Lys Gln His Gly Gln Phe Ser Leu Ala Val Val Ser Leu Asn Ile

100 105 110

Thr Ser Leu Gly Leu Arg Ser Leu Lys Glu Ile Ser Asp Gly Asp Val

115 120 125

Ile Ile Ser Gly Asn Lys Asn Leu Cys Tyr Ala Asn Thr Ile Asn Trp

130 135 140

Lys Lys Leu Phe Gly Thr Ser Gly Gln Lys Thr Lys Ile Ile Ser Asn

145 150 155 160

Arg Gly Glu Asn Ser Cys Lys Ala Thr Gly Gln Val Cys His Ala Leu

165 170 175

Cys Ser Pro Glu Gly Cys Trp Gly Pro Glu Pro Arg Asp Cys Val Ser

180 185 190

Cys Arg Asn Val Ser Arg Gly Arg Glu Cys Val Asp Lys Cys Asn Leu

195 200 205

Leu Glu Gly Glu Pro Arg Glu Phe Val Glu Asn Ser Glu Cys Ile Gln

210 215 220

Cys His Pro Glu Cys Leu Pro Gln Ala Met Asn Ile Thr Cys Thr Gly

225 230 235 240

Arg Gly Pro Asp Asn Cys Ile Gln Cys Ala His Tyr Ile Asp Gly Pro

245 250 255

His Cys Val Lys Thr Cys Pro Ala Gly Val Met Gly Glu Asn Asn Thr

260 265 270

Leu Val Trp Lys Tyr Ala Asp Ala Gly His Val Cys His Leu Cys His

275 280 285

Pro Asn Cys Thr Tyr Gly Cys Thr Gly Pro Gly Leu Glu Gly Cys Pro

290 295 300

Thr Asn Gly Pro Lys Ile Pro Ser Ile Ala Thr Gly Met Val Gly Ala

305 310 315 320

Leu Leu Leu Leu Leu Val Val Ala Leu Gly Ile Gly Leu Phe Met

325 330 335

<210> 233

<211> 584

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 233

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Leu

275 280 285

Gly Ala Gly Pro Val Asp Ser Gly Val Thr Gln Thr Pro Lys His Leu

290 295 300

Ile Thr Ala Thr Gly Gln Arg Val Thr Leu Arg Cys Ser Pro Arg Ser

305 310 315 320

Gly Asp Leu Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln Ser Leu Asp Gln Gly Leu

325 330 335

Gln Phe Leu Ile Gln Tyr Tyr Asn Gly Glu Glu Arg Ala Lys Gly Asn

340 345 350

Ile Leu Glu Arg Phe Ser Ala Gln Gln Phe Pro Asp Leu His Ser Glu

355 360 365

Leu Asn Leu Ser Ser Leu Glu Leu Gly Asp Ser Ala Leu Tyr Phe Cys

370 375 380

Ala Ser Ser Pro Arg Thr Gly Leu Asn Thr Glu Ala Phe Phe Gly Gln

385 390 395 400

Gly Thr Arg Leu Thr Val Val Glu Asp Leu Asn Lys Val Phe Pro Pro

405 410 415

Glu Val Ala Val Phe Glu Pro Ser Glu Ala Glu Ile Ser His Thr Gln

420 425 430

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala Thr Gly Phe Phe Pro Asp His Val

435 440 445

Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser

450 455 460

Thr Asp Pro Gln Pro Leu Lys Glu Gln Pro Ala Leu Asn Asp Ser Arg

465 470 475 480

Tyr Cys Leu Ser Ser Arg Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp Gln Asn

485 490 495

Pro Arg Asn His Phe Arg Cys Gln Val Gln Phe Tyr Gly Leu Ser Glu

500 505 510

Asn Asp Glu Trp Thr Gln Asp Arg Ala Lys Pro Val Thr Gln Ile Val

515 520 525

Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser

530 535 540

Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu

545 550 555 560

Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met

565 570 575

Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe

580

<210> 234

<211> 297

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 234

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

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

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

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

245 250 255

Ser Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu

260 265 270

Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu

275 280 285

Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe

290 295

<210> 235

<211> 545

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 235

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160
Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175
Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu
180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser
195 200 205
Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln
210 215 220
Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr
225 230 235 240
Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly
260 265 270
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Val
275 280 285
Asn Gly Glu Asn Val Glu Gln His Pro Ser Thr Leu Ser Val Gln Glu
290 295 300
Gly Asp Ser Ala Val Ile Lys Cys Thr Tyr Ser Asp Ser Ala Ser Asn
305 310 315 320

Tyr Phe Pro Trp Tyr Lys Gln Glu Leu Gly Lys Arg Pro Gln Leu Ile
325 330 335
Ile Asp Ile Arg Ser Asn Val Gly Glu Lys Lys Asp Gln Arg Ile Ala
340 345 350
Val Thr Leu Asn Lys Thr Ala Lys His Phe Ser Leu His Ile Thr Glu
355 360 365
Thr Gln Pro Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Ala Ser Arg Lys
370 375 380

Asp Ser Gly Gly Tyr Gln Lys Val Thr Phe Gly Thr Gly Thr Lys Leu

385 390 395 400

Gln Val Ile Pro Asn Ile Gln Asn Pro Asp Pro Ala Val Tyr Gln Leu

405 410 415

Arg Asp Ser Lys Ser Ser Asp Lys Ser Val Cys Leu Phe Thr Asp Phe

420 425 430

Asp Ser Gln Thr Asn Val Ser Gln Ser Lys Asp Ser Asp Val Tyr Ile

435 440 445

Thr Asp Lys Thr Val Leu Asp Met Arg Ser Met Asp Phe Lys Ser Asn

450 455 460

Ser Ala Val Ala Trp Ser Asn Lys Ser Asp Phe Ala Cys Ala Asn Ala

465 470 475 480

Phe Asn Asn Ser Ile Ile Pro Glu Asp Thr Phe Phe Pro Ser Pro Glu

485 490 495

Ser Ser Cys Asp Val Lys Leu Val Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Thr

500 505 510

Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu

515 520 525

Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser

530 535 540

Ser

545

<210> 236

<211> 258

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 236

Val Asn Gly Glu Asn Val Glu Gln His Pro Ser Thr Leu Ser Val Gln

1 5 10 15

Glu Gly Asp Ser Ala Val Ile Lys Cys Thr Tyr Ser Asp Ser Ala Ser

20 25 30

Asn Tyr Phe Pro Trp Tyr Lys Gln Glu Leu Gly Lys Arg Pro Gln Leu

35 40 45

Ile Ile Asp Ile Arg Ser Asn Val Gly Glu Lys Lys Asp Gln Arg Ile
50 55 60
Ala Val Thr Leu Asn Lys Thr Ala Lys His Phe Ser Leu His Ile Thr
65 70 75 80
Glu Thr Gln Pro Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Ala Ser Arg

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

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

210 215 220
Thr Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu
225 230 235 240
Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp
245 250 255
Ser Ser

<210> 237
<211> 488
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 237

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr
225 230 235 240
Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
245 250 255
Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Glu
275 280 285
Lys Lys Asp Gln Arg Ile Ala Val Thr Leu Asn Lys Thr Ala Lys His
290 295 300
Phe Ser Leu His Ile Thr Glu Thr Gln Pro Glu Asp Ser Ala Val Tyr
305 310 315 320
Phe Cys Ala Ala Ser Arg Lys Asp Ser Gly Gly Tyr Gln Lys Val Thr

325 330 335
Phe Gly Thr Gly Thr Lys Leu Gln Val Ile Pro Asn Ile Gln Asn Pro
340 345 350
Asp Pro Ala Val Tyr Gln Leu Arg Asp Ser Lys Ser Ser Asp Lys Ser
355 360 365
Val Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Thr Asn Val Ser Gln Ser
370 375 380
Lys Asp Ser Asp Val Tyr Ile Thr Asp Lys Thr Val Leu Asp Met Arg

385 390 395 400
Ser Met Asp Phe Lys Ser Asn Ser Ala Val Ala Trp Ser Asn Lys Ser
405 410 415
Asp Phe Ala Cys Ala Asn Ala Phe Asn Asn Ser Ile Ile Pro Glu Asp
420 425 430
Thr Phe Phe Pro Ser Pro Glu Ser Ser Cys Asp Val Lys Leu Val Glu
435 440 445
Lys Ser Phe Glu Thr Asp Thr Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser Val

450 455 460
Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu Leu

465 470 475 480

Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser

485

<210> 238

<211> 201

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 238

Glu Lys Lys Asp Gln Arg Ile Ala Val Thr Leu Asn Lys Thr Ala Lys

1 5 10 15

His Phe Ser Leu His Ile Thr Glu Thr Gln Pro Glu Asp Ser Ala Val

20 25 30

Tyr Phe Cys Ala Ala Ser Arg Lys Asp Ser Gly Gly Tyr Gln Lys Val

35 40 45

Thr Phe Gly Thr Gly Thr Lys Leu Gln Val Ile Pro Asn Ile Gln Asn

50 55 60

Pro Asp Pro Ala Val Tyr Gln Leu Arg Asp Ser Lys Ser Ser Asp Lys

65 70 75 80

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

85 90 95

Ser Lys Asp Ser Asp Val Tyr Ile Thr Asp Lys Thr Val Leu Asp Met

100 105 110

Arg Ser Met Asp Phe Lys Ser Asn Ser Ala Val Ala Trp Ser Asn Lys

115 120 125

Ser Asp Phe Ala Cys Ala Asn Ala Phe Asn Asn Ser Ile Ile Pro Glu

130 135 140

Asp Thr Phe Phe Pro Ser Pro Glu Ser Ser Cys Asp Val Lys Leu Val

145 150 155 160

Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Thr Asn Leu Asn Phe Gln Asn Leu Ser

165 170 175

Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu

180 185 190

Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser

195 200

<210> 239

<211> 444

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 239

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser
195 200 205
Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln
210 215 220
Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr
225 230 235 240
Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly
260 265 270
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Tyr
275 280 285
Gln Lys Val Thr Phe Gly Thr Gly Thr Lys Leu Gln Val Ile Pro Asn
290 295 300
Ile Gln Asn Pro Asp Pro Ala Val Tyr Gln Leu Arg Asp Ser Lys Ser
305 310 315 320

Ser Asp Lys Ser Val Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Thr Asn
325 330 335
Val Ser Gln Ser Lys Asp Ser Asp Val Tyr Ile Thr Asp Lys Thr Val
340 345 350
Leu Asp Met Arg Ser Met Asp Phe Lys Ser Asn Ser Ala Val Ala Trp
355 360 365
Ser Asn Lys Ser Asp Phe Ala Cys Ala Asn Ala Phe Asn Asn Ser Ile
370 375 380

Ile Pro Glu Asp Thr Phe Phe Pro Ser Pro Glu Ser Ser Cys Asp Val
385 390 395 400
Lys Leu Val Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Thr Asn Leu Asn Phe Gln
405 410 415
Asn Leu Ser Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly
420 425 430

Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser

435 440

<210> 240

<211

> 157

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 240

Tyr Gln Lys Val Thr Phe Gly Thr Gly Thr Lys Leu Gln Val Ile Pro

1 5 10 15

Asn Ile Gln Asn Pro Asp Pro Ala Val Tyr Gln Leu Arg Asp Ser Lys

20 25 30

Ser Ser Asp Lys Ser Val Cys Leu Phe Thr Asp Phe Asp Ser Gln Thr

35 40 45

Asn Val Ser Gln Ser Lys Asp Ser Asp Val Tyr Ile Thr Asp Lys Thr

50 55 60

Val Leu Asp Met Arg Ser Met Asp Phe Lys Ser Asn Ser Ala Val Ala

65 70 75 80

Trp Ser Asn Lys Ser Asp Phe Ala Cys Ala Asn Ala Phe Asn Asn Ser

85 90 95

Ile Ile Pro Glu Asp Thr Phe Phe Pro Ser Pro Glu Ser Ser Cys Asp

100 105 110

Val Lys Leu Val Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Thr Asn Leu Asn Phe

115 120 125

Gln Asn Leu Ser Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala

130 135 140

Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser

145 150 155

<210> 241

<211> 584

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 241

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Leu

275 280 285

Gly Ala Gly Pro Val Asp Ser Gly Val Thr Gln Thr Pro Lys His Leu

290 295 300

Ile Thr Ala Thr Gly Gln Arg Val Thr Leu Arg Cys Ser Pro Arg Ser

305 310 315 320

Gly Asp Leu Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln Ser Leu Asp Gln Gly Leu

325 330 335

Gln Phe Leu Ile Gln Tyr Tyr Asn Gly Glu Glu Arg Ala Lys Gly Asn

340 345 350

Ile Leu Glu Arg Phe Ser Ala Gln Gln Phe Pro Asp Leu His Ser Glu

355 360 365

Leu Asn Leu Ser Ser Leu Glu Leu Gly Asp Ser Ala Leu Tyr Phe Cys

370 375 380

Ala Ser Ser Pro Arg Thr Gly Leu Asn Thr Glu Ala Phe Phe Gly Gln

385 390 395 400

Gly Thr Arg Leu Thr Val Val Glu Asp Leu Asn Lys Val Phe Pro Pro

405 410 415

Glu Val Ala Val Phe Glu Pro Ser Glu Ala Glu Ile Ser His Thr Gln

420 425 430

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala Thr Gly Phe Phe Pro Asp His Val

435 440 445

Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser

450 455 460

Thr Asp Pro Gln Pro Leu Lys Glu Gln Pro Ala Leu Asn Asp Ser Arg

465 470 475 480

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

515 520 525
Ser Ala Glu Ala Trp Gly Arg Ala Asp Cys Gly Phe Thr Ser Val Ser
530 535 540
Tyr Gln Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu
545 550 555 560
Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met
565 570 575
Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe
580

<210> 242
<211> 921
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 242
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30
Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60
Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80
Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ser

275 280 285

Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr Asn

290 295 300

Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn

305 310 315 320

Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile

325 330 335

Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp
340 345 350
Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His
355 360 365

Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro
370 375 380
Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro
385 390 395 400
Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val
405 410 415
Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu
420 425 430

Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser
435 440 445
Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu
450 455 460
Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu
465 470 475 480
Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala
485 490 495

Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile
500 505 510
Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys
515 520 525
Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg
530 535 540
Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn
545 550 555 560

Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr
565 570 575
Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser

580 585 590

Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly

595 600 605

Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln

610 615 620

Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr

625 630 635 640

Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu

645 650 655

Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys

660 665 670

Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu

675 680 685

Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala

690 695 700

Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln

705 710 715 720

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser

725 730 735

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln Leu

740 745 750

Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala

755 760 765

Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys

770 775 780

Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn

785 790 795 800

Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr

805 810 815

Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys

820 825 830

Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp
835 840 845
Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met Asp
850 855 860
Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln
865 870 875 880

Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys
885 890 895
Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr
900 905 910
Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser
915 920

<210> 243
<211> 153
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 243

Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr
1 5 10 15

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

His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys
85 90 95
Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys
100 105 110
Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr

115 120 125

Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe

130 135 140

Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu

145 150

<210> 244

<211> 922

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 244

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ser

275 280 285

Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr Asn

290 295 300

Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn

305 310 315 320

Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile

325 330 335

Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp

340 345 350

Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His

355 360 365

Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro

370 375 380

Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro

385 390 395 400

Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val

405 410 415

Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu

420 425 430

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

435 440 445

Leu Leu Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu

450 455 460

Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe

465 470 475 480

Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser

485 490 495

Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp

500 505 510

Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val

515 520 525

Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser

530 535 540

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser

545 550 555 560

Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn

565 570 575

Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly

580 585 590

Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys

595 600 605

Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser

610 615 620

Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp

625 630 635 640

Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp

645 650 655

Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu
660 665 670
Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe

675 680 685
Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys
690 695 700
Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly
705 710 715 720
Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly
725 730 735
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln

740 745 750
Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile
755 760 765
Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu
770 775 780
Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser
785 790 795 800
Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp

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

865 870 875 880
Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu
885 890 895
Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg

900 905 910

Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

915 920

<210> 245

<211> 656

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 245

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe

20 25 30

Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr

35 40 45

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

50 55 60

Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val

65 70 75 80

Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln

85 90 95

His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp

100 105 110

Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro

115 120 125

Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val

130 135 140

Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys

145 150 155 160

Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly

165 170 175

Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu
180 185 190

Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu
195 200 205
Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln
210 215 220
Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser
225 230 235 240
Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln
245 250 255

Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu
260 265 270
His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
275 280 285
Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr
290 295 300
Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr
305 310 315 320

Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
325 330 335
Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro
340 345 350
Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser
355 360 365
Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro
370 375 380

Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr
385 390 395 400
Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn
405 410 415
Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp

420 425 430

Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr

435 440 445

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

450 455 460

Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

465 470 475 480

Ser Leu Glu Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr

485 490 495

Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr

500 505 510

Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His

515 520 525

Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn

530 535 540

Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val

545 550 555 560

Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu

565 570 575

Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys

580 585 590

Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala

595 600 605

Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met

610 615 620

Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr

625 630 635 640

Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

645 650 655

<210> 246

<211> 656

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 246

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60

Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val
65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110

Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125

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

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu
180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser
195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr
225 230 235 240
Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
245 250 255
Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly
260 265 270
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ser
275 280 285

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

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

Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu
420 425 430
Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser
435 440 445
Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu
450 455 460

Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu
465 470 475 480

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

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

Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met
610 615 620
Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr
625 630 635 640
Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser
645 650 655
<210> 247
<211> 656
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 247

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

Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val
65 70 75 80
Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln
85 90 95
His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp
100 105 110
Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro
115 120 125

Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val
130 135 140
Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys
145 150 155 160
Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly
165 170 175
Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu
180 185 190

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

245 250 255

Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu
260 265 270
His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
275 280 285
Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr
290 295 300
Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr
305 310 315 320

Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
325 330 335
Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro
340 345 350
Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser
355 360 365
Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro
370 375 380

Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr
385 390 395 400
Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn
405 410 415
Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp
420 425 430
Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr
435 440 445

Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala
450 455 460
Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
465 470 475 480
Ser Leu Glu Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr
485 490 495

Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr
500 505 510

Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His
515 520 525

Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn
530 535 540

Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val
545 550 555 560

Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu
565 570 575

Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys
580 585 590

Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala
595 600 605

Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met
610 615 620

Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr
625 630 635 640

Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser
645 650 655

<210> 248

<211> 657

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 248

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe
20 25 30

Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr
35 40 45
Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu
50 55 60
Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val
65 70 75 80
Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln
85 90 95

His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp
100 105 110
Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro
115 120 125
Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val
130 135 140
Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys
145 150 155 160

Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly
165 170 175
Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu
180 185 190
Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys
195 200 205
Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr
210 215 220

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

275 280 285

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

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

Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp
420 425 430
Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser
435 440 445
Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
450 455 460
Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
465 470 475 480

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

His Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly
530 535 540

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

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

<210> 249
<211> 657
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 249
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe
20 25 30
Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr
35 40 45
Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu

50 55 60

Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val
65 70 75 80
Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln
85 90 95
His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp
100 105 110
Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro
115 120 125

Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val
130 135 140
Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys
145 150 155 160
Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly
165 170 175
Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu
180 185 190

Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys
195 200 205
Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr
210 215 220
Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile
225 230 235 240
Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln
245 250 255

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

Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly
305 310 315 320

Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly
325 330 335
Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly
340 345 350
Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val
355 360 365
Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro
370 375 380

Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr
385 390 395 400
Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp
405 410 415
Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp
420 425 430
Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser
435 440 445

Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
450 455 460
Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
465 470 475 480
Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro
485 490 495
Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly
500 505 510

Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile
515 520 525
His Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly
530 535 540
Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr

545 550 555 560

Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His

565 570 575

Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile

580 585 590

Lys Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp

595 600 605

Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr

610 615 620

Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile

625 630 635 640

Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys

645 650 655

Ser

<210> 250

<211> 657

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 250

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr
85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln
100 105 110
Gly Asn Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
115 120 125
Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser
130 135 140
Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175
Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu
180 185 190
Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser
195 200 205
Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln
210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr
225 230 235 240
Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr
245 250 255
Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly
260 265 270
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ser
275 280 285

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

325 330 335

Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp

340 345 350

Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His

355 360 365

Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro

370 375 380

Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro

385 390 395 400

Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val

405 410 415

Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu

420 425 430

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

435 440 445

Leu Leu Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu

450 455 460

Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe

465 470 475 480

Leu Leu Ile Pro Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro

485 490 495

Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly

500 505 510

Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile

515 520 525

His Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly

530 535 540

Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr

545 550 555 560

Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His

565 570 575

Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile
580 585 590
Lys Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp
595 600 605

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

<210> 251
<211> 922
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 251
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser
20 25 30
Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser
35 40 45
Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly
50 55 60

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

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala

145 150 155 160

Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu

165 170 175

Pro Asp Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu

180 185 190

Glu Trp Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser

195 200 205

Ala Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln

210 215 220

Val Phe Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly

260 265 270

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ser

275 280 285

Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr Asn

290 295 300

Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn

305 310 315 320

Leu Val Ser Ser Lys Lys Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile

325 330 335

Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp

340 345 350

Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His
355 360 365
Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro
370 375 380

Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro
385 390 395 400
Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val
405 410 415
Leu Gly Leu Arg Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu
420 425 430
Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser
435 440 445

Leu Leu Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu
450 455 460
Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe
465 470 475 480
Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser
485 490 495
Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp
500 505 510

Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val
515 520 525
Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser
530 535 540
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser
545 550 555 560
Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn
565 570 575

Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly
580 585 590
Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys

595 600 605

Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser

610 615 620

Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp

625 630 635 640

Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp

645 650 655

Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu

660 665 670

Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe

675 680 685

Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys

690 695 700

Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly

705 710 715 720

Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly

725 730 735

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln

740 745 750

Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile

755 760 765

Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu

770 775 780

Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser

785 790 795 800

Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp

805 810 815

Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp

820 825 830

Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val

835 840 845

Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met
850 855 860
Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu
865 870 875 880
Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu
885 890 895

Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg
900 905 910
Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser
915 920

<210> 252
<211> 903
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 252
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Gly

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

85 90 95
Pro Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu Gln Leu Asn Ser Val Thr
100 105 110
Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Glu Val Thr Gly Asp

```
        115                 120                 125
Leu Glu Asp Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val
    130                 135                 140
Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser

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

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

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

            340                 345                 350
His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp
        355                 360                 365
```

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

405 410 415
Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe Phe Leu Gly
420 425 430
Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu
435 440 445
Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu
450 455 460
Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Gln Val Gln Leu Gln Gln

465 470 475 480
Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln Thr Leu Ser Leu Thr Cys
485 490 495
Ala Ile Ser Gly Asp Ser Val Ser Ser Asn Ser Ala Ala Trp Asn Trp
500 505 510
Ile Arg Gln Ser Pro Ser Arg Gly Leu Glu Trp Leu Gly Arg Thr Tyr
515 520 525
Tyr Arg Ser Lys Trp Tyr Asn Asp Tyr Ala Val Ser Val Lys Ser Arg

530 535 540
Ile Thr Ile Asn Pro Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu Gln Leu
545 550 555 560
Asn Ser Val Thr Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Glu
565 570 575
Val Thr Gly Asp Leu Glu Asp Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr
580 585 590
Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr

595 600 605
Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile

610 615 620

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Trp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln

625 630 635 640

Gln Arg Pro Gly Lys Ala Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser

645 650 655

Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Arg Gly Ser Gly Thr

660 665 670

Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Thr

675 680 685

Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Ile Pro Gln Thr Phe Gly Gln Gly

690 695 700

Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

705 710 715 720

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln Leu Asp Ala

725 730 735

Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr

740 745 750

Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe

755 760 765

Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile

770 775 780

Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met

785 790 795 800

Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His

805 810 815

Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu

820 825 830

Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys

835 840 845

Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr

850 855 860

Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu Leu Leu Leu Lys Ser Val
865 870 875 880
Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe
885 890 895
Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser
900

<210> 253
<211> 236
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 253
Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Ile Ser Gly Asp Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Ser Ala Ala Trp Asn Trp Ile Arg Gln Ser Pro Ser Arg Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Leu Gly Arg Thr Tyr Tyr Arg Ser Lys Trp Tyr Asn Asp Tyr Ala
50 55 60

Val Ser Val Lys Ser Arg Ile Thr Ile Asn Pro Asp Thr Ser Lys Asn
65 70 75 80
Gln Phe Ser Leu Gln Leu Asn Ser Val Thr Pro Glu Asp Thr Ala Val
85 90 95
Tyr Tyr Cys Ala Arg Glu Val Thr Gly Asp Leu Glu Asp Ala Phe Asp
100 105 110
Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val
130 135 140
Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Trp Ser

145 150 155 160

Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Lys Ala Pro Asn Leu Leu

165 170 175

Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser

180 185 190

Gly Arg Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln

195 200 205

Ala Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Ile Pro

210 215 220

Gln Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

225 230 235

<210> 254

<211> 628

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 254

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ala Gly His Leu Glu Gln Pro Gln Ile Ser

20 25 30

Ser Thr Lys Thr Leu Ser Lys Thr Ala Arg Leu Glu Cys Val Val Ser

35 40 45

Gly Ile Thr Ile Ser Ala Thr Ser Val Tyr Trp Tyr Arg Glu Arg Pro

50 55 60

Gly Glu Val Ile Gln Phe Leu Val Ser Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Val

65 70 75 80

Arg Lys Glu Ser Gly Ile Pro Ser Gly Lys Phe Glu Val Asp Arg Ile

85 90 95

Pro Glu Thr Ser Thr Ser Thr Leu Thr Ile His Asn Val Glu Lys Gln

100 105 110

Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Glu Ala Gln Gln Glu Leu
115 120 125

Gly Lys Lys Ile Lys Val Phe Gly Pro Gly Thr Lys Leu Ile Ile Thr
130 135 140
Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu
145 150 155 160
Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys
165 170 175
Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Glu Glu
180 185 190

Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys
195 200 205
Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys
210 215 220
Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys
225 230 235 240
Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val
245 250 255

Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr
260 265 270
Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu
275 280 285
Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu
290 295 300
Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser Gly Ser Gly
305 310 315 320

Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro
325 330 335
Gly Pro Met Gln Arg Ile Ser Ser Leu Ile His Leu Ser Leu Phe Trp
340 345 350
Ala Gly Val Met Ser Ala Ile Glu Leu Val Pro Glu His Gln Thr Val

355 360 365

Pro Val Ser Ile Gly Val Pro Ala Thr Leu Arg Cys Ser Met Lys Gly

370 375 380

Glu Ala Ile Gly Asn Tyr Tyr Ile Asn Trp Tyr Arg Lys Thr Gln Gly

385 390 395 400

Asn Thr Met Thr Phe Ile Tyr Arg Glu Lys Asp Ile Tyr Gly Pro Gly

405 410 415

Phe Lys Asp Asn Phe Gln Gly Asp Ile Asp Ile Ala Lys Asn Leu Ala

420 425 430

Val Leu Lys Ile Leu Ala Pro Ser Glu Arg Asp Glu Gly Ser Tyr Tyr

435 440 445

Cys Ala Cys Asp Ala Leu Lys Arg Thr Asp Thr Asp Lys Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Gly Thr Arg Val Thr Val Glu Pro Arg Ser Gln Pro His Thr

465 470 475 480

Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu

485 490 495

Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn Leu Val Ser Ser

500 505 510

Lys Lys Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly

515 520 525

Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val

530 535 540

Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe

545 550 555 560

Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu

565 570 575

Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val

580 585 590

His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg

595 600 605

Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys
610 615 620

Leu Phe Phe Leu
625

<210> 255

<211> 295

<212> PRT

<213> Unknown

<220><223> Description of Unknown:

TCRgamma9G115 sequence

<400> 255

Ala Gly His Leu Glu Gln Pro Gln Ile Ser Ser Thr Lys Thr Leu Ser
1 5 10 15

Lys Thr Ala Arg Leu Glu Cys Val Val Ser Gly Ile Thr Ile Ser Ala
20 25 30

Thr Ser Val Tyr Trp Tyr Arg Glu Arg Pro Gly Glu Val Ile Gln Phe
35 40 45

Leu Val Ser Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Val Arg Lys Glu Ser Gly Ile
50 55 60

Pro Ser Gly Lys Phe Glu Val Asp Arg Ile Pro Glu Thr Ser Thr Ser
65 70 75 80

Thr Leu Thr Ile His Asn Val Glu Lys Gln Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Leu Trp Glu Ala Gln Gln Glu Leu Gly Lys Lys Ile Lys Val
100 105 110

Phe Gly Pro Gly Thr Lys Leu Ile Ile Thr Asp Lys Gln Leu Asp Ala
115 120 125

Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile Ala Glu Thr
130 135 140

Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu Lys Phe Phe
145 150 155 160

Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Glu Glu Lys Lys Ser Asn Thr Ile

165 170 175

Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp Thr Tyr Met

180 185 190

Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp Lys Glu His

195 200 205

Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val Asp Gln Glu

210 215 220

Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys

225 230 235 240

Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr

245 250 255

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

260 265 270

Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe

275 280 285

Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser

290 295

<210> 256

<211> 290

<212> PRT

<213> Unknown

<220><223> Description of Unknown:

TCRdelta2cl5 sequence

<400> 256

Met Gln Arg Ile Ser Ser Leu Ile His Leu Ser Leu Phe Trp Ala Gly

1 5 10 15

Val Met Ser Ala Ile Glu Leu Val Pro Glu His Gln Thr Val Pro Val

20 25 30

Ser Ile Gly Val Pro Ala Thr Leu Arg Cys Ser Met Lys Gly Glu Ala

35 40 45

Ile Gly Asn Tyr Tyr Ile Asn Trp Tyr Arg Lys Thr Gln Gly Asn Thr

50 55 60

Met Thr Phe Ile Tyr Arg Glu Lys Asp Ile Tyr Gly Pro Gly Phe Lys

65 70 75 80

Asp Asn Phe Gln Gly Asp Ile Asp Ile Ala Lys Asn Leu Ala Val Leu

85 90 95

Lys Ile Leu Ala Pro Ser Glu Arg Asp Glu Gly Ser Tyr Tyr Cys Ala

100 105 110

Cys Asp Ala Leu Lys Arg Thr Asp Thr Asp Lys Leu Ile Phe Gly Lys

115 120 125

Gly Thr Arg Val Thr Val Glu Pro Arg Ser Gln Pro His Thr Lys Pro

130 135 140

Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu Val Lys

145 150 155 160

Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn Leu Val Ser Ser Lys Lys

165 170 175

Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr

180 185 190

Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys

195 200 205

Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val

210 215 220

Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr

225 230 235 240

Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val His Thr

245 250 255

Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg Met Leu

260 265 270

Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys Leu Phe

275 280 285

Phe Leu

290

<210> 257

<211> 1122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 257

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ala Gly His Leu Glu Gln Pro Gln Ile Ser
20 25 30

Ser Thr Lys Thr Leu Ser Lys Thr Ala Arg Leu Glu Cys Val Val Ser
35 40 45

Gly Ile Thr Ile Ser Ala Thr Ser Val Tyr Trp Tyr Arg Glu Arg Pro
50 55 60

Gly Glu Val Ile Gln Phe Leu Val Ser Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Val
65 70 75 80

Arg Lys Glu Ser Gly Ile Pro Ser Gly Lys Phe Glu Val Asp Arg Ile
85 90 95

Pro Glu Thr Ser Thr Ser Thr Leu Thr Ile His Asn Val Glu Lys Gln
100 105 110

Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Glu Ala Gln Gln Glu Leu
115 120 125

Gly Lys Lys Ile Lys Val Phe Gly Pro Gly Thr Lys Leu Ile Ile Thr
130 135 140

Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu
145 150 155 160

Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys
165 170 175

Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Glu Glu
180 185 190

Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys
195 200 205

Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys

210 215 220

Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys

225 230 235 240

Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val

245 250 255

Ile Thr Met Asp Pro Lys Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr

260 265 270

Leu Leu Leu Gln Leu Thr Asn Thr Ser Ala Tyr Tyr Met Tyr Leu Leu

275 280 285

Leu Leu Leu Lys Ser Val Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu

290 295 300

Leu Arg Arg Thr Ala Phe Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser Gly Ser Gly

305 310 315 320

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

325 330 335

Gly Pro Met Gln Arg Ile Ser Ser Leu Ile His Leu Ser Leu Phe Trp

340 345 350

Ala Gly Val Met Ser Ala Ile Glu Leu Val Pro Glu His Gln Thr Val

355 360 365

Pro Val Ser Ile Gly Val Pro Ala Thr Leu Arg Cys Ser Met Lys Gly

370 375 380

Glu Ala Ile Gly Asn Tyr Tyr Ile Asn Trp Tyr Arg Lys Thr Gln Gly

385 390 395 400

Asn Thr Met Thr Phe Ile Tyr Arg Glu Lys Asp Ile Tyr Gly Pro Gly

405 410 415

Phe Lys Asp Asn Phe Gln Gly Asp Ile Asp Ile Ala Lys Asn Leu Ala

420 425 430

Val Leu Lys Ile Leu Ala Pro Ser Glu Arg Asp Glu Gly Ser Tyr Tyr

435 440 445

Cys Ala Cys Asp Ala Leu Lys Arg Thr Asp Thr Asp Lys Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Gly Thr Arg Val Thr Val Glu Pro Arg Ser Gln Pro His Thr

465 470 475 480

Lys Pro Ser Val Phe Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu

485 490 495

Val Lys Glu Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Arg Ile Asn Leu Val Ser Ser

500 505 510

Lys Lys Ile Thr Glu Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly

515 520 525

Lys Tyr Asn Ala Val Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val

530 535 540

Thr Cys Ser Val Gln His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe

545 550 555 560

Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu

565 570 575

Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro Lys Ala Ile Val

580 585 590

His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val Leu Gly Leu Arg

595 600 605

Met Leu Phe Ala Lys Thr Val Ala Val Asn Phe Leu Leu Thr Ala Lys

610 615 620

Leu Phe Phe Leu Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu Lys Gln

625 630 635 640

Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr

645 650 655

Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro

660 665 670

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

675 680 685

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr

690 695 700

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile
705 710 715 720
Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

725 730 735
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln
740 745 750
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr
755 760 765
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly
770 775 780
Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys

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

850 855 860
Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn
865 870 875 880
Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr
885 890 895
Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser
900 905 910
Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

915 920 925
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly
930 935 940
Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val

945 950 955 960

Ile Leu Thr Cys Pro Gln Tyr Pro Gly Ser Glu Ile Leu Trp Gln His

965 970 975

Asn Asp Lys Asn Ile Gly Gly Asp Glu Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser

980 985 990

Asp Glu Asp His Leu Ser Leu Lys Glu Phe Ser Glu Leu Glu Gln Ser

995 1000 1005

Gly Tyr Tyr Val Cys Tyr Pro Arg Gly Ser Lys Pro Glu Asp Ala

1010 1015 1020

Asn Phe Tyr Leu Tyr Leu Arg Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Met

1025 1030 1035

Glu Met Asp Val Met Ser Val Ala Thr Ile Val Ile Val Asp Ile

1040 1045 1050

Cys Ile Thr Gly Gly Leu Leu Leu Leu Val Tyr Tyr Trp Ser Lys

1055 1060 1065

Asn Arg Lys Ala Lys Ala Lys Pro Val Thr Arg Gly Ala Gly Ala

1070 1075 1080

Gly Gly Arg Gln Arg Gly Gln Asn Lys Glu Arg Pro Pro Pro Val

1085 1090 1095

Pro Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile Arg Lys Gly Gln Arg Asp Leu

1100 1105 1110

Tyr Ser Gly Leu Asn Gln Arg Arg Ile

1115 1120

<210> 258

<211> 185

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 258

Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys Val

1 5 10 15

Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr Cys Pro Gln Tyr Pro Gly

20 25 30

Ser Glu Ile Leu Trp Gln His Asn Asp Lys Asn Ile Gly Gly Asp Glu

35 40 45

Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser Asp Glu Asp His Leu Ser Leu Lys Glu

50 55 60

Phe Ser Glu Leu Glu Gln Ser Gly Tyr Tyr Val Cys Tyr Pro Arg Gly

65 70 75 80

Ser Lys Pro Glu Asp Ala Asn Phe Tyr Leu Tyr Leu Arg Ala Arg Val

85 90 95

Cys Glu Asn Cys Met Glu Met Asp Val Met Ser Val Ala Thr Ile Val

100 105 110

Ile Val Asp Ile Cys Ile Thr Gly Gly Leu Leu Leu Leu Val Tyr Tyr

115 120 125

Trp Ser Lys Asn Arg Lys Ala Lys Ala Lys Pro Val Thr Arg Gly Ala

130 135 140

Gly Ala Gly Gly Arg Gln Arg Gly Gln Asn Lys Glu Arg Pro Pro Pro

145 150 155 160

Val Pro Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile Arg Lys Gly Gln Arg Asp Leu

165 170 175

Tyr Ser Gly Leu Asn Gln Arg Arg Ile

180 185

<210> 259

<211> 510

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 259

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys

20 25 30

Asp Ala Thr Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn
35 40 45
Phe Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val
50 55 60
Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser
65 70 75 80
Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn
85 90 95

Pro Gly Pro Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln
100 105 110
Gln Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys
115 120 125
Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met
130 135 140
Val Lys Arg Lys Asn Ser Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu
145 150 155 160

Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu
165 170 175
Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu
180 185 190
Ile Pro Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro
195 200 205
Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Gly Asp Trp Ser
210 215 220

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

275 280 285

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

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

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

Glu Arg Pro Pro Pro Val Pro Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile Arg Lys
485 490 495
Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser Gly Leu Asn Gln Arg Arg Ile
500 505 510

<210> 260

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 260

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 Gly Asp Trp Ser Ala Asn
20 25 30

Phe Met Tyr Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Arg Ile Ser Gly Arg Gly Val Val Asp Tyr Val Glu Ser Val Lys
50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu
65 70 75 80

Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Val Ala Ser Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
100 105

<210> 261

<211> 596

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 261

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly
20 25 30

Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly
35 40 45

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

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

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

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

Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu Lys Gln Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn
275 280 285
Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu

290 295 300

Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
305 310 315 320

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
325 330 335

Ala Ser Gly Gly Asp Trp Ser Ala Asn Phe Met Tyr Trp Tyr Arg Gln
340 345 350

Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val Ala Arg Ile Ser Gly Arg Gly
355 360 365

Val Val Asp Tyr Val Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg
370 375 380

Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala
385 390 395 400

Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Val Ala Ser Tyr Trp Gly Gln
405 410 415

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro Pro
420 425 430

Lys Val Ser Leu Phe Glu Pro Ser Lys Ala Glu Ile Ala Asn Lys Gln
435 440 445

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His Val
450 455 460

Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val Ser
465 470 475 480

Thr Asp Pro Gln Ala Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu Ser
485 490 495

Ser Arg Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp His Asn Pro Arg Asn His
500 505 510

Phe Arg Cys Gln Val Gln Phe His Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys Trp
515 520 525

Pro Glu Gly Ser Pro Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu Ala
530 535 540

Trp Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln Gly
545 550 555 560
Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr
565 570 575
Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val Lys
580 585 590

Arg Lys Asn Ser
595

<210> 262
<211> 733
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 262
Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro
1 5 10 15
Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ile Gln Asn Pro Glu Pro Ala Val Tyr Gln
20 25 30
Leu Lys Asp Pro Arg Ser Gln Asp Ser Thr Leu Cys Leu Phe Thr Asp

35 40 45
Phe Asp Ser Gln Ile Asn Val Pro Lys Thr Met Glu Ser Gly Thr Phe
50 55 60
Ile Thr Asp Lys Thr Val Leu Asp Met Lys Ala Met Asp Ser Lys Ser
65 70 75 80
Asn Gly Ala Ile Ala Trp Ser Asn Gln Thr Ser Phe Thr Cys Gln Asp
85 90 95
Ile Phe Lys Glu Thr Asn Ala Thr Tyr Pro Ser Ser Asp Val Pro Cys

100 105 110
Asp Ala Thr Leu Thr Glu Lys Ser Phe Glu Thr Asp Met Asn Leu Asn
115 120 125
Phe Gln Asn Leu Ser Val Met Gly Leu Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val

130 135 140

Ala Gly Phe Asn Leu Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser

145 150 155 160

Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn

165 170 175

Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu

180 185 190

Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Leu Arg Asn Val Thr Pro

195 200 205

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

210 215 220

Gln Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ala Arg Gly Phe Phe Pro Asp His

225 230 235 240

Val Glu Leu Ser Trp Trp Val Asn Gly Lys Glu Val His Ser Gly Val

245 250 255

Ser Thr Asp Pro Gln Ala Tyr Lys Glu Ser Asn Tyr Ser Tyr Cys Leu

260 265 270

Ser Ser Arg Leu Arg Val Ser Ala Thr Phe Trp His Asn Pro Arg Asn

275 280 285

His Phe Arg Cys Gln Val Gln Phe His Gly Leu Ser Glu Glu Asp Lys

290 295 300

Trp Pro Glu Gly Ser Pro Lys Pro Val Thr Gln Asn Ile Ser Ala Glu

305 310 315 320

Ala Trp Gly Arg Ala Asp Cys Gly Ile Thr Ser Ala Ser Tyr Gln Gln

325 330 335

Gly Val Leu Ser Ala Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala

340 345 350

Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Thr Leu Val Val Met Ala Met Val

355 360 365

Lys Arg Lys Asn Ser Gly Ser Gly Ala Thr Asn Phe Ser Leu Leu Lys

370 375 380

Gln Ala Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu Val
385 390 395 400
Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu Ile
405 410 415
Pro Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

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

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

545 550 555 560
Pro Tyr Lys Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr Cys Pro
565 570 575
Gln Tyr Pro Gly Ser Asp Ile Leu Trp Gln His Asn Asp Lys Asn Ile
580 585 590
Gly Gly Asp Glu Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser Asp Glu Asp His Leu
595 600 605
Ser Leu Lys Glu Phe Ser Glu Leu Glu Gln Ser Gly Tyr Tyr Val Cys

610 615 620
Tyr Pro Arg Gly Ser Lys Pro Glu Asp Ala Asn Phe Tyr Leu Tyr Leu

625 630 635 640

Arg Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Met Glu Met Asp Val Met Ser Val

645 650 655

Ala Thr Ile Val Ile Val Asp Ile Cys Ile Thr Gly Gly Leu Leu Leu

660 665 670

Leu Val Tyr Tyr Trp Ser Lys Asn Arg Lys Ala Lys Ala Lys Pro Val

675 680 685

Thr Arg Gly Ala Gly Ala Gly Gly Arg Gln Arg Gly Gln Asn Lys Glu

690 695 700

Arg Pro Pro Pro Val Pro Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile Arg Lys Gly

705 710 715 720

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

725 730

<210> 263

<211> 884

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 263

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Ser Gln Pro His Thr Lys Pro Ser Val Phe

20 25 30

Val Met Lys Asn Gly Thr Asn Val Ala Cys Leu Val Lys Glu Phe Tyr

35 40 45

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

50 55 60

Phe Asp Pro Ala Ile Val Ile Ser Pro Ser Gly Lys Tyr Asn Ala Val

65 70 75 80

Lys Leu Gly Lys Tyr Glu Asp Ser Asn Ser Val Thr Cys Ser Val Gln

85 90 95

```
His Asp Asn Lys Thr Val His Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp
            100                 105                 110
Ser Thr Asp His Val Lys Pro Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro

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

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

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

305                 310                 315                 320
Ile Ile Phe Pro Pro Ile Lys Thr Asp Val Ile Thr Met Asp Pro Lys
                325                 330                 335
Asp Asn Cys Ser Lys Asp Ala Asn Asp Thr Leu Leu Leu Gln Leu Thr
```

340 345 350

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

355 360 365

Val Tyr Phe Ala Ile Ile Thr Cys Cys Leu Leu Arg Arg Thr Ala Phe

370 375 380

Cys Cys Asn Gly Glu Lys Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu

385 390 395 400

Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Leu

405 410 415

Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe Leu Leu

420 425 430

Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser

435 440 445

Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser

450 455 460

Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu

465 470 475 480

Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe

485 490 495

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu

500 505 510

Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu

515 520 525

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

530 535 540

Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu

545 550 555 560

Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser

565 570 575

Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly

580 585 590

Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly

595 600 605

Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser

610 615 620

Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys

625 630 635 640

Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys

645 650 655

His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

660 665 670

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Gly

675 680 685

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Gly Asn Glu Glu

690 695 700

Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys Val Ser Ile Ser Gly Thr

705 710 715 720

Thr Val Ile Leu Thr Cys Pro Gln Tyr Pro Gly Ser Glu Ile Leu Trp

725 730 735

Gln His Asn Asp Lys Asn Ile Gly Gly Asp Glu Asp Asp Lys Asn Ile

740 745 750

Gly Ser Asp Glu Asp His Leu Ser Leu Lys Glu Phe Ser Glu Leu Glu

755 760 765

Gln Ser Gly Tyr Tyr Val Cys Tyr Pro Arg Gly Ser Lys Pro Glu Asp

770 775 780

Ala Asn Phe Tyr Leu Tyr Leu Arg Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Met

785 790 795 800

Glu Met Asp Val Met Ser Val Ala Thr Ile Val Ile Val Asp Ile Cys

805 810 815

Ile Thr Gly Gly Leu Leu Leu Leu Val Tyr Tyr Trp Ser Lys Asn Arg

820 825 830

Lys Ala Lys Ala Lys Pro Val Thr Arg Gly Ala Gly Ala Gly Gly Arg

835 840 845

Gln Arg Gly Gln Asn Lys Glu Arg Pro Pro Pro Val Pro Asn Pro Asp

850 855 860

Tyr Glu Pro Ile Arg Lys Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser Gly Leu Asn

865 870 875 880

Gln Arg Arg Ile

<210> 264

<211> 887

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 264

Met Leu Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro

1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser

35 40 45

Gln Asp Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln

100 105 110

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

115 120 125

Thr Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser

130 135 140

Thr Lys Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala
145 150 155 160
Pro Ser Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu
165 170 175

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

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

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

Ser Thr Asp Phe Glu Val Lys Thr Asp Ser Thr Asp His Val Lys Pro
370 375 380
Lys Glu Thr Glu Asn Thr Lys Gln Pro Ser Lys Ser Cys His Lys Pro

385 390 395 400

Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr Val

405 410 415

Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu

420 425 430

Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly

435 440 445

Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Met Leu

450 455 460

Leu Leu Val Thr Ser Leu Leu Leu Cys Glu Leu Pro His Pro Ala Phe

465 470 475 480

Leu Leu Ile Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser

485 490 495

Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp

500 505 510

Ile Ser Lys Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val

515 520 525

Lys Leu Leu Ile Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser

530 535 540

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser

545 550 555 560

Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn

565 570 575

Thr Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly

580 585 590

Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys

595 600 605

Gly Glu Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser

610 615 620

Gln Ser Leu Ser Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp

625 630 635 640

Tyr Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp
645 650 655

Leu Gly Val Ile Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu
660 665 670

Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe
675 680 685

Leu Lys Met Asn Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys
690 695 700

Ala Lys His Tyr Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly
705 710 715 720

Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly
725 730 735

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Glu Asp Lys Gln
740 745 750

Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu Pro Ser Ile
755 760 765

Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys Leu Leu Glu
770 775 780

Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu Lys Lys Ser
785 790 795 800

Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys Thr Asn Asp
805 810 815

Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys Ser Leu Asp
820 825 830

Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys Asn Gly Val
835 840 845

Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly
850 855 860

Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala
865 870 875 880

Met Val Lys Arg Lys Asp Phe

885

<210> 265

<211> 129

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 265

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

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

Pro Lys Ala Ile Val His Thr Glu Lys Val Asn Met Met Ser Leu Thr
115 120 125
Val

<210> 266

<211> 25

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 266

Val Ile Gly Phe Arg Ile Leu Leu Leu Lys Val Ala Gly Phe Asn Leu
1 5 10 15
Leu Met Thr Leu Arg Leu Trp Ser Ser
20 25

<210> 267

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 267

Asp Lys Gln Leu Asp Ala Asp Val Ser Pro Lys Pro Thr Ile Phe Leu

1 5 10 15

Pro Ser Ile Ala Glu Thr Lys Leu Gln Lys Ala Gly Thr Tyr Leu Cys

20 25 30

Leu Leu Glu Lys Phe Phe Pro Asp Val Ile Lys Ile His Trp Gln Glu

35 40 45

Lys Lys Ser Asn Thr Ile Leu Gly Ser Gln Glu Gly Asn Thr Met Lys

50 55 60

Thr Asn Asp Thr Tyr Met Lys Phe Ser Trp Leu Thr Val Pro Glu Lys

65 70 75 80

Ser Leu Asp Lys Glu His Arg Cys Ile Val Arg His Glu Asn Asn Lys

85 90 95

Asn Gly Val Asp Gln Glu Ile Ile Phe Pro

100 105

<210> 268

<211> 32

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 268

Thr Ile Leu Tyr Glu Ile Leu Leu Gly Lys Ala Thr Leu Tyr Ala Val

1 5 10 15

Leu Val Ser Ala Leu Val Leu Met Ala Met Val Lys Arg Lys Asp Phe

20 25 30

<210> 269

<211> 47

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 269

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

<210> 270

<211> 134

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 270

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

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

115 120 125
Leu Arg Leu Trp Ser Ser
130

<210> 271

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(20)

<223> This sequence may encompass 1-4 "Gly Gly Gly Gly Ser" repeating units

<400> 271

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser
20

<210> 272

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(40)

<223> This sequence may encompass 1-10 "Gly Gly Gly Ser" repeating units

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of substitutions and preferred embodiments

<400> 272

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
20 25 30

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
35 40

<210> 273

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 273

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser
20

<210> 274

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 274

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
1 5 10 15

<210> 275

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 275

Gly Gly Gly Ser
1

<210> 276

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(25)

<223> This sequence may encompass 2-5 "Gly Gly Gly Gly Ser"

repeating units

<400> 276

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

20 25

<210> 277

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(15)

<223> This sequence may encompass 1-3 "Gly Gly Gly Gly Ser"

repeating units

<400> 277

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 278

<211> 5000

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(5000)

<223> This sequence may encompass 50-5000 nucleotides

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of substitutions and preferred embodiments

<400> 278

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 60

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 120

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 180

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 240

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 300

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 360

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 420

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 480

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 540

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 600

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 660

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 720

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 780

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 840

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 900

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1020

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1080

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1140

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1200

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1320

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1380

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1440

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1500

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1560

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1620

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1680

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1740

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1800

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1860

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1920

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1980

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2040

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2100

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2160

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2220

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2280

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2340

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2460

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2520

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2580

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2640

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2700

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2760

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2820

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2880

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2940

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3000

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3060

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3120

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3180

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3240

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3300

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3360

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3420

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3480

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3540

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3600

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3660

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3720

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3780

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3840

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3900

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3960

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4020

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4080

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4140

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4200

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4260

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4320

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4380

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4440

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4500

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4560

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4620

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4680

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4740

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4800

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4860

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4920

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4980

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 5000

<210> 279

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(30)

<223> This sequence may encompass 1-6 "Gly Gly Gly Gly Ser" repeating units

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of substitutions and preferred embodiments

<400> 279

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
20 25 30

<210> 280

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(20)

<223> This sequence may encompass 2-4 "Gly Gly Gly Gly Ser" repeating units

<400> 280

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser
20

<210> 281

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of substitutions and preferred embodiments

<400> 281

Gly Gly Gly Gly Ser

1 5

<210> 282

<211>

10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 282

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10

<210> 283

<211> 50

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(50)

<223> This sequence may encompass 1-10 "Gly Gly Gly Gly Ser" repeating units

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of

substitutions and preferred embodiments

<400> 283

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

20 25 30

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

35 40 45

Gly Ser

50

<210> 284

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 284

ggtggcggag gttctggagg tggaggttcc 30

<210> 285

<211> 5000

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(5000)

<223> This sequence may encompass 50-5000 nucleotides

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of substitutions and preferred embodiments

<400> 285

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 60

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 120

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 180

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 240

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 300

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 360

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 420

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 480

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 540

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 600

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 660

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 720

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 780

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 840

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 900

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 960

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1020

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1080

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1140

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1200

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1260

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1320

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1380

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1440

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1500

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1560

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1620

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1680

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1740

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1800

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1860

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1920

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1980

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2040

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2100

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2160

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2220

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2280

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2340

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2400

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2460

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2520

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2580

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2640

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2700

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2760

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2820

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2880

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2940

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3000

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3060

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3120

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3180

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3240

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3300

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3360

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3420

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3480

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3540

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3600

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3660

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3720

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3780

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3840

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3900

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3960

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4020

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4080

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4140

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4200
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4260
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4320
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4380
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4440
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4500
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4560

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4620
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4680
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4740
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4800
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4860
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4920
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 4980

tttttttttt tttttttttt 5000

<210> 286
<211> 5000
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<220><221> misc_feature
<222> (1)..(5000)
<223> This sequence may encompass 100-5000 nucleotides
<220>
<223> See specification as filed for detailed description of
substitutions and preferred embodiments
<400> 286
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 60

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 120

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 180

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 240

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 300

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 360

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 420

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 480

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 540

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 600

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 660

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 720

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 780

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 840

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 900

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1020

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1080

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1140

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1200

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1320

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1380

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1440

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1500

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1560

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1620

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1680

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1740

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1800

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1860

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1920

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1980

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2040

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2100

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2160

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2220

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2280

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2340

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2460

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2520

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2580

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2640

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2700

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2760

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2820

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2880

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2940

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3000

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3060

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3120

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3180

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3240

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3300

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3360

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3420

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3480

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3540

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3600

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3660

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3720

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3780

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3840

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3900
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3960
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4020
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4080
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4140
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4200
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4260

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4320
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4380
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4440
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4500
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4560
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4620
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4680

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4740
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4800
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4860
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4920
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 4980
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 5000

<210> 287

<211> 100

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 287

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 60
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 100

<210> 288

<211> 400

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(400)

<223> This sequence may encompass 100-400 nucleotides

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of

substitutions and preferred embodiments

<400> 288

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 60

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 120

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 180

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 240

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 300

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 360

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 400

<210> 289

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 289

tctctcagct ggtacacggc 20

<210> 290

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 290

ctcgaccagc ttgacatcac 20

<210> 291

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 291

gattaaaccc ggccactttc 20

<210> 292

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 292

tccctcagct ggtacaagga tgg 23

<210> 293

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 293

tctgtcaact ggtacatggc aag 23

<210> 294

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 294

tctcatagct ggtacatggc ggg 23

<210> 295

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 295

tttctcagct ggtacatgga ggg 23

<210> 296

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 296

gcactcagct ggtacccggc aag 23

<210> 297

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 297

tcactcagct ggtacatggg cag 23

<210> 298

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 298

tctcccagct gggacacggt gag 23

<210> 299

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 299

tcaatcagct ggtgcacggc tgg 23

<210> 300

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 300

tctcacagct gatatacggc tgg 23

<210> 301

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 301

ctccaccacc ttgacctcac cgg 23

<210> 302

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 302

ctcaaccaga atgacatcac cag 23

<210> 303

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 303

ctagaccagc ttgacctccc cag 23

<210> 304

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 304

ctagaccagc ttggcaacac agg 23

<210> 305

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 305

gaataaaacc ggccactttg ggg 23

<210> 306

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 306

gattatacct ggccacattc aag 23

<210> 307

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 307

acactggtgt gcctggccac 20

<210> 308

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 308

agggcgggct gctccttgag 20

<210> 309

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 309

ctgcctgagc agccgcctga 20

<210> 310

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 310

gcgggggttc tgccagaagg 20

<210> 311

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 311

actctgggct gcctggccac ggg 23

<210> 312

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 312

actctgttgt gcctggacac cgg 23

<210> 313

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 313

tcacaggtga gcctggccac agg 23

<210> 314

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 314

gcacgggtgg gcctggccac tgg 23

<210> 315

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 315

gcaggggtgt gcctggccac tgg 23

<210> 316

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 316

atcctgctgt gcctggccac agg 23

<210> 317

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 317

tctctggtgt gcctggccaa gag 23

<210> 318

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 318

acacatgtgg gcctggccac ggg 23

<210> 319

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 319

agcctggtgt gtctggccac tgg 23

<210> 320

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 320

cctctggtgt gcctggcccc agg 23

<210> 321

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 321

ccacttgtgt gcatggccac tag 23

<210> 322

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 322

ataatggtgt gcctggcaac tag 23

<210> 323

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 323

acactggcct gcctgggcac tag 23

<210> 324

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 324

agcgcgggct cctccttgac ggg 23

<210> 325

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 325

agggcctgct gctccttcag cag 23

<210> 326

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 326

agggctgaca gctccttgag tgg 23

<210> 327

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 327

ggggtgggct gctcctggag cag 23

<210> 328

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 328

agagcggcct gctcctcgag ggg 23

<210> 329

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 329

ggggtgggct gcaccttgag ggg 23

<210> 330

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 330

aaggcaggct cctccttgag agg 23

<210> 331

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 331

aggaagggct gctctttgag gag 23

<210> 332

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 332

aggctgggct gctctttgag cag 23

<210> 333

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 333

agtgccggct gctcctggag tgg 23

<210> 334

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 334

agggtggggt gctcctcgag ggg 23

<210> 335

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 335

tgggctggct gcaccttgag tag 23

<210> 336

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 336

tgggcgggct gttccttggg gag 23

<210> 337

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 337

cttcctgagc agccgtctgc agg 23

<210> 338

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 338

ctgcctgagc agctgccaca agg 23

<210> 339

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 339

cagcgttagc agccgcctga ggg 23

<210> 340

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 340

cacccagagc agccgcctga cag 23

<210> 341

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 341

ctgcctggga agccgcctgc cag 23

<210> 342

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 342

ctgcctcctc agccgcctga ggg 23

<210> 343

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 343

ctgtctgacc agccgcctgc cgg 23

<210> 344

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 344

cagcctgagc tgccgcctgc ggg 23

<210> 345

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 345

caacctgagc agcctcctga gag 23

<210> 346

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 346

ctccctgatc agccgcatga ggg 23

<210> 347

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 347

cggccggagc agccgcctca ggg 23

<210> 348

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 348

ctgcctcaac atccgcctga aag 23

<210> 349

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 349

gttgggattc tgccagaagg cag 23

<210> 350

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 350

gaggggggcc tgccagaagg agg 23

<210> 351

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 351

gcggaagatc tgccagaagg ggg 23

<210> 352

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 352

ggtggggttc tgccaggagg agg 23

<210> 353

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 353

gcgggggatg tgccaggagg agg 23

<210> 354

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 354

gaggggattc tgccagcagg cgg 23

<210> 355

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 355

gagggggtcc tgccagcagg gag 23

<210> 356

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 356

gagggtgttc tgccagcagg cag 23

<210> 357

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 357

gcaggggttc agccaggagg cag 23

<210> 358

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 358

gagggggttc agacagaagg cag 23

<210> 359

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 359

gcaggggttc tcccagtagg cag 23

<210> 360

<211> 23

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 360

gtgggggttc tgccagcagc tgg 23